

### **Supplementary figure 1**

#### **MSMS spectra for phosphopeptides identified in the titanium dioxide screen**

These are the annotated MSMS spectra and corresponding tables of theoretical fragment ions, indicating the phosphorylated residues within the phosphopeptides listed in supplementary tables 2 and 3. The first spectra shown are for the phosphopeptides that are also listed in Table I in the main text because they are from proteins that were also identified by their D0/D4 (+/- insulin) ratios in supplementary table 1. Neutral loss of -98 corresponds to neutral loss of phosphoric acid (H<sub>3</sub>PO<sub>4</sub>, -98). Multiply charged ions are indicated with a +2.

### **Supplementary figure 2**

#### **MSMS spectra for single-peptide-based protein identifications in the quantitative (D0/D4 +/-insulin) screen**

These are the annotated MSMS spectra and the corresponding fragmentation tables for the 86 single-peptide-based protein identifications reported in supplementary table 1. Neutral losses of phosphoric acid (H<sub>3</sub>PO<sub>4</sub>, -98), water (H<sub>2</sub>O, -18) and ammonia (NH<sub>3</sub>, -17) are highlighted by -98, ° and \*, respectively. Multiply charged ions are indicated with a ++. The distribution of the error for the fragment ions experimental mass is reported in ppm and Da. First peptide hits from the MSMS spectrum are reported with their corresponding Mascot score.

### **Supplementary table 1**

#### **D0/D4 ratios of proteins from 14-3-3-affinity captured proteins**

Supplementary Table 1 D0/D4 (+/- insulin) ratios of dimethyl-labelled peptides from 14-3-3-affinity captured proteins from insulin-stimulated and unstimulated HeLa cells, as described in main text. Approved gene names linked to IPI numbers were found using Bioinformatic Harvester (<http://harvester.fzk.de/harvester/human/>). Band 1 is at the top (high molecular mass end) and Band 7 at the bottom of the SDS-gel (see main Materials and Methods). L under D0/D4 ratio means that only the light D0 peptides (+ insulin) were found for that protein. A \* beside the gene symbol indicates the proteins that were identified in this screen, and also in the phosphopeptide analyses (supplementary tables 2 and 3). The proteins marked \* are also listed in Table I within the main text.

### **Supplementary table 2**

#### **Mass spectrometry information for identified phosphopeptides**

The phosphorylated peptides identified by their MSMS spectra (supplementary Fig 1) are assigned to proteins and listed with their protein assignment statistics as explained in Materials and methods. The peptides identified by MS are within the square brackets and they have been manually extended to reveal the preceding sequence within the protein. Approved gene names linked to IPI numbers were found using Bioinformatic Harvester (<http://harvester.fzk.de/harvester/human/>). Within peptides sequences lower case s and t indicate the positions of the phosphorylated residues. (SS), (SSS), (TLS), (ST) within a sequence means that the position of the phosphorylated residue could not be pinpointed precisely within these regions.

### **Supplementary table 3**

#### **Motif and bibliographic information for identified phosphopeptides**

The phosphorylated peptides identified by their MS2 spectra (supplementary Fig 1) are assigned to proteins and listed with their protein assignment statistics in

supplementary table 2. The peptides identified by MS are within the square brackets and they have been manually extended to reveal the preceding sequence within the protein. Here, the same phosphopeptides are linked to the literature on previously-studied 14-3-3-binding proteins, with different types of phosphorylated motif highlighted, including the 14 unique RxRxx(pS/T) motifs within 13 proteins whose phosphorylated residues are in yellow, Rxx(pS/T) in red/orange, (pS/T)P in green, and other motifs in teal (221 unique sites in total). Within peptides sequences lower case s and t indicate the positions of the phosphorylated residues. (SS), (SSS), (TLS), (ST) within a sequence means that the position of the phosphorylated residue could not be pinpointed precisely within these regions. Approved gene names linked to IPI numbers were found using Bioinformatic Harvester (<http://harvester.fzk.de/harvester/human/>). Gene names are shaded in pink for proteins that have already been reported to bind to 14-3-3s in response to insulin and/or PKB phosphorylation, or that were confirmed to bind to 14-3-3s in response to insulin/IGF1 in this study. Turquoise shading is for proteins that have been found to be phosphorylated and bind directly to 14-3-3s, but not in response to insulin (or in some cases it is not yet known whether they are regulated by insulin). TSC2 and CRT2 are in both colours because whether or not their 14-3-3 binding is regulated by insulin appears to be controversial. Grey shading is for proteins isolated in previous 14-3-3-binding proteomics screens, but whether they bind directly to 14-3-3s is not known. A \* beside the gene symbols indicates the phosphopeptides from proteins whose D0/D4 ratios were also identified (supplementary table 1) and this overlapping set of proteins is also listed in Table I within the main text.

#### **Supplementary table 4**

##### **Extended version of supplementary table 1**

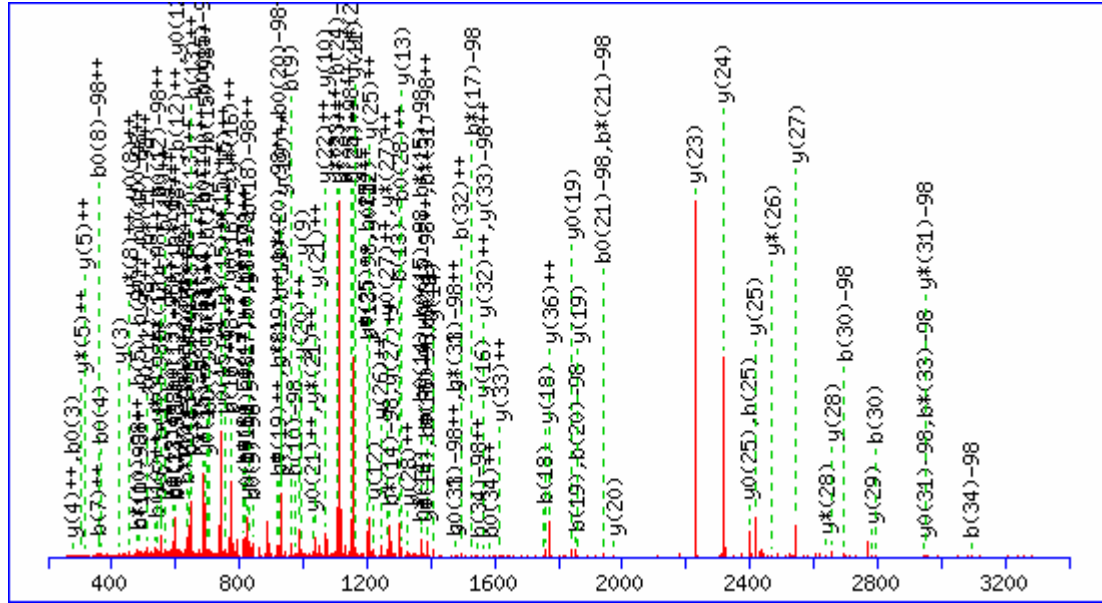
Supplementary table 4 adds peptide level information to Supplementary table 1 (D0/D4 ratios of proteins from 14-3-3-affinity captured proteins). For every identified peptide, additional informations are experimental m/z (pep\_exp\_mz), experimental mass (pep\_exp\_mr), expected charge state (pep\_exp\_z), theoretical mass, (pep\_calc\_mr), Mascot score (pep\_score), sequence (pep\_seq). For peptides used in quantification, this table also includes intensity of the D0 peptide (light intensity), intensity of the D4 peptide (heavy intensity) and D0/D4 ratio for the peptide.





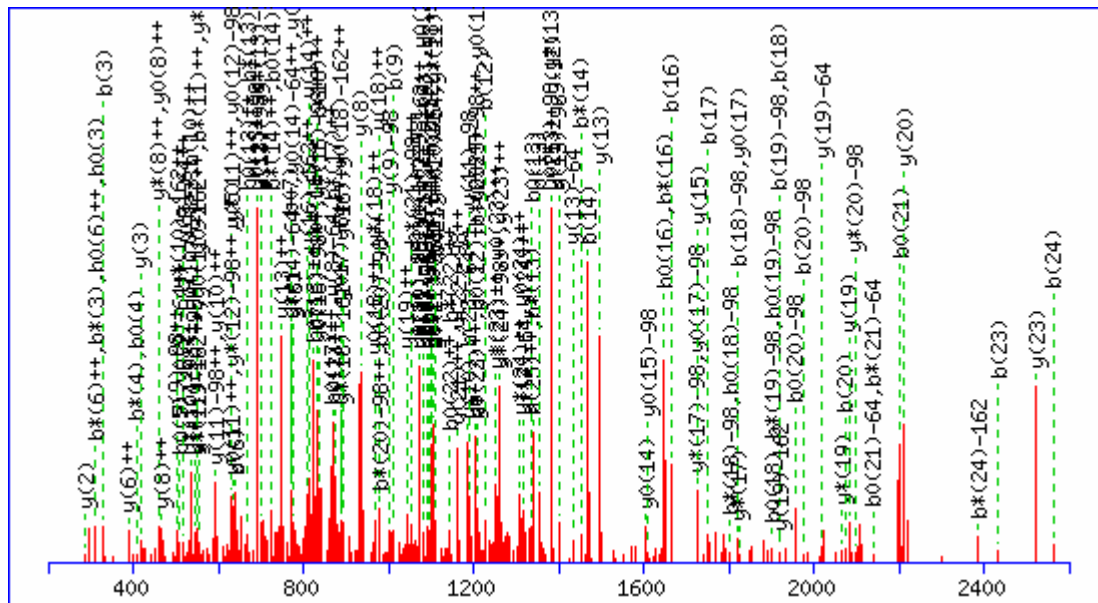


MS/MS Fragmentation of AHSSPA<sub>s</sub>LQLGAVSPGTLTPTGVVSGPAATPTAQHLR  
 Found in IPI00009326, 65 kDa Yes-associated protein



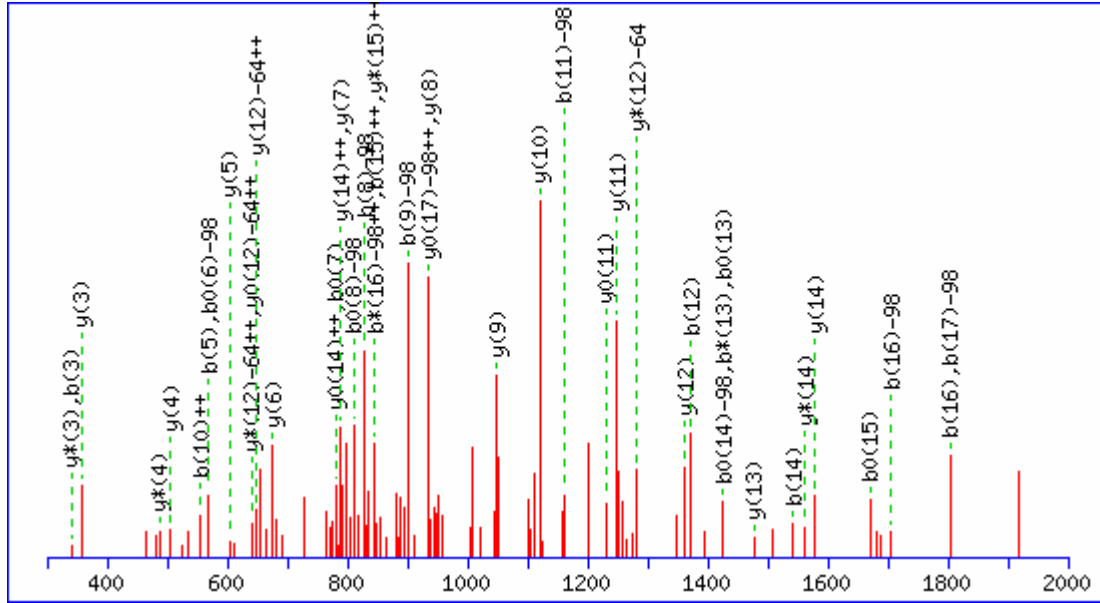
88.0631 <sup>-2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>-2</sup>	693.3622 <sup>-2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>-2</sup>	1129.5038	b <sub>11</sub>	1543.7863	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2396.1857	b <sub>25</sub>
105.0553 <sup>-2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>-2</sup>	693.8243 <sup>-2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>-2</sup>	1149.6081 <sup>-2</sup>	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>-2</sup>	1546.8042 <sup>-2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>-2</sup>	2415.299	y <sub>25</sub>
144.6051 <sup>-2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>-2</sup>	703.3810 <sup>-2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>-2</sup>	1155.0805 <sup>-2</sup>	b <sub>21</sub> <sup>-2</sup>	1561.8445	y <sub>16</sub>	2452.2831	b <sub>27</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
148.5713 <sup>-2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>-2</sup>	718.2556	b <sub>7</sub>	1158.6190 <sup>-2</sup>	y <sub>21</sub> <sup>-2</sup>	1567.8515 <sup>-2</sup>	y <sub>32</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>-2</sup>	2453.2072	b <sub>26</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	721.8730 <sup>-2</sup>	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>-2</sup>	1162.6327	y <sub>11</sub>	1568.3135 <sup>-2</sup>	y <sub>21</sub> <sup>-2</sup>	2486.3362	y <sub>26</sub>
192.0873 <sup>-2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>-2</sup>	725.4053	y <sub>6</sub>	1178.1188 <sup>-2</sup>	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>-2</sup>	1595.7926 <sup>-2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>-2</sup>	2523.3202	b <sub>28</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
209.1033	b <sub>2</sub>	733.3628	b <sub>2</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1198.5965 <sup>-2</sup>	b <sub>25</sub> <sup>-2</sup>	1611.3675 <sup>-2</sup>	y <sub>34</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>-2</sup>	2543.3576	y <sub>27</sub>
213.1346 <sup>-2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>-2</sup>	742.3507 <sup>-2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>-2</sup>	1200.5409	b <sub>12</sub>	1615.3336 <sup>-2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>-2</sup>	2550.26	b <sub>27</sub>
240.6137 <sup>-2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>-2</sup>	752.9152 <sup>-2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>-2</sup>	1201.6324	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1616.8399 <sup>-2</sup>	y <sub>33</sub> <sup>-2</sup>	2594.3573	b <sub>29</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
276.1323 <sup>-2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>-2</sup>	770.8614 <sup>-2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>-2</sup>	1208.1532 <sup>-2</sup>	y <sub>25</sub> <sup>-2</sup>	1641.7632	b <sub>17</sub>	2621.2971	b <sub>28</sub>
277.1639 <sup>-2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>-2</sup>	772.3968 <sup>-2</sup>	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>-2</sup>	1219.6542	y <sub>12</sub>	1654.8835 <sup>-2</sup>	y <sub>35</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>-2</sup>	2656.4417	y <sub>28</sub>
288.203	y <sub>2</sub>	781.4259 <sup>-2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>-2</sup>	1226.6452 <sup>-2</sup>	b <sub>27</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>-2</sup>	1656.8704	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2692.3342	b <sub>29</sub>
296.1353	b <sub>3</sub>	821.3853 <sup>-2</sup>	b <sub>17</sub> <sup>-2</sup>	1227.1072 <sup>-2</sup>	b <sub>26</sub> <sup>-2</sup>	1660.3559 <sup>-2</sup>	y <sub>34</sub> <sup>-2</sup>	2695.405	b <sub>30</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
310.6430 <sup>-2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>-2</sup>	822.4581	y <sub>7</sub>	1243.6717 <sup>-2</sup>	y <sub>26</sub> <sup>-2</sup>	1662.8922	y <sub>17</sub>	2784.5003	y <sub>29</sub>
312.6824 <sup>-2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>-2</sup>	828.9388 <sup>-2</sup>	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>-2</sup>	1262.1637 <sup>-2</sup>	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>-2</sup>	1664.3221 <sup>-2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>-2</sup>	2792.4577	b <sub>31</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
359.6314 <sup>-2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>-2</sup>	831.3397	b <sub>8</sub>	1272.1825 <sup>-2</sup>	y <sub>27</sub> <sup>-2</sup>	1671.8757 <sup>-2</sup>	b <sub>32</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>-2</sup>	2793.3819	b <sub>30</sub>
363.2063 <sup>-2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>-2</sup>	831.9497 <sup>-2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>-2</sup>	1275.6336 <sup>-2</sup>	b <sub>27</sub> <sup>-2</sup>	1703.8720 <sup>-2</sup>	y <sub>35</sub> <sup>-2</sup>	2890.4346	b <sub>31</sub>
367.1850 <sup>-2</sup>	b <sub>2</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>-2</sup>	861.4213	b <sub>2</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1288.6644	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1720.8641 <sup>-2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>-2</sup>	2893.5054	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
383.1674	b <sub>4</sub>	877.9273 <sup>-2</sup>	b <sub>18</sub> <sup>-2</sup>	1297.6823 <sup>-2</sup>	b <sub>29</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>-2</sup>	1723.4130 <sup>-2</sup>	y <sub>36</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>-2</sup>	2897.5843	y <sub>30</sub>
411.7327 <sup>-2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>-2</sup>	879.4627 <sup>-2</sup>	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>-2</sup>	1299.6093	b <sub>13</sub>	1754.8473	b <sub>18</sub>	2964.5425	b <sub>33</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
416.1735 <sup>-2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>-2</sup>	880.4761 <sup>-2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>-2</sup>	1306.6862	y <sub>13</sub>	1757.9181	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2966.6058	y <sub>31</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
425.2619	y <sub>3</sub>	923.5057	y <sub>8</sub>	1311.1522 <sup>-2</sup>	b <sub>28</sub> <sup>-2</sup>	1758.9315 <sup>-2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>-2</sup>	2991.4823	b <sub>32</sub>
431.2143 <sup>-2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>-2</sup>	927.9891 <sup>-2</sup>	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>-2</sup>	1328.7245 <sup>-2</sup>	y <sub>28</sub> <sup>-2</sup>	1759.945	y <sub>18</sub>	3037.6429	y <sub>32</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
462.2565 <sup>-2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>-2</sup>	928.4511 <sup>-2</sup>	b <sub>19</sub> <sup>-2</sup>	1346.6707 <sup>-2</sup>	b <sub>29</sub> <sup>-2</sup>	1772.4014 <sup>-2</sup>	y <sub>36</sub> <sup>-2</sup>	3062.5194	b <sub>33</sub>
480.2028 <sup>-2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>-2</sup>	931.0000 <sup>-2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>-2</sup>	1348.2061 <sup>-2</sup>	b <sub>30</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>-2</sup>	1807.9200 <sup>-2</sup>	MH <sup>-2</sup>	3064.5827	y <sub>31</sub>
480.2201	b <sub>5</sub>	959.3982	b <sub>9</sub>	1385.7172	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1854.9708	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	3092.6011	b <sub>34</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
487.7563 <sup>-2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>-2</sup>	974.5054	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1386.6413	b <sub>14</sub>	1855.895	b <sub>19</sub>	3134.6957	y <sub>33</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
497.7751 <sup>-2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>-2</sup>	976.9775 <sup>-2</sup>	b <sub>20</sub> <sup>-2</sup>	1392.7538 <sup>-2</sup>	y <sub>29</sub> <sup>-2</sup>	1860.9926	y <sub>19</sub>	3135.6198	y <sub>32</sub>
516.2671 <sup>-2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>-2</sup>	978.5129 <sup>-2</sup>	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>-2</sup>	1396.7325 <sup>-2</sup>	b <sub>31</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>-2</sup>	1952.9477	y <sub>20</sub>	3190.578	b <sub>34</sub>
533.2936 <sup>-2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>-2</sup>	987.5420 <sup>-2</sup>	y <sub>20</sub> <sup>-2</sup>	1397.1946 <sup>-2</sup>	b <sub>30</sub> <sup>-2</sup>	1956.0185	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	3221.7277	y <sub>34</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
536.7448 <sup>-2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>-2</sup>	994.5429	y <sub>9</sub>	1405.7546	y <sub>14</sub>	1974.0767	y <sub>20</sub>	3229.66	b <sub>35</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
551.2572	b <sub>6</sub>	1007.0236 <sup>-2</sup>	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>-2</sup>	1442.7387	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2013.04	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	3232.6726	y <sub>33</sub>
551.7856 <sup>-2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>-2</sup>	1027.5013 <sup>-2</sup>	b <sub>21</sub> <sup>-2</sup>	1445.7210 <sup>-2</sup>	b <sub>31</sub> <sup>-2</sup>	2053.9954	b <sub>21</sub>	3308.7597	y <sub>35</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
553.3205	y <sub>4</sub>	1031.5269	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1447.2563 <sup>-2</sup>	b <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>-2</sup>	2075.1244	y <sub>21</sub>	3319.7046	y <sub>34</sub>
565.2555 <sup>-2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>-2</sup>	1038.0658 <sup>-2</sup>	y <sub>21</sub> <sup>-2</sup>	1449.2958 <sup>-2</sup>	y <sub>30</sub> <sup>-2</sup>	2111.0169	b <sub>22</sub>	3327.6369	b <sub>35</sub>
581.8200 <sup>-2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>-2</sup>	1056.0121 <sup>-2</sup>	b <sub>22</sub> <sup>-2</sup>	1482.7749 <sup>-2</sup>	b <sub>33</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>-2</sup>	2112.1084	b <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	3342.7441	b <sub>36</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
600.7741 <sup>-2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>-2</sup>	1056.5578 <sup>-2</sup>	b <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>-2</sup>	1483.6941	b <sub>15</sub>	2132.1458	y <sub>22</sub>	3406.6766	y <sub>35</sub>
601.3198 <sup>-2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>-2</sup>	1065.58	y <sub>10</sub>	1483.8065 <sup>-2</sup>	y <sub>31</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>-2</sup>	2210.0853	b <sub>23</sub>	3440.721	b <sub>36</sub>
610.3307 <sup>-2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>-2</sup>	1066.5766 <sup>-2</sup>	y <sub>22</sub> <sup>-2</sup>	1496.2448 <sup>-2</sup>	b <sub>32</sub> <sup>-2</sup>	2211.1768	b <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	3445.8186	y <sub>36</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
620.2787	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1072.4823	b <sub>10</sub>	1504.8231	y <sub>15</sub>	2229.1986	y <sub>23</sub>	3516.8558	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
624.3576	y <sub>5</sub>	1102.564	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1519.3251 <sup>-2</sup>	y <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>-2</sup>	2298.2088	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	3543.7955	y <sub>36</sub>
644.8359 <sup>-2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>-2</sup>	1105.5463 <sup>-2</sup>	b <sub>23</sub> <sup>-2</sup>	1531.7633 <sup>-2</sup>	b <sub>33</sub> <sup>-2</sup>	2309.1537	b <sub>24</sub>	3614.8327	MH
650.3083 <sup>-2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>-2</sup>	1106.0920 <sup>-2</sup>	b <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>-2</sup>	1532.7950 <sup>-2</sup>	y <sub>31</sub> <sup>-2</sup>	2316.2306	y <sub>24</sub>		
653.8468 <sup>-2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>-2</sup>	1115.1029 <sup>-2</sup>	y <sub>23</sub> <sup>-2</sup>	1540.7155	b <sub>16</sub>	2355.2303	b <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

MS/MS Fragmentation of SQLPLLEQDGGTQNPVSPGMSQELR  
 Found in IPI00009326, 65 kDa Yes-associated protein



88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	751.3985	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1156.0346 <sup>+2</sup>	Y <sub>22</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1549.653	b <sub>14</sub>	2212.9176	y <sub>20</sub>
144.6051 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	764.3646 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1163.5045 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1625.6989	y <sub>14</sub>	2228.0248	y <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	779.3716	y <sub>6</sub>	1187.4762	y <sub>10</sub>	1628.7697	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2289.9693	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
209.1264 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	813.3531 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1188.5677	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1646.7058	b <sub>15</sub>	2300.9142	b <sub>21</sub>
216.0979	b <sub>2</sub>	814.8885 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1204.5610 <sup>+2</sup>	Y <sub>23</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1647.7973	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2311.0619	y <sub>22</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
273.1557 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	836.3931	y <sub>7</sub>	1205.0230 <sup>+2</sup>	Y <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1685.7912	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2320.051	b <sub>23</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
288.203	y <sub>2</sub>	843.3992 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1206.5038	b <sub>11</sub>	1726.7466	y <sub>15</sub>	2326.0017	y <sub>21</sub>
316.6717 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	849.3754	b <sub>7</sub>	1209.5746	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1734.8293	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2387.9462	b <sub>22</sub>
329.1819	b <sub>3</sub>	863.8769 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1253.5494 <sup>+2</sup>	y <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1742.8126	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2408.1147	y <sub>23</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
390.1894 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	871.9099 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1254.0115 <sup>+2</sup>	y <sub>22</sub> <sup>+2</sup>	1745.7742	b <sub>16</sub>	2409.0388	y <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
417.2456	y <sub>3</sub>	879.4571	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1261.1030 <sup>+2</sup>	Y <sub>24</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1783.7681	y <sub>16</sub>	2418.0279	b <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
418.7002 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	892.3877 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1285.6205	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1803.8508	b <sub>18</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2449.0936	b <sub>24</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
426.2347	b <sub>4</sub>	920.8984 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1286.5446	y <sub>11</sub>	1832.8062	b <sub>17</sub>	2506.0916	y <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
467.2266 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	929.4234 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1302.5379 <sup>+2</sup>	y <sub>23</sub> <sup>+2</sup>	1840.7895	y <sub>17</sub>	2507.0157	y <sub>22</sub>
501.7373 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	933.4458	y <sub>8</sub>	1307.5515	b <sub>12</sub>	1857.8396	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2516.0048	b <sub>23</sub>
509.2718	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	977.434	b <sub>8</sub>	1310.0915 <sup>+2</sup>	Y <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1900.9035	b <sub>19</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2521.1987	y <sub>24</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
545.2533 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	978.4119 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1325.1323 <sup>+2</sup>	Y <sub>25</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1901.8277	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2547.0705	b <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
545.3042	y <sub>4</sub>	993.4527 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1337.6332	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1955.8165	y <sub>18</sub>	2562.1777	b <sub>25</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
550.7257 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	994.484	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1359.0799 <sup>+2</sup>	y <sub>24</sub> <sup>+2</sup>	1957.925	b <sub>20</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2604.0685	y <sub>23</sub>
594.2418 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	1002.4673	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1374.1207 <sup>+2</sup>	Y <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1985.8981	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2619.1756	y <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
594.7875 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1042.4412 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1383.5974	y <sub>12</sub>	1998.8804	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2645.0474	b <sub>24</sub>
607.2487	b <sub>5</sub>	1051.5055	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1399.6634	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1999.8046	b <sub>18</sub>	2649.2573	y <sub>25</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
622.3559	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1057.9740 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1417.6368 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2055.9019	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2660.1546	b <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
632.3362	y <sub>5</sub>	1089.4993	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1423.1092 <sup>+2</sup>	y <sub>25</sub> <sup>+2</sup>	2083.875	y <sub>19</sub>	2717.1525	y <sub>24</sub>
643.3139 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1092.4609	b <sub>9</sub>	1435.6101	b <sub>13</sub>	2096.8573	b <sub>19</sub>	2747.2342	y <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
643.7760 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	1100.4442	y <sub>9</sub>	1451.6761	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2104.9604	b <sub>21</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2758.1315	b <sub>25</sub>
692.3023 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1106.9625 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1466.6252 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	2114.9407	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2834.2662	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
700.3354 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1108.5269	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1497.6403	y <sub>13</sub>	2153.8788	b <sub>20</sub>	2845.2111	y <sub>25</sub>
720.3328	b <sub>6</sub>	1114.5160 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1527.722	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2191.9924	b <sub>22</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2932.2431	MH
749.3238 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1149.4824	b <sub>10</sub>	1548.7289	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2202.9373	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

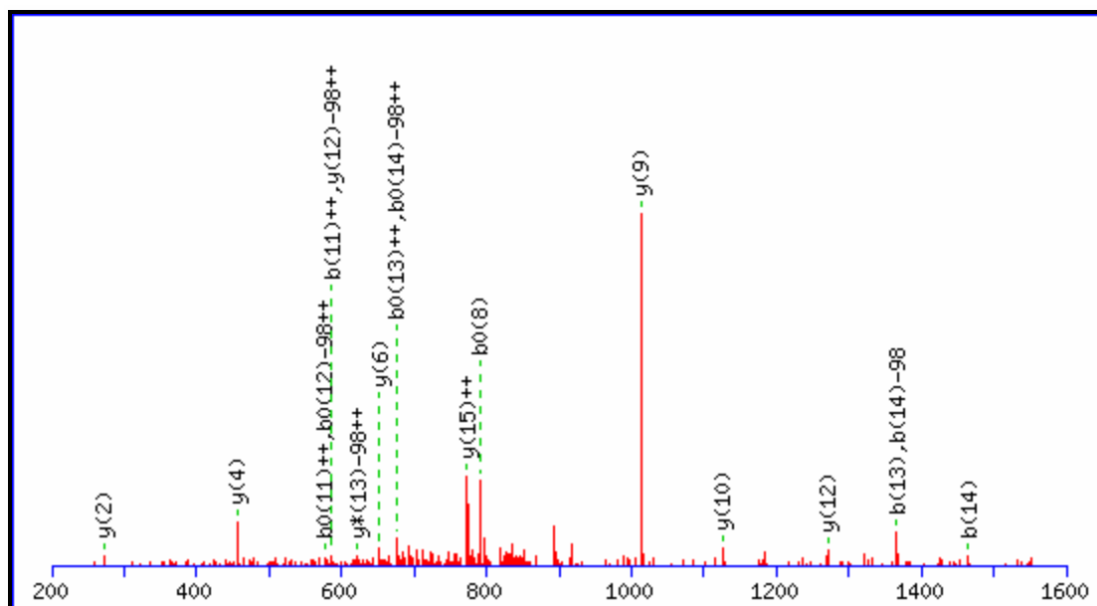
MS/MS Fragmentation of GDsETDLEALFNAVmNPK  
 Found in IPI00009326, 65 kDa Yes-associated protein



74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	469.0966	b <sub>4</sub>	789.8952 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1049.5448	y <sub>9</sub>	1591.6945	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
122.5864 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	472.1674	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	798.2553	b <sub>7</sub>	1111.4191	b <sub>10</sub>	1689.6714	b <sub>15</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	505.2439	y <sub>4</sub>	829.321	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1120.5819	y <sub>10</sub>	1705.7374	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
173.0557	b <sub>2</sub>	525.2761 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	854.4165 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1160.5106	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1707.8258	y <sub>15</sub>
179.6079 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	560.7946 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	888.9273 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1249.6245	y <sub>11</sub>	1776.8473	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
242.0771	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	570.1443	b <sub>5</sub>	900.3581	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1258.4875	b <sub>11</sub>	1802.7902	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
244.1656	y <sub>2</sub>	587.1944	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	927.2979	b <sub>8</sub>	1274.5535	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1803.7143	b <sub>16</sub>
253.1256 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	604.3123	y <sub>5</sub>	936.4608	y <sub>8</sub>	1345.5907	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1874.8242	y <sub>16</sub>
302.6598 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	625.3159 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	937.9157 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1362.7086	y <sub>12</sub>	1891.8742	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
338.1783 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	675.3494	y <sub>6</sub>	946.4407 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1372.5304	b <sub>12</sub>	1900.7671	b <sub>17</sub>
340.054	b <sub>3</sub>	681.8579 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	974.9515 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1443.5675	b <sub>13</sub>	1948.8957	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
358.2085	y <sub>3</sub>	685.1713	b <sub>6</sub>	995.4292 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1444.6591	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1989.8511	y <sub>17</sub>
371.1197	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	700.2784	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	998.335	b <sub>9</sub>	1477.7355	y <sub>13</sub>	2046.8726	MH
395.1998 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	739.3714 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1013.4422	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1542.636	b <sub>14</sub>		
468.7340 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	789.3923	y <sub>7</sub>	1023.9399 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1578.7832	y <sub>14</sub>		

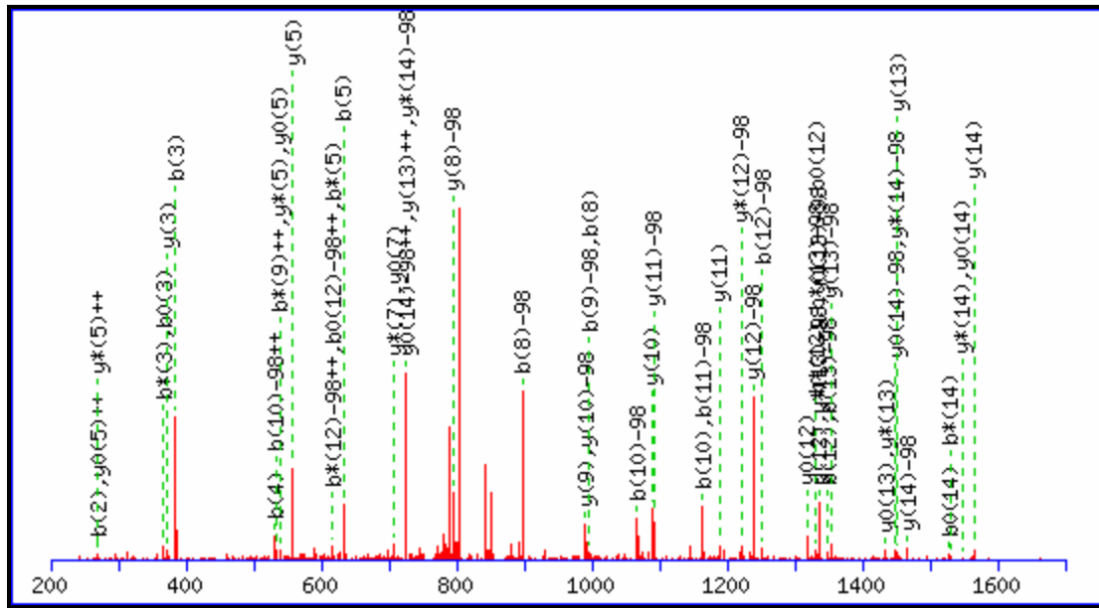


MS/MS Fragmentation of MFVSSGLPPsPVPSPR  
 Found in IPI00749302, Hypothetical protein DKFZp686L20116



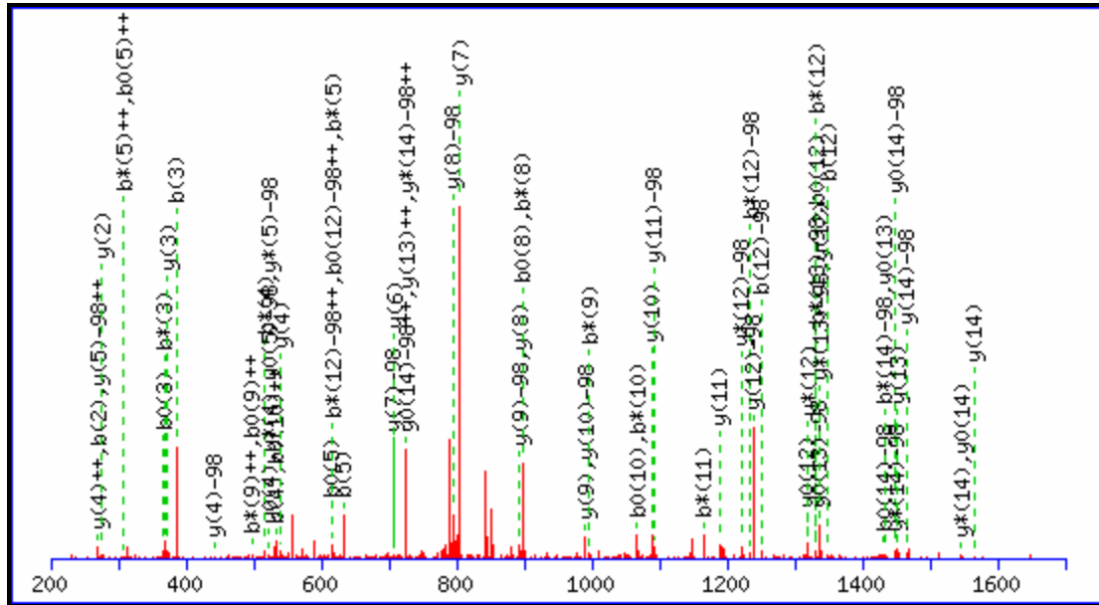
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	458.7180 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	696.3021	b <sub>7</sub>	1013.4816	y <sub>9</sub>	1366.6113	b <sub>13</sub>
136.5895 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	465.2166	b <sub>4</sub>	721.3991	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1028.5887	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1444.6832	y <sub>14</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	507.2444 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	722.8452 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1072.5132	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1445.7747	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
180.1055 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	514.7980 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	723.3910 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1085.6102	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1452.7192	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
228.6319 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	543.3087 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	772.3794 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1126.5656	y <sub>10</sub>	1463.664	b <sub>14</sub>
272.1717	y <sub>2</sub>	552.2486	b <sub>5</sub>	796.9252 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1169.566	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1543.7516	y <sub>15</sub>
278.1661 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	555.3249	y <sub>5</sub>	809.3862	b <sub>8</sub>	1170.4901	b <sub>11</sub>	1549.7719	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
279.1162	b <sub>2</sub>	563.7865 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	818.4519	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1172.6422	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1550.6961	b <sub>15</sub>
326.6925 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	586.8248 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	819.376	y <sub>7</sub>	1183.5871	y <sub>11</sub>	1592.8431	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
359.2037	y <sub>3</sub>	592.2972 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	845.9136 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1259.6743	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1647.7488	b <sub>16</sub>
361.2032 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	630.3408 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	862.4454 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1267.5429	b <sub>12</sub>	1690.82	y <sub>16</sub>
378.1846	b <sub>3</sub>	635.8132 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	906.439	b <sub>9</sub>	1268.6344	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1723.8836	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
409.7296 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	639.2807	b <sub>6</sub>	911.4339 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1270.6191	y <sub>12</sub>	1821.8605	MH
410.1917 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	652.3777	y <sub>6</sub>	915.5047	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1346.7063	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
456.2565	y <sub>4</sub>	673.8568 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	916.4288	y <sub>8</sub>	1357.6512	y <sub>13</sub>		
458.2560 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	679.3292 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1003.4917	b <sub>10</sub>	1365.6871	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

MS/MS Fragmentation of RIDFTPVsPAPsPTR  
 Found in IPI00749302, Hypothetical protein DKFZp686L20116



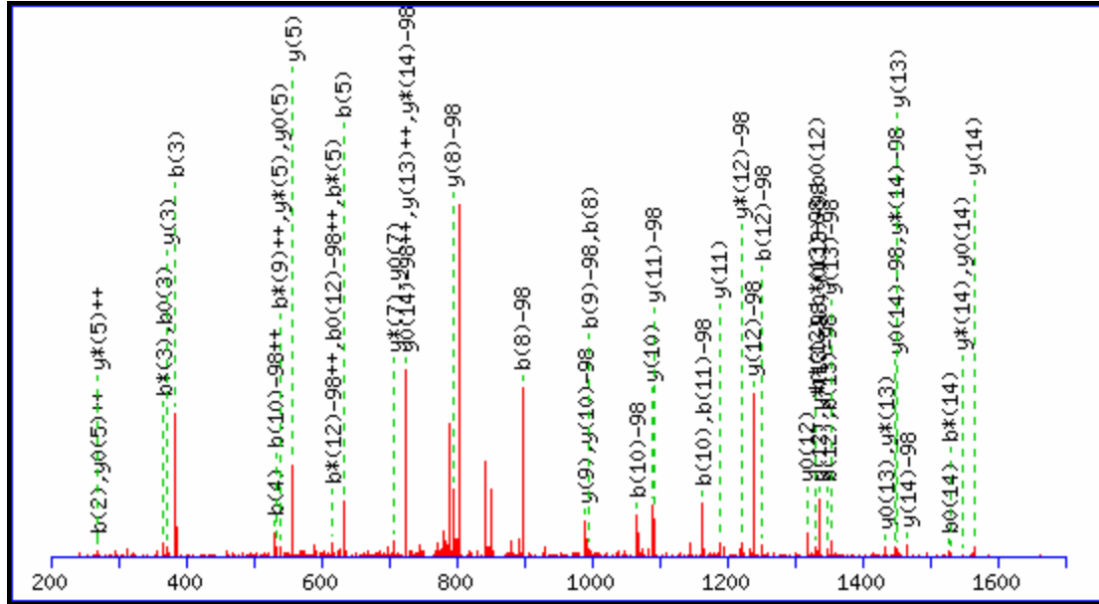
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	437.6946 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	616.8248 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	805.3604	y <sub>7</sub>	1220.6422	y <sub>12</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
135.5999 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	438.2403 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	631.3025 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	813.8519 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1232.6422	b <sub>12</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
138.5870 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	442.2409	y <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	633.3355	b <sub>5</sub>	822.8572 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1261.5977	b <sub>11</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	449.7427 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	635.2674 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	829.4567	b <sub>7</sub>	1269.5276	y <sub>11</sub>
187.1133 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	486.6830 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	637.2705	y <sub>5</sub>	851.9193 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1318.6191	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
193.1133 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	486.7667 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	659.8132 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	874.3819	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1329.695	b <sub>13</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
221.6241 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	487.2288 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	665.3511 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	875.4734	y <sub>9</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1330.6191	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
266.6475 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	498.2691 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	665.8132 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	898.4781	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1335.6692	y <sub>13</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
270.1504 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	498.7311 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	668.3382 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	900.9077 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1416.596	y <sub>12</sub>
270.1925	b <sub>2</sub>	532.2878	b <sub>4</sub>	707.3835	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	972.3588	y <sub>8</sub>	1427.6719	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
270.6125 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	533.7876 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	708.3076	y <sub>6</sub>	972.5261	y <sub>10</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1428.596	b <sub>12</sub>
276.1666	y <sub>2</sub>	535.7552 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	708.8017 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	973.4503	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1430.7427	b <sub>14</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
305.6690 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	536.2172 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	714.3396 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	995.5309	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1433.6461	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
317.1714 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	537.2905 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	714.8017 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	996.455	b <sub>8</sub>	1448.7532	y <sub>14</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
319.1389 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	539.2936	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	715.8750 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1066.568	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1525.6488	b <sub>13</sub>
354.1954 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	540.2178	y <sub>4</sub>	717.3267 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1070.503	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1528.7196	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
354.6575 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	547.2575 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	724.8803 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1071.4272	y <sub>9</sub>	1531.623	y <sub>13</sub>
365.6978 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	582.3140 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	730.3883	b <sub>6</sub>	1073.5738	y <sub>11</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1546.7301	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
373.2194	y <sub>3</sub>	582.7761 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	763.3280 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1093.5078	b <sub>9</sub>	1626.6965	b <sub>14</sub>
385.2194	b <sub>3</sub>	584.7436 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	764.8634 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1163.6208	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1644.707	y <sub>14</sub>
388.7061 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	586.2790 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	766.3151 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1164.5449	b <sub>10</sub>	1702.8312	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
403.1838 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	610.3307	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	773.8687 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1168.4799	y <sub>10</sub>	1800.8081	MH
415.2320 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	610.8248 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	776.405	y <sub>8</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1171.5507	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

MS/MS Fragmentation of RIDFTPVSPAPsPTR  
 Found in IPI00749302, Hypothetical protein DKFzP686L20116



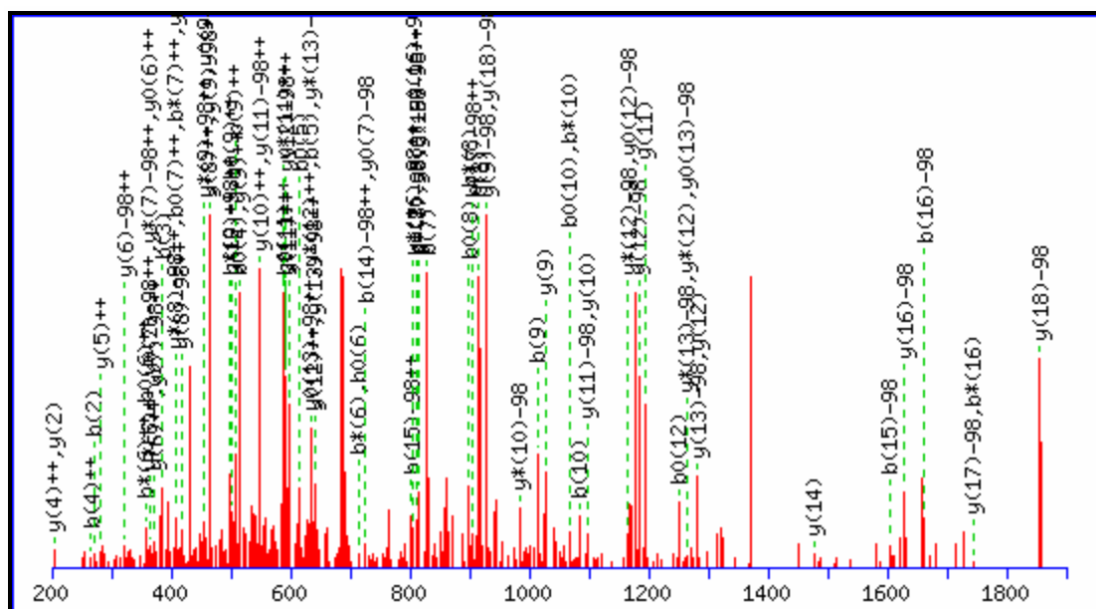
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	373.2194	y <sub>3</sub>	591.3193 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	773.8687 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1238.6528	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
135.5999 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	385.2194	b <sub>3</sub>	595.2843 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	782.8740 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1250.6528	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
138.5870 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	397.7114 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	610.3307	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	794.4155	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1336.6297	y <sub>12</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	403.1838 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	619.8300 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	805.3604	y <sub>7</sub>	1347.7056	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
187.1133 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	415.2320 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	625.8300 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	811.9361 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1348.6297	b <sub>12</sub>
193.1133 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	442.2409	y <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	633.3355	b <sub>5</sub>	829.4567	b <sub>7</sub>	1353.6797	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
221.6241 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	446.6998 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	637.2705	y <sub>5</sub>	860.9245 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1445.6825	b <sub>13</sub>
266.6475 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	447.2456 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	668.8185 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	892.3924	y <sub>8</sub>	1448.7532	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
270.1504 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	458.7480 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	674.3564 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	893.4839	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1451.6566	y <sub>13</sub>
270.1925	b <sub>2</sub>	495.7720 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	674.8185 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	916.4887	b <sub>8</sub>	1466.7638	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
270.6125 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	496.2341 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	677.3435 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	990.5367	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1546.7301	b <sub>14</sub>
276.1666	y <sub>2</sub>	507.2744 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	707.3835	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	991.4608	y <sub>9</sub>	1564.7407	y <sub>14</sub>
305.6690 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	532.2878	b <sub>4</sub>	708.3076	y <sub>6</sub>	1013.5415	b <sub>9</sub>	1622.8649	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
317.1714 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	539.2936	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	723.3449 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1084.5786	b <sub>10</sub>	1720.8418	MH
319.1389 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	540.2178	y <sub>4</sub>	724.8803 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1088.5136	y <sub>10</sub>		
354.1954 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	542.7929 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	726.3320 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1091.5844	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
354.6575 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	544.7604 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	730.3883	b <sub>6</sub>	1181.6313	b <sub>11</sub>		
365.6978 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	546.2958 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	733.8855 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1189.5613	y <sub>11</sub>		

MS/MS Fragmentation of RIDFTPVsPAPSPTR  
 Found in IPI00749302, Hypothetical protein DKFZp686L20116



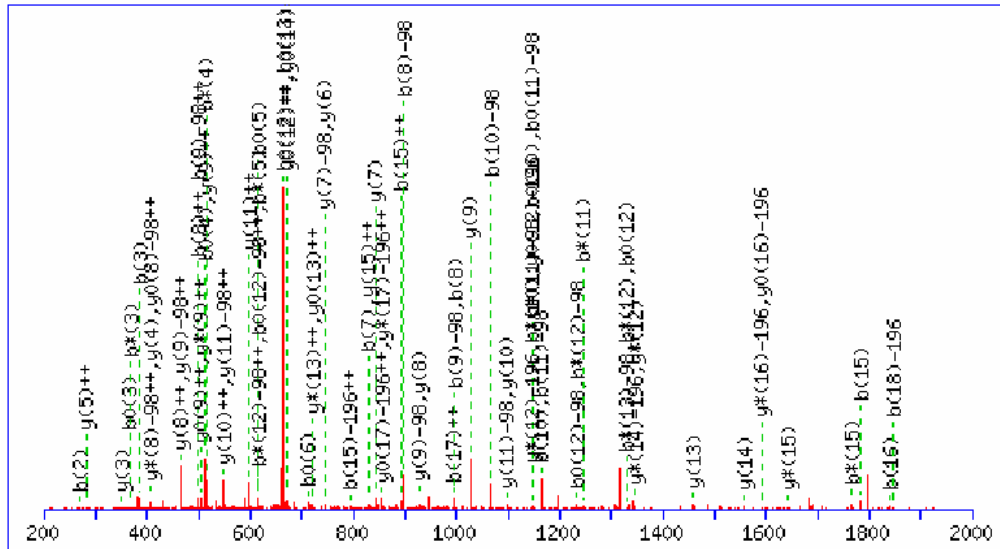
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	415.2320 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	619.8300 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	811.9361 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1250.6528	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
135.5999 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	446.6998 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	625.8300 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	829.4567	b <sub>7</sub>	1261.5977	b <sub>11</sub>
138.5870 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	447.2456 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	628.3413	y <sub>6</sub>	860.9245 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1336.6297	y <sub>12</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	449.7427 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	631.3025 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	892.3924	y <sub>8</sub>	1347.7056	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
187.1133 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	460.2514	y <sub>4</sub>	633.3355	b <sub>5</sub>	893.4839	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1348.6297	b <sub>12</sub>
193.1133 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	495.7720 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	668.8185 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	898.4781	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1353.6797	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
230.6293 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	496.2341 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	674.3564 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	990.5367	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1445.6825	b <sub>13</sub>
266.6475 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	498.2691 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	674.8185 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	991.4608	y <sub>9</sub>	1448.7532	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
270.1925	b <sub>2</sub>	498.7311 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	677.3435 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	995.5309	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1451.6566	y <sub>13</sub>
276.1666	y <sub>2</sub>	532.2878	b <sub>4</sub>	723.3449 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	996.455	b <sub>8</sub>	1466.7638	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
279.1557 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	533.7876 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	724.8803 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1066.568	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1546.7301	b <sub>14</sub>
314.6743 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	544.7604 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	725.3941	y <sub>7</sub>	1088.5136	y <sub>10</sub>	1564.7407	y <sub>14</sub>
317.1714 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	546.2958 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	726.3320 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1091.5844	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1622.8649	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
363.2007 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	547.2575 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	730.3883	b <sub>6</sub>	1093.5078	b <sub>9</sub>	1720.8418	MH
365.6978 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	557.3042	y <sub>5</sub>	733.8855 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1163.6208	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
373.2194	y <sub>3</sub>	582.3140 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	773.8687 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1164.5449	b <sub>10</sub>		
385.2194	b <sub>3</sub>	582.7761 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	782.8740 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1189.5613	y <sub>11</sub>		
397.7114 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	595.2843 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	794.4155	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1238.6528	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

MS/MS Fragmentation of RIDFTPVSPAPSPtRGFGK  
 Found in IPI00749302, Hypothetical protein DKFZp686L20116



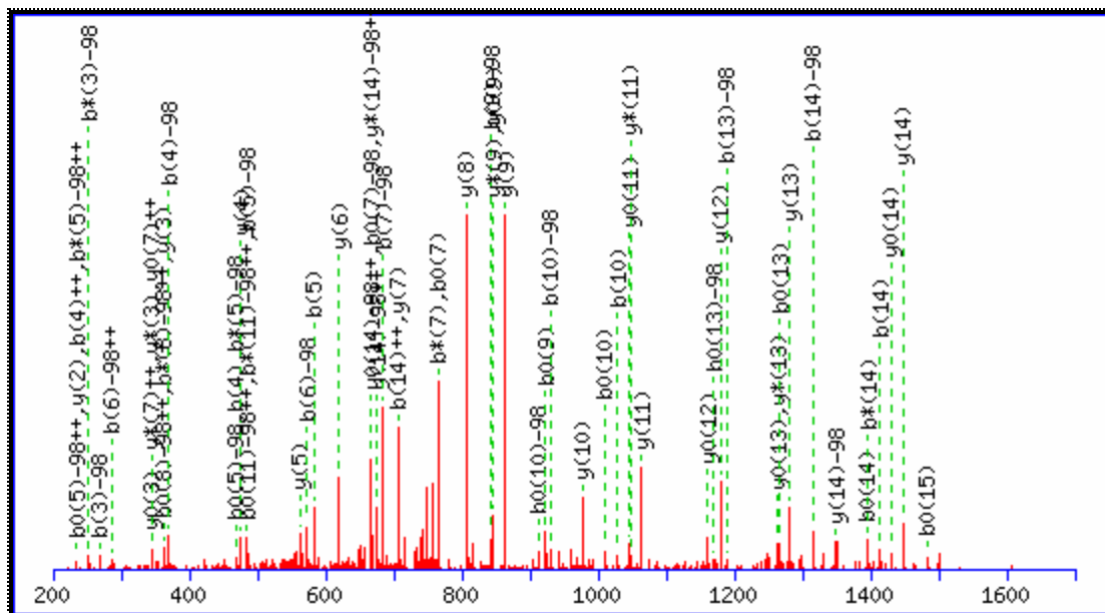
74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	458.7480 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	724.8803 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	928.4999	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1380.6671	y <sub>13</sub>
102.5708 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	464.7536 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	730.3883	b <sub>6</sub>	929.4241	y <sub>8</sub>	1448.7532	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
135.5999 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	465.2157 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	739.3636 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	933.4865 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1477.7199	y <sub>14</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	500.2722 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	740.8990 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	953.9642 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1480.7907	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
176.1050 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	507.2744 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	744.4151	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	977.4771 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1546.7301	b <sub>14</sub>
193.1133 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	513.7420 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	745.3393	y <sub>6</sub>	982.4749 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1578.7676	y <sub>15</sub>
204.1343	y <sub>2</sub>	532.2878	b <sub>4</sub>	773.8687 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	999.537	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1604.8544	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
204.6157 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	542.7929 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	789.8874 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1006.5392 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1627.8591	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
266.6475 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	548.7985 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	802.9308 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1013.5415	b <sub>9</sub>	1661.8758	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
270.1925	b <sub>2</sub>	549.2606 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	814.4332 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1026.4768	y <sub>9</sub>	1702.8312	b <sub>15</sub>
282.6663 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	564.3253	y <sub>5</sub>	829.4567	b <sub>7</sub>	1055.5277 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1725.836	y <sub>16</sub>
317.1714 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	591.3193 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	831.4415 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1084.5786	b <sub>10</sub>	1742.886	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
324.1848 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	592.3146 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	831.4472	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1096.5898	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1759.8527	b <sub>16</sub>
351.2027	y <sub>3</sub>	597.7870 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	842.392	y <sub>7</sub>	1097.5139	y <sub>10</sub>	1808.9442	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
365.6978 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	633.3355	b <sub>5</sub>	851.9193 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1181.6313	b <sub>11</sub>	1840.8629	y <sub>17</sub>
372.7112 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	634.8353 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	863.4216 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1183.6218	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1855.9701	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
373.1733 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	641.3030 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	871.9467 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1194.5667	y <sub>11</sub>	1865.9657	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
385.2194	b <sub>3</sub>	641.8488 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	880.4300 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1268.6634	b <sub>12</sub>	1906.9211	b <sub>17</sub>
408.2241	y <sub>4</sub>	647.3624	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	904.9758 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1281.5987	y <sub>12</sub>	1953.947	y <sub>18</sub>
415.2320 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	683.3617 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	916.4887	b <sub>8</sub>	1282.6902	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1963.9426	b <sub>18</sub>
416.2272 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	690.3751 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	920.9351 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1365.7161	b <sub>13</sub>	2012.0712	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
421.6997 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	690.8372 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	928.4887 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1379.743	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2110.0481	MH

MS/MS Fragmentation of RIDFTPVsPAPSPtRGFGK  
 Found in IPI00749302, Hypothetical protein DKFZp686L20116



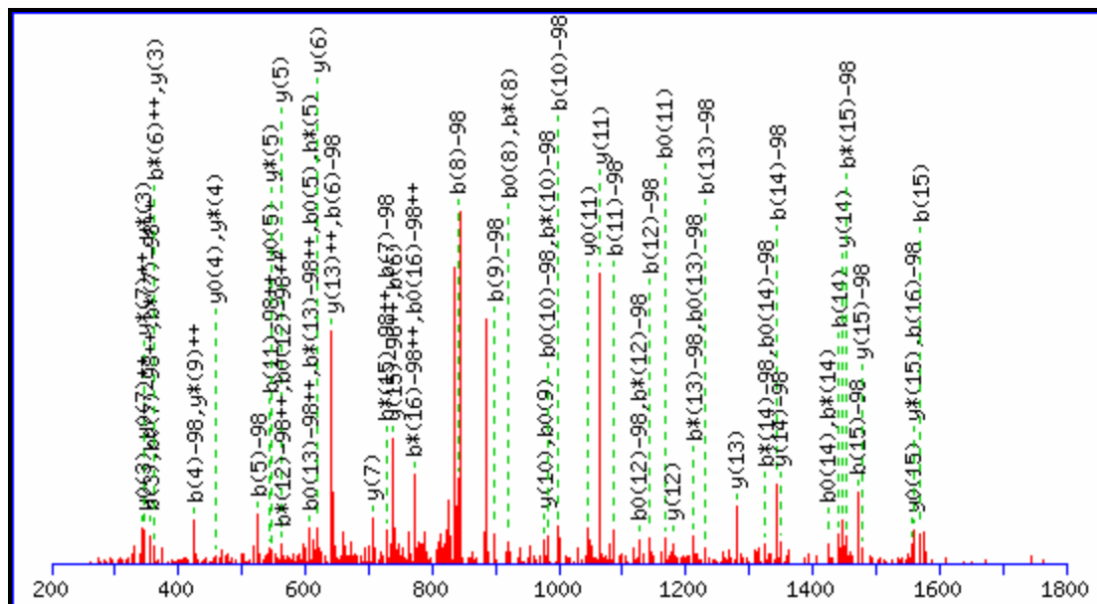
74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	533.7876 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	780.8821 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	999.537	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1560.757	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
102.5708 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	547.2575 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	793.9255 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1017.4603 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1586.8438	b <sub>15</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
135.5999 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	548.7985 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	805.4279 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1022.4581 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1609.8485	y <sub>16</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	549.2606 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	813.8519 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1026.4768	y <sub>9</sub>	1626.6965	b <sub>14</sub>
176.1050 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	564.3253	y <sub>5</sub>	822.4363 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1046.5224 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1643.8653	b <sub>16</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
193.1133 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	582.3140 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	829.4567	b <sub>7</sub>	1066.568	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1658.7339	y <sub>15</sub>
204.1343	y <sub>2</sub>	582.7761 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	829.8706 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1093.5078	b <sub>9</sub>	1684.8207	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
204.6157 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	583.3093 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	831.4472	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1095.5109 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1707.8254	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
266.6475 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	597.7870 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	842.392	y <sub>7</sub>	1096.5898	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1724.8755	y <sub>17</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
270.1925	b <sub>2</sub>	625.8300 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	842.9140 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1097.5139	y <sub>10</sub>	1741.8421	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
282.6663 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	631.3025 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	854.4164 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1163.6208	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1782.7976	b <sub>15</sub>
317.1714 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	632.2977 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	862.9414 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1164.5449	b <sub>10</sub>	1790.9337	b <sub>17</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
324.1848 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	632.8435 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	871.4247 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1165.6113	y <sub>12</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1805.8023	y <sub>16</sub>
351.2027	y <sub>3</sub>	633.3355	b <sub>5</sub>	891.9024 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1194.5667	y <sub>11</sub>	1822.8524	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
365.6978 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	647.3624	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	895.9705 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1250.6528	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1837.9595	y <sub>18</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
372.7112 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	674.3564 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	898.4781	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1261.5977	b <sub>11</sub>	1839.819	b <sub>16</sub>
373.1733 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	674.8185 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	903.4048 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1263.5882	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1847.9551	b <sub>18</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
385.2194	b <sub>3</sub>	681.2862 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	911.9298 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1264.6797	y <sub>13</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1888.9106	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
408.2241	y <sub>4</sub>	681.3699 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	919.4834 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1347.7056	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1920.8293	y <sub>17</sub>
415.2320 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	681.8319 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	920.4132 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1348.6297	b <sub>12</sub>	1935.9364	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
416.2272 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	715.8750 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	924.4812 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1361.5651	y <sub>12</sub>	1945.932	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
421.6997 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	723.3449 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	928.4999	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1361.7324	y <sub>14</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1986.8875	b <sub>17</sub>
449.7427 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	730.3583 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	929.4241	y <sub>8</sub>	1362.6566	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2033.9133	y <sub>18</sub>
464.7536 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	730.3883	b <sub>6</sub>	944.9589 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1430.7427	b <sub>14</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2043.9089	b <sub>18</sub>
465.2157 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	730.8204 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	960.9183 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1445.6825	b <sub>13</sub>	2092.0376	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
498.2691 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	731.8937 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	968.4719 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1459.7093	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2190.0144	MH
498.7311 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	744.4151	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	973.4696 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1460.6335	y <sub>13</sub>		
500.2722 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	745.3393	y <sub>6</sub>	993.9474 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1462.7801	y <sub>15</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
513.7420 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	764.8634 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	995.5309	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1528.7196	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
532.2878	b <sub>4</sub>	779.3468 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	996.455	b <sub>8</sub>	1557.6862	y <sub>14</sub>		

MS/MS Fragmentation of AQTDSLGTSGSLQSK  
 Found in IPI00293009, Isoform 1 of Rab GTPase-binding effector protein 1



74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	370.1721	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	640.8201 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	840.3135	b <sub>8</sub>	1187.5539	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
117.5761 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	404.2140 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	670.208	b <sub>6</sub>	843.3843	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1280.6329	y <sub>13</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	432.7247 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	675.3308 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	864.4421	y <sub>9</sub>	1285.5308	b <sub>13</sub>
181.6053 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	468.149	b <sub>4</sub>	685.3151	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	930.4163	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1315.6124	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
200.103	b <sub>2</sub>	475.2875	y <sub>4</sub>	706.373	y <sub>7</sub>	941.3612	b <sub>9</sub>	1349.6543	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
234.1448	y <sub>2</sub>	485.1991	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	724.3192 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	977.5262	y <sub>10</sub>	1402.6445	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
238.1474 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	489.2667 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	739.3601 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	987.4378	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1413.5893	b <sub>14</sub>
269.1244	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	532.7828 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	742.3366	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1028.3932	b <sub>10</sub>	1447.6312	y <sub>14</sub>
281.6634 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	562.3195	y <sub>5</sub>	774.8786 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1064.5582	y <sub>11</sub>	1477.7129	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
310.1741 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	572.2311	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	783.292	b <sub>7</sub>	1074.4698	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1500.6214	b <sub>15</sub>
353.6901 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	583.1759	b <sub>5</sub>	788.3485 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1085.4147	b <sub>11</sub>	1548.75	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
362.2034	y <sub>3</sub>	590.2962 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	807.4207	y <sub>8</sub>	1172.4467	b <sub>12</sub>	1575.6898	y <sub>15</sub>
367.1013	b <sub>3</sub>	619.341	y <sub>6</sub>	823.8671 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1179.5852	y <sub>12</sub>	1646.7269	MH

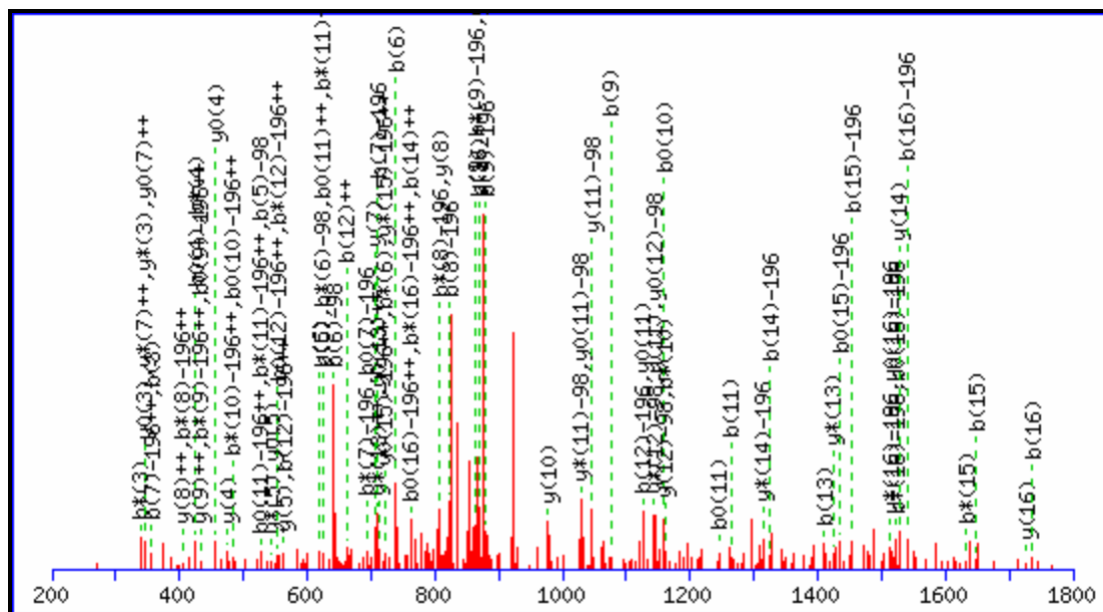
MS/MS Fragmentation of RAQsTDSLGTSGSLQSK  
 Found in IPI00293009, Isoform 1 of Rab GTPase-binding effector protein 1



74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	370.1422 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	592.7508 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	788.3485 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1230.5709	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
114.5764 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	404.2140 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	615.7891 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	807.4207	y <sub>8</sub>	1241.5158	b <sub>12</sub>
117.5761 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	413.6582 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	619.341	y <sub>6</sub>	823.8671 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1280.6329	y <sub>13</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	421.2118 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	621.2615 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	826.3091	b <sub>7</sub>	1328.5478	b <sub>13</sub>
178.6057 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	425.2255	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	624.2501	b <sub>5</sub>	828.8649 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1343.655	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
181.6053 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	432.7247 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	640.8201 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	841.4163	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1349.6543	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
213.1164 <sup>+2</sup>	b <sub>1</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	449.7225 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	641.3002	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	852.9292 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1441.6319	b <sub>14</sub>
228.1455	b <sub>2</sub>	470.2002 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	664.7775 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	864.4421	y <sub>9</sub>	1447.6312	y <sub>14</sub>
234.1448	y <sub>2</sub>	475.2875	y <sub>4</sub>	672.3311 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	898.4377	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1471.7136	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
238.1474 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	489.2667 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	675.3308 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	901.9176 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1477.7129	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
262.1049 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	498.7109 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	706.373	y <sub>7</sub>	939.3932	b <sub>8</sub>	1548.75	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
263.6402 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	500.2463 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	721.3196 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	977.5262	y <sub>10</sub>	1558.7456	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
281.6634 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	523.2024	b <sub>4</sub>	724.3192 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	996.4146	b <sub>9</sub>	1569.6905	b <sub>15</sub>
310.1741 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	526.2732	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	728.3322	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	999.4854	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1575.6898	y <sub>15</sub>
312.6287 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	532.7828 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	736.3604 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1064.5582	y <sub>11</sub>	1646.7269	y <sub>16</sub>
321.1537 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	543.7624 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	739.2771	b <sub>6</sub>	1086.5174	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1656.7225	b <sub>16</sub>
353.6901 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	549.2348 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	739.3601 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1097.4623	b <sub>10</sub>	1704.8511	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
356.2041	b <sub>3</sub>	562.3195	y <sub>5</sub>	774.8786 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1143.5389	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1802.828	MH
362.2034	y <sub>3</sub>	572.2731 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	779.8764 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1179.5852	y <sub>12</sub>		
364.6697 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	590.2962 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	785.3489 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1184.4943	b <sub>11</sub>		

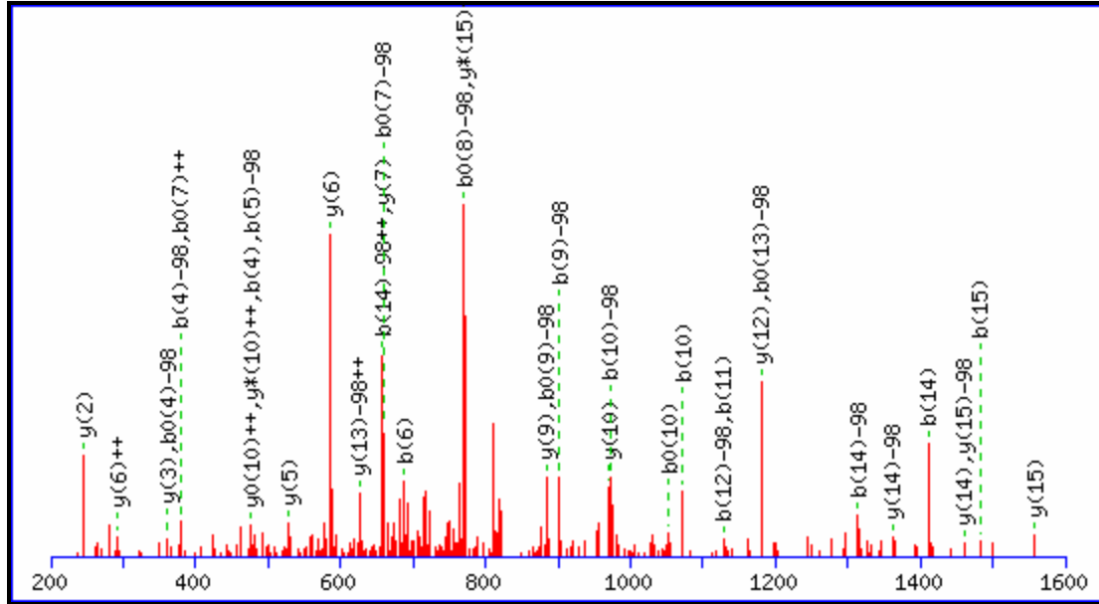


MS/MS Fragmentation of RAQStDsLGTSGSLQSK  
 Found in IPI00293009, Isoform 1 of Rab GTPase-binding effector protein 1



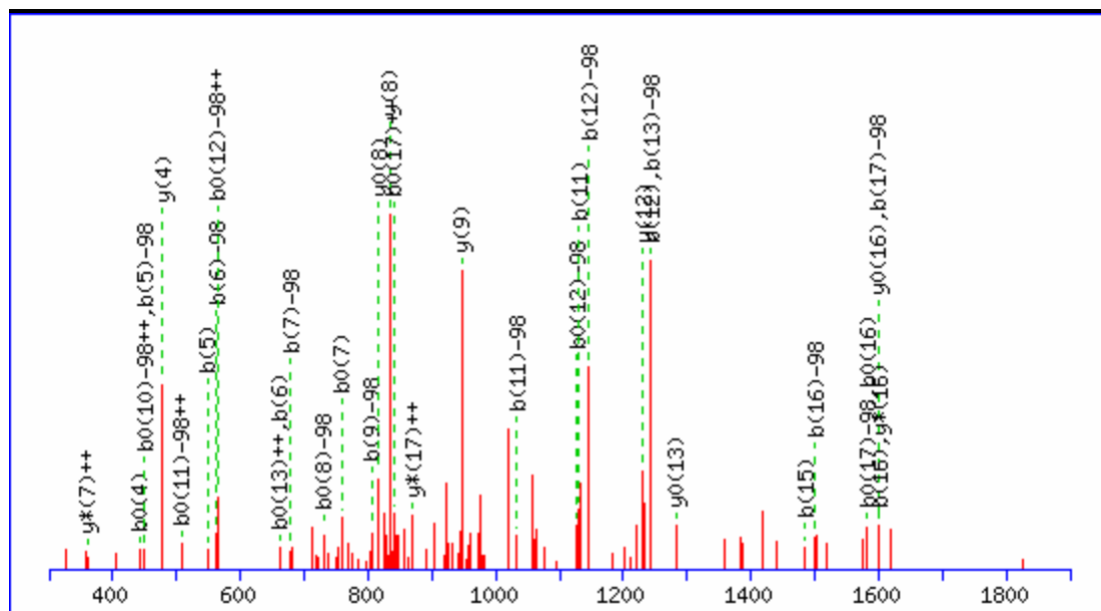
74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	453.6413 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	655.7723 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	828.3317 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1264.4607	b <sub>11</sub>
114.5764 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	461.1949 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	661.2447 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	863.8503 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1310.5372	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
117.5761 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	475.2875	y <sub>4</sub>	663.3258 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	864.4421	y <sub>9</sub>	1321.4821	b <sub>12</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	489.2667 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	666.3255 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	868.8480 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1325.6444	b <sub>14</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
178.6057 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	489.7057 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	671.7979 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	880.4272	b <sub>9</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1331.6437	y <sub>14</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
181.6053 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	491.2411 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	704.7607 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	892.9124 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1342.5886	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
222.1217 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	510.1834 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	706.373	y <sub>7</sub>	906.2754	b <sub>7</sub>	1408.5141	b <sub>13</sub>
228.1455	b <sub>2</sub>	523.7775 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	710.3216	b <sub>7</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	921.3826	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1423.6213	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
234.1448	y <sub>2</sub>	526.2732	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	712.3143 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	941.9008 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1429.6206	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
238.1474 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	534.7571 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	715.3140 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	977.5262	y <sub>10</sub>	1440.5655	y <sub>13</sub>
263.6402 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	538.6941 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	720.7864 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	978.4041	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1453.703	b <sub>15</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
281.6634 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	540.2295 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	727.3551 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	981.4748	b <sub>10</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1459.7023	y <sub>15</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
310.1741 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	562.3195	y <sub>5</sub>	730.3548 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1019.3595	b <sub>8</sub>	1521.5982	b <sub>14</sub>
312.6287 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	563.2678 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	739.2771	b <sub>6</sub>	1046.5477	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1527.5975	y <sub>14</sub>
321.1537 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	572.7659 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	761.3027 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1068.5069	b <sub>11</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1530.7394	y <sub>16</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
353.6901 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	581.2909 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	764.3024 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1076.3809	b <sub>9</sub>	1540.735	b <sub>16</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
355.6645 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	583.7455 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	765.8734 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1079.4517	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1551.6799	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
356.2041	b <sub>3</sub>	589.2180 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	770.8712 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1125.5283	b <sub>12</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1557.6792	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
362.2034	y <sub>3</sub>	606.7838 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	776.3436 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1144.5246	y <sub>11</sub>	1628.7163	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
370.1422 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	612.2562 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	779.3432 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1161.5746	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1638.7119	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
404.2140 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	619.341	y <sub>6</sub>	807.4207	y <sub>8</sub>	1166.4838	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1649.6568	b <sub>15</sub>
404.6529 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	622.8095 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	808.2985	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1177.4286	b <sub>10</sub>	1655.6561	y <sub>15</sub>
412.2065 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	624.2501	b <sub>5</sub>	814.8618 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1212.5604	b <sub>13</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1726.6932	y <sub>16</sub>
432.7247 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	630.2794 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	819.8596 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1223.5052	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1736.6888	b <sub>16</sub>
440.7172 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	632.7340 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	823.4057	b <sub>8</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1244.6117	y <sub>13</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1784.8174	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
443.2361	b <sub>4</sub>	641.3002	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	825.3320 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1259.5515	y <sub>12</sub>	1882.7943	MH

MS/MS Fragmentation of VPLPLSLLAGPADAR  
 Found in IPI00375907, Hypothetical protein



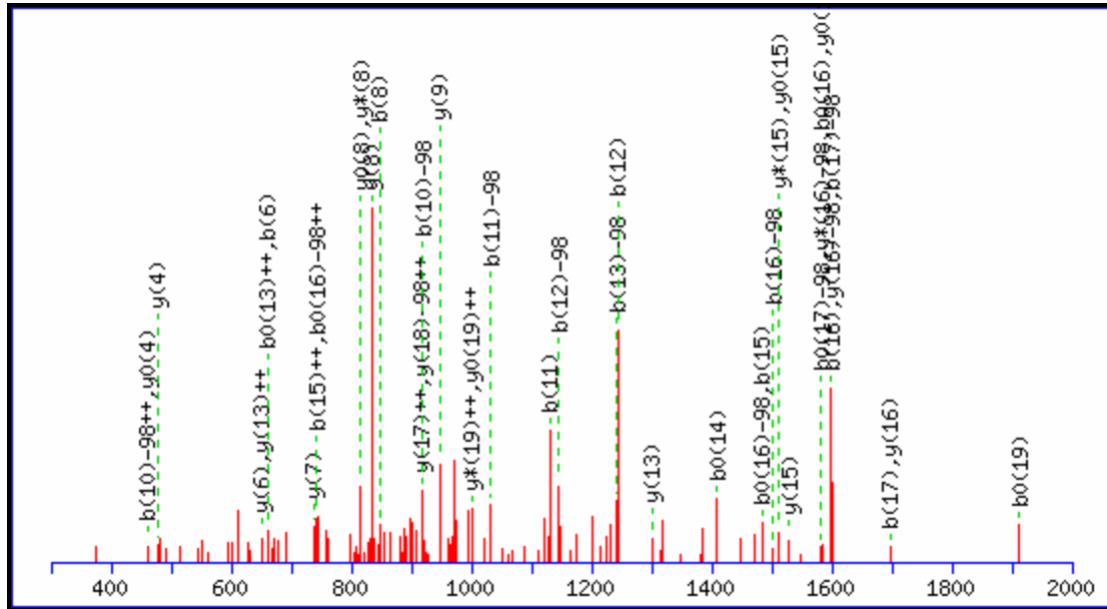
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	432.2201	y <sub>4</sub>	676.4028	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	970.5316	y <sub>10</sub>	1347.6668	y <sub>13</sub>
123.5817 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	442.2534 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	681.8906 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	973.6081	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1362.774	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	476.2867	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	687.3477	b <sub>6</sub>	1000.5479	b <sub>9</sub>	1384.7835	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
181.0951 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	477.2109	b <sub>4</sub>	730.4170 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1030.6295	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1411.7233	b <sub>14</sub>
197.1285	b <sub>2</sub>	485.7694 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	730.8791 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1071.585	b <sub>10</sub>	1459.8267	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
216.6137 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	529.2729	y <sub>5</sub>	770.4155	y <sub>8</sub>	1083.6157	y <sub>11</sub>	1460.7509	y <sub>14</sub>
246.1561	y <sub>2</sub>	542.3115 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	774.3797	b <sub>7</sub>	1127.6823	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1482.7604	b <sub>15</sub>
265.1401 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	574.2636	b <sub>5</sub>	779.4055 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1128.6064	b <sub>11</sub>	1557.8036	y <sub>15</sub>
293.6508 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	586.2944	y <sub>6</sub>	779.9512 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1180.6684	y <sub>12</sub>	1558.8952	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
310.2125	b <sub>3</sub>	589.3708	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	789.4869	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1198.7194	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1656.872	MH
329.1694 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	590.8379 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	828.9397 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1225.6592	b <sub>12</sub>		
361.183	y <sub>3</sub>	625.3486 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	883.4996	y <sub>9</sub>	1249.6899	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
379.234	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	657.3315	y <sub>7</sub>	887.4638	b <sub>8</sub>	1296.6963	b <sub>13</sub>		
385.7114 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	674.3370 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	902.571	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1313.7464	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

MS/MS Fragmentation of GsVHSLDAGLLPSGDPFSK  
 Found in IPI00293009, Isoform 1 of Rab GTPase-binding effector protein 1



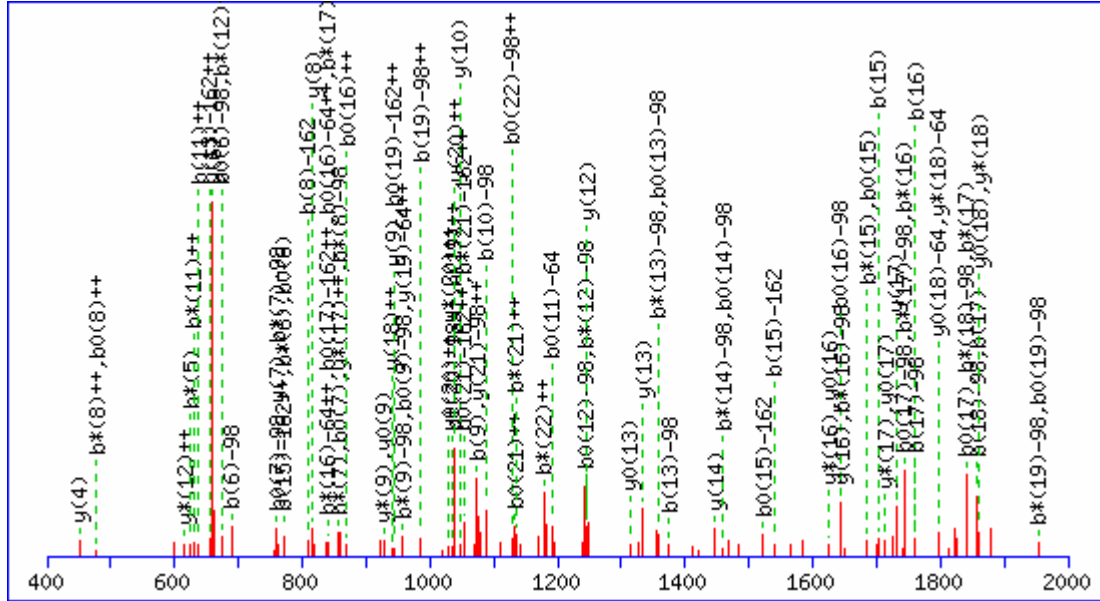
74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	388.6524 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	651.3586 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	904.356	b <sub>9</sub>	1386.7376	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
117.5761 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	403.6932 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	661.2705	b <sub>6</sub>	916.9625 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1416.7369	y <sub>14</sub>
127.0502	b <sub>2</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	417.7032 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	665.3617 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	919.4632	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1427.693	b <sub>14</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	424.1709 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	670.8341 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	922.4349 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1484.7145	b <sub>15</sub>
182.0924 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	450.2096	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	678.3206	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	926.9938 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1501.7645	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
191.1103 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	452.6817 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	693.8724 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	947.4833	y <sub>9</sub>	1529.821	y <sub>15</sub>
225.0271	b <sub>2</sub>	460.2352 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	708.8721 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	961.5045 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1598.8173	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
225.6084 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	461.1544	b <sub>4</sub>	714.3501 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	965.9510 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1599.7414	b <sub>16</sub>
226.1186	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	474.2453 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	737.3464	y <sub>7</sub>	990.0153 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1616.853	y <sub>16</sub>
231.0809 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	478.266	y <sub>4</sub>	742.8609 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1010.4930 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1696.7942	b <sub>17</sub>
234.1448	y <sub>2</sub>	509.2237 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	749.3577	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1017.4401	b <sub>10</sub>	1745.8857	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
239.6366 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	516.7773 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	751.3859 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1032.5473	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1753.9119	y <sub>17</sub>
274.5969 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	530.7873 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	765.4141 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1039.0037 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1832.9177	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
282.1504 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	548.1865	b <sub>5</sub>	776.2975	b <sub>7</sub>	1060.5673	y <sub>10</sub>	1843.8626	b <sub>18</sub>
297.1501 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	563.2936	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	799.9123 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1130.5242	b <sub>11</sub>	1852.9803	y <sub>18</sub>
324.0955	b <sub>3</sub>	565.7657 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	800.3744 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1145.6313	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1922.0018	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
325.6608 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	573.3193 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	806.3791	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1173.6514	y <sub>11</sub>	1930.8946	b <sub>19</sub>
331.1389 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	587.3293 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	808.9301 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1230.6729	y <sub>12</sub>	1979.0233	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
339.6639 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	593.293	y <sub>5</sub>	834.3992	y <sub>8</sub>	1242.6841	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2019.9787	y <sub>19</sub>
363.1775	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	615.8401 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	847.3346	b <sub>8</sub>	1243.6082	b <sub>12</sub>	2077.0002	MH
369.1769 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	621.8457 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	848.9007 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1301.71	y <sub>13</sub>		
375.1825 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	622.3078 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	873.4465 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1329.7161	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
381.2132	y <sub>3</sub>	650.3144	y <sub>6</sub>	877.4596 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1340.661	b <sub>13</sub>		

MS/MS Fragmentation of GSVHsLDAGLLPSGDPSK  
 Found in IPI00293009, Isoform 1 of Rab GTPase-binding effector protein 1



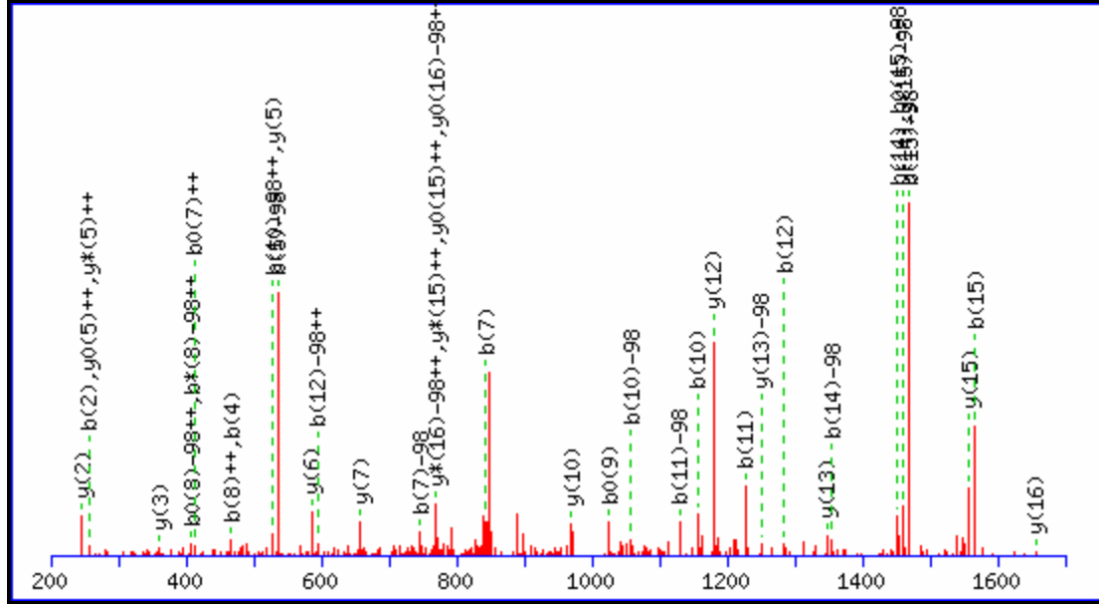
74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	424.1709 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	678.3206	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	917.9885 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1416.7369	y <sub>14</sub>
117.5761 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	450.2096	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	693.8724 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	919.4632	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1427.693	b <sub>14</sub>
145.0608	b <sub>2</sub>	452.6817 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	708.8721 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	922.4349 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1484.7145	b <sub>15</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	460.2352 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	714.3501 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	947.4833	y <sub>9</sub>	1501.7645	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
191.0977 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	474.2453 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	737.3464	y <sub>7</sub>	961.5045 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1529.821	y <sub>15</sub>
191.1103 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	478.266	y <sub>4</sub>	742.8609 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	965.9510 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1598.8173	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
225.6084 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	509.2237 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	749.3577	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	966.9770 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1598.8424	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
234.1448	y <sub>2</sub>	516.7773 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	751.3859 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	990.0153 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1599.7414	b <sub>16</sub>
239.6366 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	530.7873 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	765.4141 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1010.4930 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1696.7942	b <sub>17</sub>
244.1292	b <sub>3</sub>	548.1865	b <sub>5</sub>	776.2975	b <sub>7</sub>	1017.4401	b <sub>10</sub>	1696.8193	y <sub>16</sub>
274.5969 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	563.2936	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	799.9123 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1032.5473	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1735.9014	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
282.1504 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	565.7657 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	799.9249 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1039.0037 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1745.8857	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
297.1501 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	573.3193 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	800.3744 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1060.5673	y <sub>10</sub>	1832.9177	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
325.6608 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	587.3293 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	806.3791	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1130.5242	b <sub>11</sub>	1833.8783	y <sub>17</sub>
331.1389 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	593.293	y <sub>5</sub>	834.3992	y <sub>8</sub>	1145.6313	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1834.9698	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
339.6639 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	615.8401 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	847.3346	b <sub>8</sub>	1173.6514	y <sub>11</sub>	1843.8626	b <sub>18</sub>
369.1769 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	621.8457 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	848.9007 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1230.6729	y <sub>12</sub>	1922.0018	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
375.1825 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	622.3078 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	848.9133 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1242.6841	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1930.8946	b <sub>19</sub>
381.1881	b <sub>4</sub>	650.3144	y <sub>6</sub>	868.4543 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1243.6082	b <sub>12</sub>	1932.9467	y <sub>18</sub>
381.2132	y <sub>3</sub>	651.3586 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	873.4465 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1301.71	y <sub>13</sub>	1979.0233	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
388.6524 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	661.2705	b <sub>6</sub>	904.356	b <sub>9</sub>	1329.7161	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2019.9787	y <sub>19</sub>
403.6932 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	665.3617 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	916.9625 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1340.661	b <sub>13</sub>	2077.0002	MH
417.7032 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	670.8341 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	917.4428 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1386.7376	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

MS/MS Fragmentation of QFsPTmSPTLSSITQGVPLDTSK  
 Found in IPI00375907, Hypothetical protein



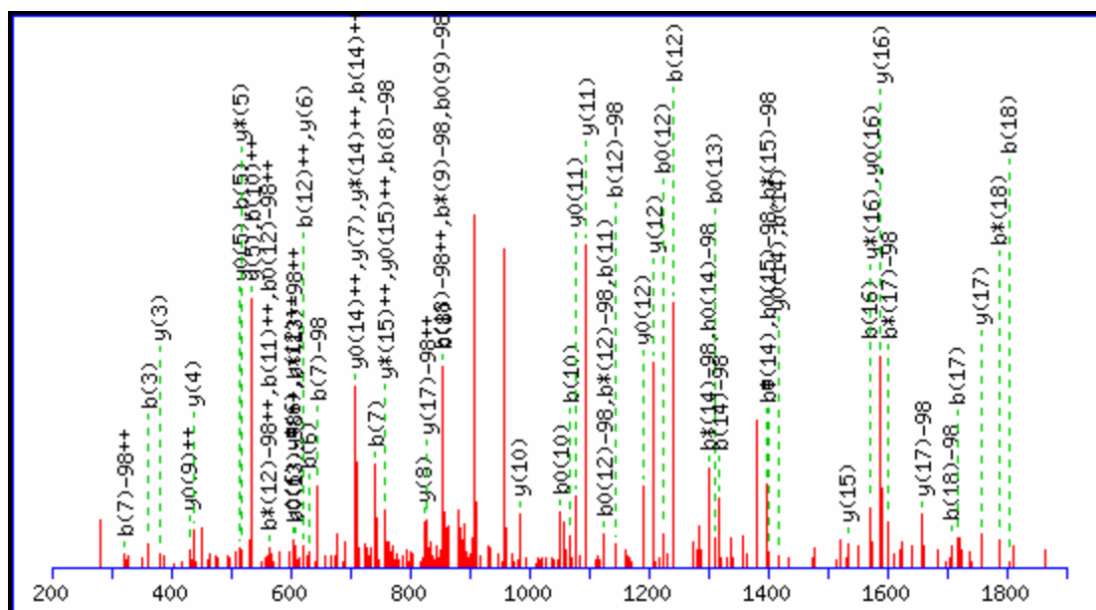
74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	543.2562	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	944.5047	y <sub>9</sub>	1273.517	b <sub>11</sub>	1955.882	b <sub>18</sub>
117.5761 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	563.3035	y <sub>5</sub>	972.3533	b <sub>8</sub>	1332.7005	y <sub>13</sub>	1970.9892	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	579.8219 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	975.424	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1360.5491	b <sub>12</sub>	1979.0001	y <sub>19</sub>
168.0999 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	623.3379 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	990.0037 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1375.6562	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2068.9661	b <sub>19</sub>
225.6134 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	641.2331	b <sub>5</sub>	1038.5301 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1445.7846	y <sub>14</sub>	2076.0529	y <sub>20</sub>
234.1448	y <sub>2</sub>	660.3563	y <sub>6</sub>	1045.5524	y <sub>10</sub>	1473.6331	b <sub>13</sub>	2086.0161	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
276.1343	b <sub>2</sub>	666.8539 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1073.0408 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1476.7039	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2145.0744	y <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
282.1554 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	690.2916	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1073.4009	b <sub>9</sub>	1546.8323	y <sub>15</sub>	2183.993	b <sub>20</sub>
330.6818 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	723.3959 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1088.5081	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1574.6808	b <sub>14</sub>	2187.0638	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
335.1925	y <sub>3</sub>	759.4247	y <sub>7</sub>	1122.0293 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1604.7625	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2243.0513	y <sub>21</sub>
345.1557	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	773.9198 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1146.5750 <sup>+2</sup>	y <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1643.885	y <sub>16</sub>	2274.0958	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
380.2160 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	777.3236	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1158.6365	y <sub>11</sub>	1661.7839	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2285.0407	b <sub>21</sub>
408.7267 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	788.2685	b <sub>6</sub>	1175.5401	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1702.7394	b <sub>15</sub>	2292.1428	y <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
442.2085	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	816.4462	y <sub>8</sub>	1186.485	b <sub>10</sub>	1730.9171	y <sub>17</sub>	2372.0727	b <sub>22</sub>
443.1326	b <sub>3</sub>	822.4462 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1195.5635 <sup>+2</sup>	y <sub>22</sub> <sup>+2</sup>	1759.7608	b <sub>16</sub>	2390.1197	y <sub>22</sub>
450.2195	y <sub>4</sub>	865.9622 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1210.6043 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1760.8524	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2420.2014	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
472.7560 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	874.3764	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1245.6685	y <sub>12</sub>	1857.9051	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2518.1783	MH
523.2798 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	875.3005	b <sub>7</sub>	1259.5928 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1858.8293	b <sub>17</sub>		
540.1854	b <sub>4</sub>	939.4799 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1262.5722	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1877.9525	y <sub>18</sub>		

MS/MS Fragmentation of RVPLsPLSLLAGPADAR  
 Found in IPI00375907, Hypothetical protein



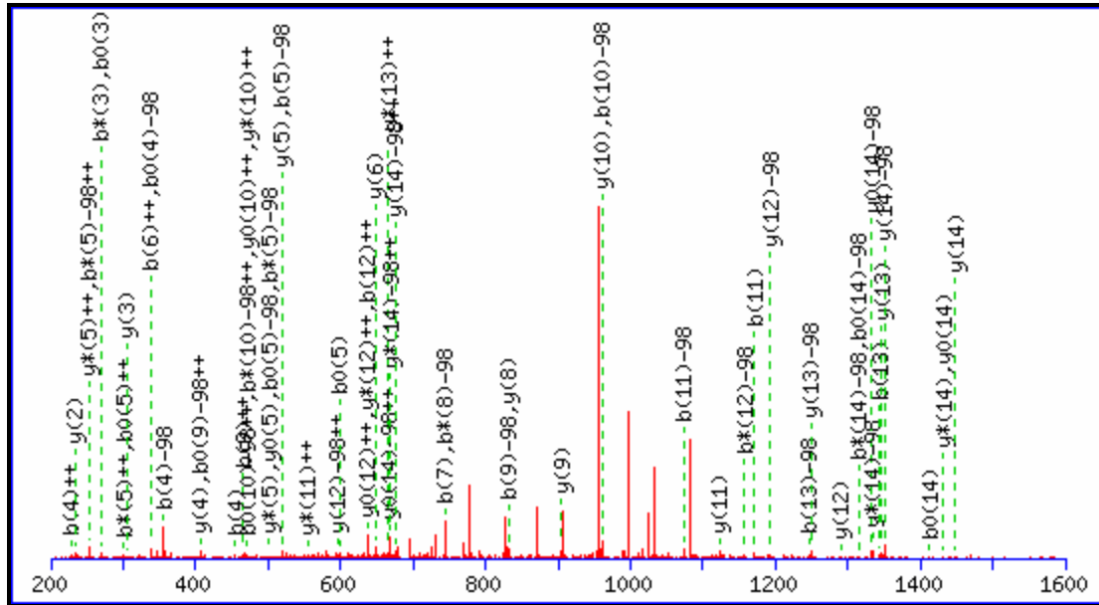
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	385.7114 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	625.3486 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	784.4158 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1283.7834	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
123.5817 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	416.7556 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	632.3879	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	819.9344 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1284.7075	b <sub>12</sub>
128.5920 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	422.2280 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	633.312	b <sub>5</sub>	828.9397 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1347.6668	y <sub>13</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	432.2201	y <sub>4</sub>	642.3953 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	832.5039	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1354.8205	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
177.1184 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	442.2534 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	642.8574 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	843.4488	b <sub>7</sub>	1362.774	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
181.0951 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	465.7441 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	657.3315	y <sub>7</sub>	858.0018 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1381.7603	b <sub>13</sub>
216.6137 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	466.3136	b <sub>4</sub>	674.3370 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	883.4996	y <sub>9</sub>	1452.7974	b <sub>14</sub>
233.6605 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	473.2976 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	677.9139 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	906.9902 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1459.8267	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
246.1561	y <sub>2</sub>	485.7694 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	681.8906 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	930.4808	b <sub>8</sub>	1460.7509	y <sub>14</sub>
256.1768	b <sub>2</sub>	522.2861 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	691.3838 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	945.588	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1469.8475	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
265.1401 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	529.2729	y <sub>5</sub>	726.9024 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	970.5316	y <sub>10</sub>	1540.8846	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
268.1712 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	529.8397 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	730.3648	b <sub>6</sub>	1043.5649	b <sub>9</sub>	1557.8036	y <sub>15</sub>
293.6508 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	535.3351	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	730.4170 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1058.6721	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1558.8952	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
316.6976 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	542.3115 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	730.8791 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1083.6157	y <sub>11</sub>	1567.8244	b <sub>15</sub>
317.1596 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	565.3582 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	735.4274 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1129.7092	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1638.8615	b <sub>16</sub>
329.1694 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	578.8281 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	745.4719	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1156.649	b <sub>10</sub>	1656.872	y <sub>16</sub>
353.2296	b <sub>3</sub>	586.2944	y <sub>6</sub>	770.4155	y <sub>8</sub>	1180.6684	y <sub>12</sub>	1714.9963	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
361.183	y <sub>3</sub>	590.8379 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	770.9459 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1186.7307	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1812.9732	MH
365.6860 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	593.8690 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	779.4055 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1227.6861	b <sub>11</sub>		
373.2396 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	614.3467 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	779.9512 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1249.6899	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

MS/MS Fragmentation of HGSGPNILTGDSPPGFSK  
 Found in IPI00375907, Hypothetical protein



74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	362.086	b <sub>3</sub>	604.8115 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	829.9229 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1242.5514	b <sub>12</sub>
98.0475 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	372.1473 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	616.3069 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	853.9103 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1318.6386	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
117.5761 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	379.7008 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	621.7794 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	856.3713	b <sub>8</sub>	1321.6998	y <sub>13</sub>
132.5582 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	381.2132	y <sub>3</sub>	622.3195	y <sub>6</sub>	858.4336 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1329.5835	b <sub>13</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	412.6929 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	630.2032	b <sub>6</sub>	859.3827 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1415.6914	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
161.0689 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	418.1833	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	645.3103	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	871.4785	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1416.6155	b <sub>14</sub>
181.5466 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	419.1075	b <sub>4</sub>	659.8229 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	878.9113 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1435.7427	y <sub>14</sub>
191.1103 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	428.6893 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	661.3535 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	881.3999	y <sub>9</sub>	1472.7128	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
195.0877	b <sub>2</sub>	436.2429 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	665.2954 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	902.8987 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1513.6683	b <sub>15</sub>
209.5953 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	438.2347	y <sub>4</sub>	708.3493 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	907.4220 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1532.7955	y <sub>15</sub>
210.0574 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	441.2036 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	708.8114 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	926.9630 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1570.6897	b <sub>16</sub>
219.6210 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	485.2313 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	709.3515	y <sub>7</sub>	969.4554	b <sub>9</sub>	1589.817	y <sub>16</sub>
234.1448	y <sub>2</sub>	486.7667 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	718.3750 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	972.5261	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1619.7812	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
258.5838 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	491.7274 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	736.8601 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	975.9515 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1658.8384	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
264.1091	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	515.2774 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	743.2872	b <sub>7</sub>	982.4476	y <sub>10</sub>	1706.8133	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
266.6168 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	516.1602	b <sub>5</sub>	757.3378 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1029.5476	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1715.8599	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
268.1474 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	532.2263	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	758.3944	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1070.503	b <sub>10</sub>	1717.7581	b <sub>17</sub>
311.6634 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	535.2875	y <sub>5</sub>	766.9014 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1095.5317	y <sub>11</sub>	1756.8153	y <sub>17</sub>
315.6052 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	535.7552 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	785.8485 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1127.5245	b <sub>11</sub>	1804.7902	b <sub>18</sub>
321.1306	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	548.2695 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	795.4121 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1144.5745	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1813.8368	y <sub>18</sub>
323.1588 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	564.2659 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	810.3943 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1208.6157	y <sub>12</sub>	1852.9188	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
355.1794 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	572.7909 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	824.3785	y <sub>8</sub>	1231.6066	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1950.8957	MH

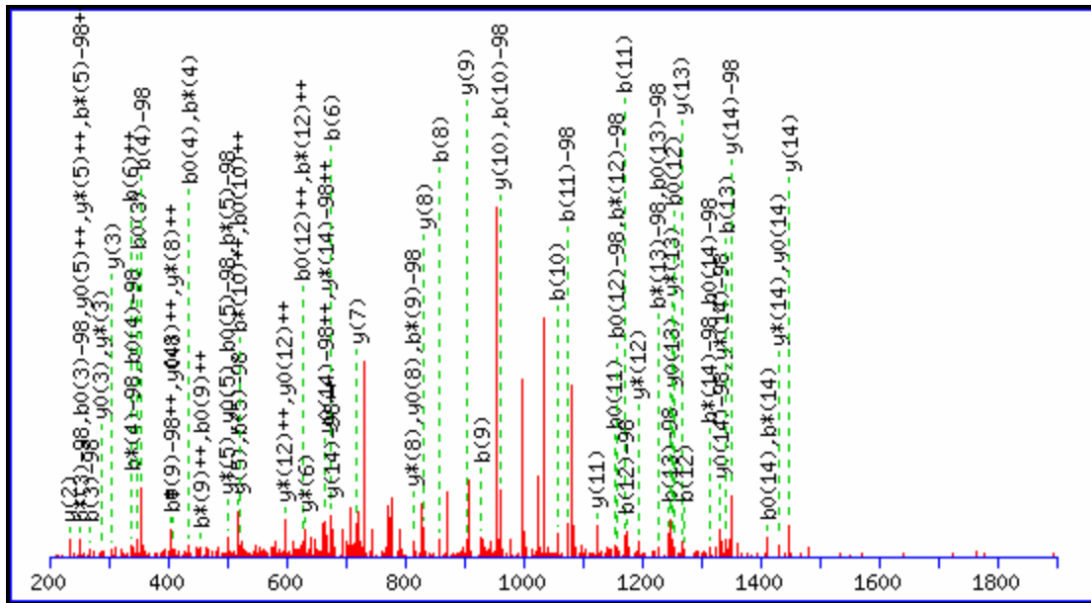
MS/MS Fragmentation of KTG<sub>s</sub>YGALAEITASK  
 Found in IPI00397730, Isoform 4 of Protein phosphatase 1 regulatory subunit 12A



74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	324.6818 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	537.2849 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	715.8318 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1174.6103	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
115.5786 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	337.6309 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	562.3033 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	719.3934	y <sub>7</sub>	1192.6208	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
117.5761 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	356.1928	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	576.2776	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	724.8371 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1245.6474	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
144.0893 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	360.2003 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	586.2734 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	739.8961 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1249.6423	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	373.1495 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	587.8088 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	745.2916	b <sub>7</sub>	1272.5872	b <sub>12</sub>
153.0946 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	380.7030 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	596.8141 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	760.3988	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1290.5977	y <sub>12</sub>
178.6001 <sup>+2</sup>	b <sub>1</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	406.2296	y <sub>4</sub>	617.2331	b <sub>5</sub>	788.8846 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1332.6794	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
203.6185 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	416.2216 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	623.3273 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	831.4359	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1343.6243	b <sub>13</sub>
227.5885 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	416.7424 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	625.3248 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	832.4775	y <sub>8</sub>	1347.6192	y <sub>13</sub>
230.1499	b <sub>2</sub>	429.6915 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	636.7972 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	858.3757	b <sub>8</sub>	1350.69	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
234.1448	y <sub>2</sub>	452.2609 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	645.8025 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	903.5146	y <sub>9</sub>	1430.6563	b <sub>14</sub>
260.1317 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	454.1697	b <sub>4</sub>	647.3148	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	929.4128	b <sub>9</sub>	1448.6669	y <sub>14</sub>
260.1605 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	465.2101 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	648.3563	y <sub>6</sub>	960.4785	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1478.7849	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
287.1714	b <sub>3</sub>	480.7429 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	666.8433 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	960.536	y <sub>10</sub>	1576.7618	MH
288.6425 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	480.7717 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	672.3158 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1058.4554	b <sub>10</sub>		
305.1819	y <sub>3</sub>	519.2562	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	674.2545	b <sub>6</sub>	1073.5626	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
309.1202 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	519.3137	y <sub>5</sub>	674.3132 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1123.5994	y <sub>11</sub>		
324.1610 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	529.7313 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	675.8486 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1171.5395	b <sub>11</sub>		

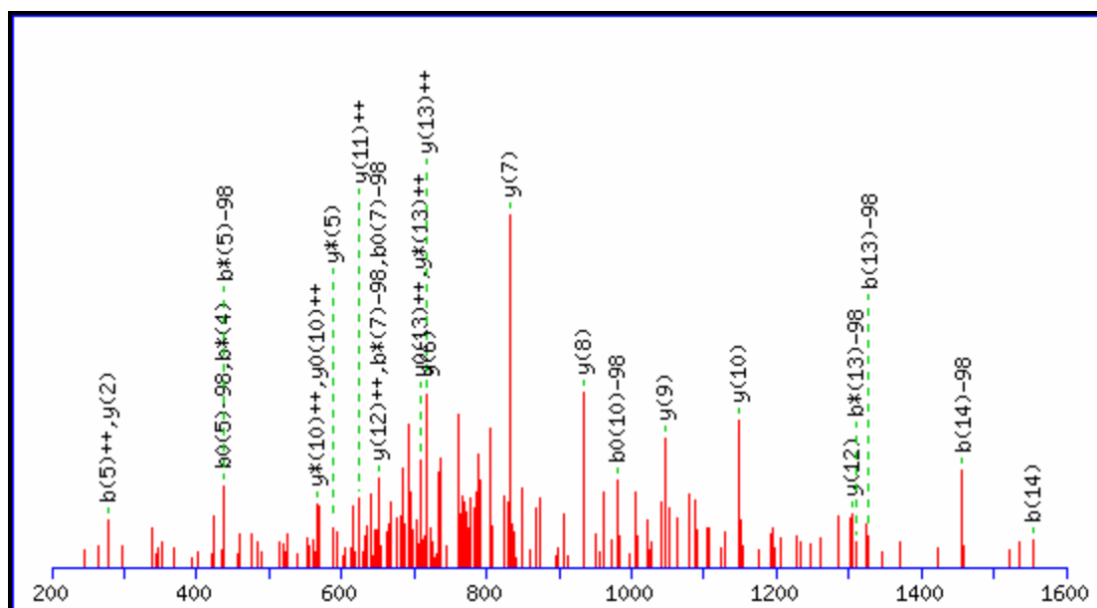


MS/MS Fragmentation of KtGSYGALAEITASK  
 Found in IPI00397730, Isoform 4 of Protein phosphatase 1 regulatory subunit 12A



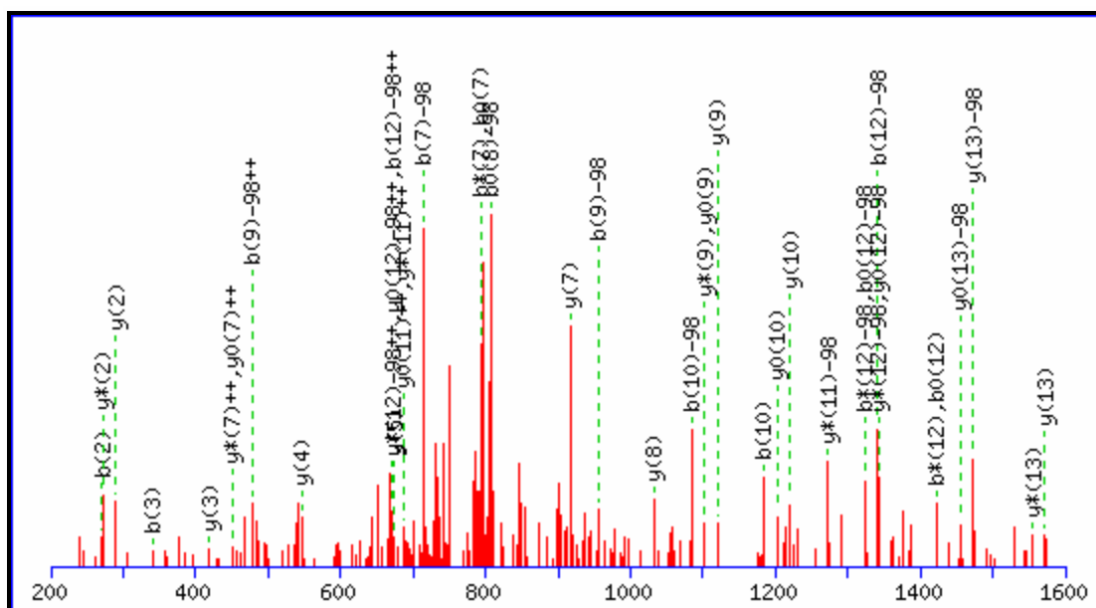
74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	309.1202 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	480.7717 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	674.2545	b <sub>6</sub>	1123.5994	y <sub>11</sub>
106.5733 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	310.1162	b <sub>2</sub>	519.2562	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	675.8486 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1171.5395	b <sub>11</sub>
117.5761 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	324.1610 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	519.3137	y <sub>5</sub>	715.8318 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1174.6103	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
135.0840 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	324.6818 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	529.7313 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	719.3934	y <sub>7</sub>	1210.6314	y <sub>12</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	337.6309 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	537.2849 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	724.8371 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1245.6474	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
153.0946 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	356.1928	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	562.3033 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	739.8961 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1267.6529	y <sub>13</sub>
155.5618 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	360.2003 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	576.2776	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	745.2916	b <sub>7</sub>	1272.5872	b <sub>12</sub>
178.6001 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	367.1377	b <sub>3</sub>	586.2734 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	760.3988	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1332.6794	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
184.0725 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	373.1495 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	587.8088 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	788.8846 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1343.6243	b <sub>13</sub>
203.6185 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	380.7030 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	605.8193 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	831.4359	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1350.69	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
212.1394	b <sub>2</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	406.2296	y <sub>4</sub>	617.2331	b <sub>5</sub>	832.4775	y <sub>8</sub>	1430.6563	b <sub>14</sub>
227.5885 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	416.2216 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	623.3273 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	858.3757	b <sub>8</sub>	1448.6669	y <sub>14</sub>
234.1448	y <sub>2</sub>	416.7424 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	634.3301 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	903.5146	y <sub>9</sub>	1478.7849	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
260.1317 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	429.6915 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	636.7972 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	929.4128	b <sub>9</sub>	1576.7618	MH
260.1605 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	452.2609 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	647.3148	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	960.4785	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
269.1608	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	454.1697	b <sub>4</sub>	648.3563	y <sub>6</sub>	960.536	y <sub>10</sub>		
288.6425 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	465.2101 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	666.8433 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1058.4554	b <sub>10</sub>		
305.1819	y <sub>3</sub>	480.7429 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	672.3158 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1073.5626	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

MS/MS Fragmentation of StQGVTLTDLQEAEK  
 Found in IPI00397730, Isoform 4 of Protein phosphatase 1 regulatory subunit 12A



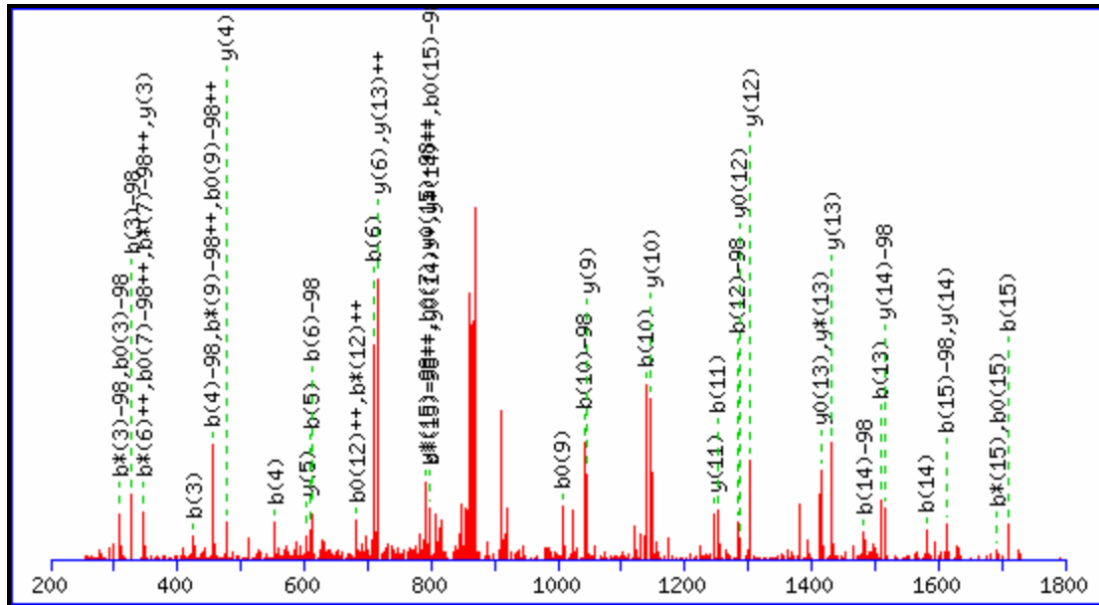
74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	359.1925 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	623.8299 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	850.3929 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1255.6165	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
138.5813 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	397.1119	b <sub>3</sub>	652.3406 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	868.3812	b <sub>8</sub>	1303.674	y <sub>12</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	416.7060 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	654.2494	b <sub>6</sub>	885.4312	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1326.6536	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
171.0764	b <sub>2</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	454.1334	b <sub>4</sub>	669.3566	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	933.4524	y <sub>8</sub>	1353.5934	b <sub>12</sub>
174.0999 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	455.2249	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	716.3699 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	983.4081	b <sub>9</sub>	1424.6305	b <sub>13</sub>
238.6212 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	467.2298 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	717.3777	y <sub>6</sub>	998.5153	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1431.7326	y <sub>13</sub>
269.0533	b <sub>2</sub>	476.2351	y <sub>4</sub>	757.8885 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1046.5364	y <sub>9</sub>	1455.6962	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
276.1554	y <sub>2</sub>	523.7719 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	767.3335	b <sub>7</sub>	1096.4922	b <sub>10</sub>	1514.7697	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
299.135	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	553.2018	b <sub>5</sub>	770.4043	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1126.5739	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1553.6731	b <sub>14</sub>
302.6505 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	556.2726	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	801.4045 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1147.5841	y <sub>10</sub>	1601.8017	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
347.1925	y <sub>3</sub>	574.2957 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	806.8769 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1224.5508	b <sub>11</sub>	1612.7466	y <sub>14</sub>
356.1565	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	604.2937	y <sub>5</sub>	832.4047	y <sub>7</sub>	1246.6525	y <sub>11</sub>	1699.7786	MH

MS/MS Fragmentation of RLAsTSDIEEKENR  
 Found in IPI00397730, Isoform 4 of Protein phosphatase 1 regulatory subunit 12A



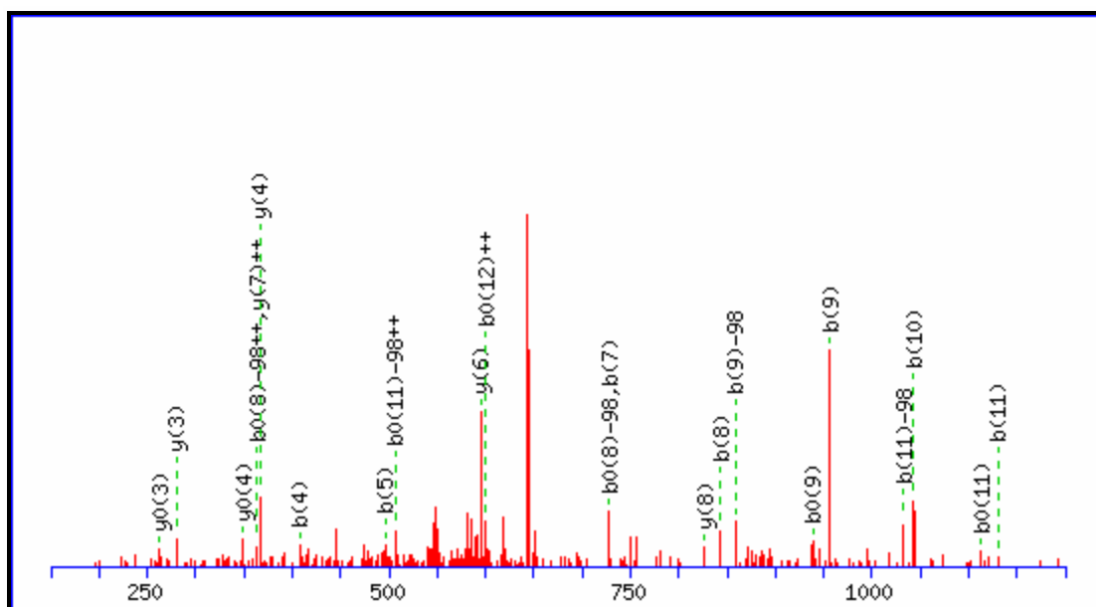
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	348.6575 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	560.2675 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	729.8090 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1182.5038	b <sub>10</sub>
135.5999 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	357.1825 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	591.7556 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	737.3626 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1212.6219	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
145.0846 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	402.6959 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	598.3307	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	777.3458 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1220.5753	y <sub>10</sub>
171.1184 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	406.1709 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	606.8146 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	786.3511 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1289.5968	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	410.251	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	609.2756	b <sub>5</sub>	804.3846	y <sub>6</sub>	1310.5988	b <sub>11</sub>
205.6292 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	413.7245 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	610.7913 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	811.3346	b <sub>7</sub>	1341.6645	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
209.6059 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	418.2045	y <sub>3</sub>	645.3020 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	815.4132 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1360.6339	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
254.6176 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	459.2380 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	655.8030 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	826.4417	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1387.5737	y <sub>11</sub>
256.1530 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	462.7130 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	671.3359 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	864.4016 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1439.6414	b <sub>12</sub>
270.1925	b <sub>2</sub>	478.2458 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	675.342	y <sub>5</sub>	917.4687	y <sub>7</sub>	1455.7074	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
273.6534 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	508.2279	b <sub>4</sub>	680.8206 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	924.4186	b <sub>8</sub>	1458.6108	y <sub>12</sub>
289.1619	y <sub>2</sub>	511.2987	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	694.2905 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	955.4843	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1473.718	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
299.6690 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	516.7515 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	696.3076	b <sub>6</sub>	1032.4956	y <sub>8</sub>	1553.6843	b <sub>13</sub>
305.1414 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	527.2343 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	713.3577	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1053.4612	b <sub>9</sub>	1571.6949	y <sub>13</sub>
338.1747 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	542.7671 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	720.3243 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1084.5269	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1629.8191	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
341.2296	b <sub>3</sub>	546.2994	y <sub>4</sub>	728.3573 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1119.5277	y <sub>9</sub>	1727.796	MH

MS/MS Fragmentation of RStQGVTLTDLQEAEK  
 Found in IPI00397730, Isoform 4 of Protein phosphatase 1 regulatory subunit 12A



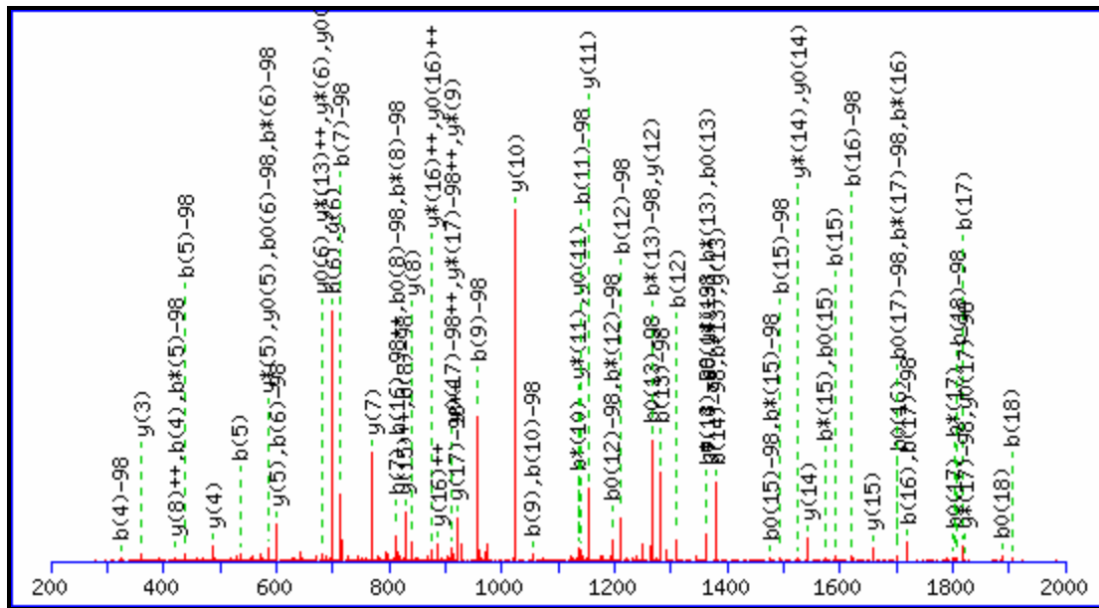
74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	356.6905 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	604.2937	y <sub>5</sub>	806.8769 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1282.675	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
122.5738 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	359.1925 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	610.2345	b <sub>5</sub>	810.3506	b <sub>7</sub>	1303.674	y <sub>12</sub>
138.5813 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	405.6789 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	611.326	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	825.4577	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1380.6519	b <sub>12</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	413.2325 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	623.8299 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	832.4047	y <sub>7</sub>	1411.7176	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
164.0924 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	416.7060 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	626.8003 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	850.3929 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1431.7326	y <sub>13</sub>
174.0999 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	425.1544	b <sub>3</sub>	641.8411 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	855.3907 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1482.7547	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
213.0809 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	455.2361	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	652.3406 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	879.4550 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1509.6945	b <sub>13</sub>
228.1217 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	462.2209 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	690.8296 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	923.4346	b <sub>8</sub>	1514.7697	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
238.6212 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	463.7563 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	706.3624 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	926.5054	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1580.7316	b <sub>14</sub>
244.1404	b <sub>2</sub>	467.2298 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	709.3029	b <sub>6</sub>	928.4435 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1601.8017	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
256.6324 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	476.2351	y <sub>4</sub>	712.3737	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	933.4524	y <sub>8</sub>	1611.7973	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
276.1554	y <sub>2</sub>	512.2576	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	716.3699 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1024.4823	b <sub>9</sub>	1612.7466	y <sub>14</sub>
277.1101 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	512.7448 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	717.3777	y <sub>6</sub>	1041.5323	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1699.7786	y <sub>15</sub>
302.6505 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	521.2698 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	741.8810 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1046.5364	y <sub>9</sub>	1709.7742	b <sub>15</sub>
305.6209 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	523.7719 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	755.3509 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1139.5092	b <sub>10</sub>	1757.9028	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
306.1666 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	553.213	b <sub>4</sub>	757.8885 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1147.5841	y <sub>10</sub>	1855.8797	MH
327.1775	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	570.2583 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	790.8694 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1154.6164	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
347.1925	y <sub>3</sub>	574.2957 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	801.4045 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1246.6525	y <sub>11</sub>		
355.1551 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	577.8118 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	806.4023 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1252.5933	b <sub>11</sub>		

MS/MS Fragmentation of GLsASTMDLSSSS  
 Found in IPI00743879, kinesin-like 8 isoform b



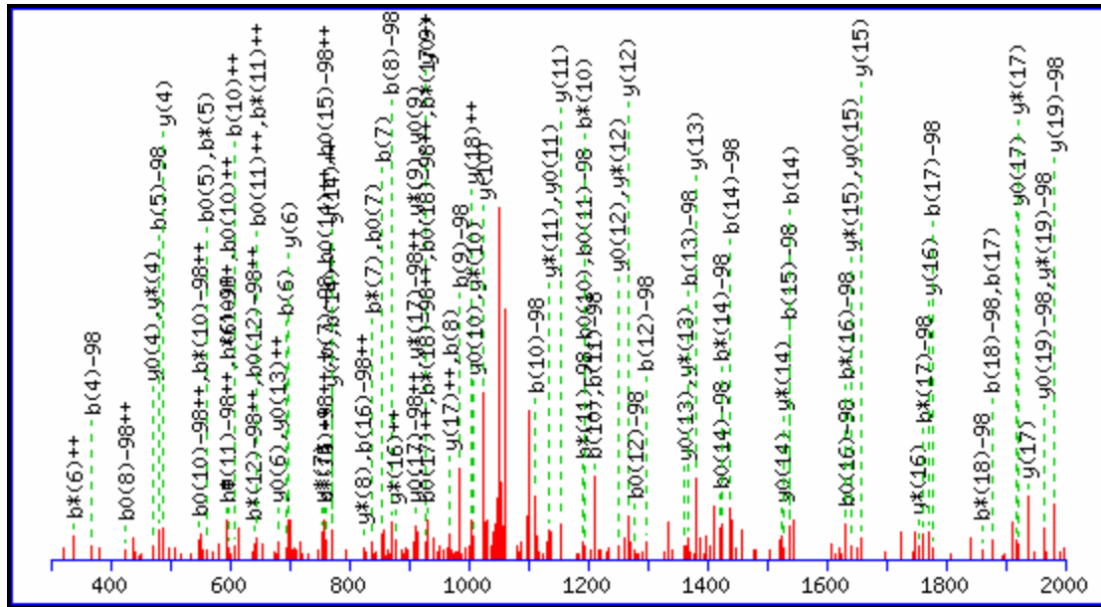
106.0499	y <sub>1</sub>	398.2034	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	726.2974	y <sub>7</sub>	956.3795	b <sub>9</sub>	1167.5198	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
171.1128	b <sub>2</sub>	409.1483	b <sub>4</sub>	728.2685	b <sub>7</sub>	985.4143	y <sub>10</sub>	1217.4756	b <sub>12</sub>
193.0819	y <sub>2</sub>	480.23	y <sub>5</sub>	745.3185	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1032.4666	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1224.5413	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
240.1343	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	496.1803	b <sub>5</sub>	827.3451	y <sub>8</sub>	1043.4115	b <sub>10</sub>	1265.4967	y <sub>12</sub>
280.1139	y <sub>3</sub>	499.2511	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	843.2954	b <sub>8</sub>	1054.4357	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1322.5182	MH
311.1714	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	595.257	y <sub>6</sub>	858.4026	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1119.4987	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
338.1112	b <sub>3</sub>	597.228	b <sub>6</sub>	914.3772	y <sub>9</sub>	1130.4435	b <sub>11</sub>		
367.146	y <sub>4</sub>	630.2916	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	945.4346	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1152.4126	y <sub>11</sub>		

MS/MS Fragmentation of AAsLNLYLNQPSAAPLQVSR  
 Found in IPI00743879, kinesin-like 8 isoform b



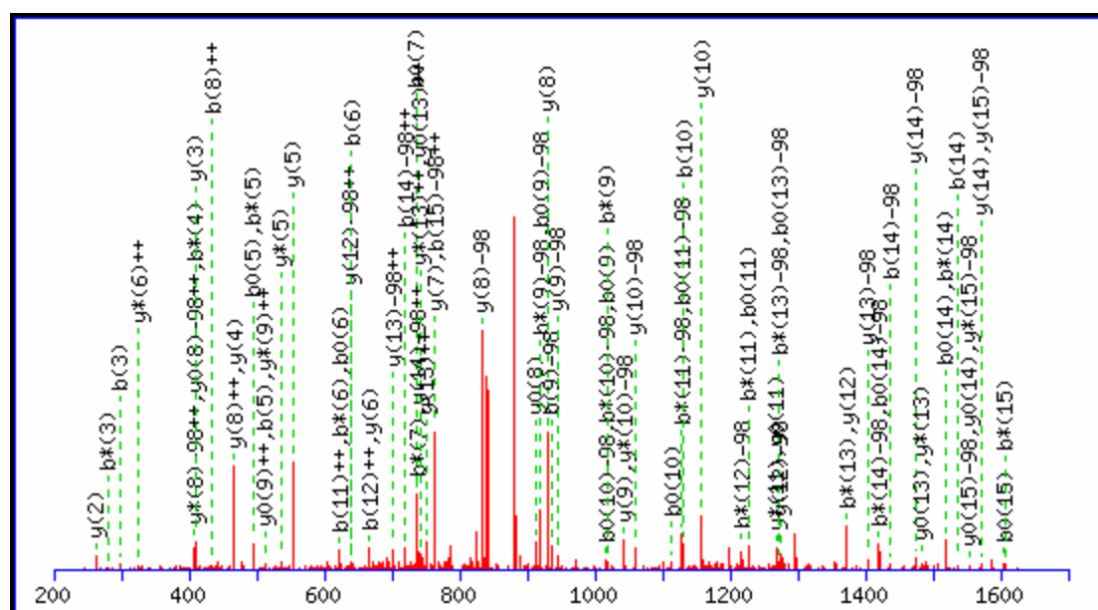
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	439.23	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	829.4203	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1141.5636	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1657.8656	y <sub>15</sub>
131.5791 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	464.7642 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	829.4365 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1152.5085	b <sub>10</sub>	1719.8102	b <sub>16</sub>
143.0815	b <sub>2</sub>	489.278	y <sub>4</sub>	841.489	y <sub>8</sub>	1153.6324	y <sub>11</sub>	1720.9017	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	513.2905 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	885.9785 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1212.6008	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1770.9497	y <sub>16</sub>
181.1133 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	537.2069	b <sub>5</sub>	920.4892 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1239.5405	b <sub>11</sub>	1807.9337	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
212.103	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	577.3198 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	927.3972	b <sub>8</sub>	1267.6753	y <sub>12</sub>	1818.8786	b <sub>17</sub>
245.1426 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	602.2933	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	928.5211	y <sub>9</sub>	1283.6379	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1839.9712	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
262.151	y <sub>2</sub>	602.362	y <sub>5</sub>	956.0078 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1310.5777	b <sub>12</sub>	1905.9106	b <sub>18</sub>
301.6847 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	634.3413 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	957.4789	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1380.6906	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1911.0083	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
310.0799	b <sub>3</sub>	690.8833 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	969.4777 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1380.7594	y <sub>13</sub>	1937.9481	y <sub>17</sub>
325.187	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	699.4148	y <sub>6</sub>	991.5263 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1381.6148	b <sub>13</sub>	1982.0454	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
350.2110 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	700.2702	b <sub>6</sub>	1004.9962 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1478.6675	b <sub>14</sub>	2008.9852	y <sub>18</sub>
361.2194	y <sub>3</sub>	715.3774	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1025.5738	y <sub>10</sub>	1493.7747	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2080.0223	MH
385.7296 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	770.4519	y <sub>7</sub>	1040.5148 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1543.8227	y <sub>14</sub>		
421.2482 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	772.4150 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1054.5316	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1591.7516	b <sub>15</sub>		
423.1639	b <sub>4</sub>	813.3542	b <sub>7</sub>	1055.4558	b <sub>9</sub>	1621.8333	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

MS/MS Fragmentation of RAAsLNYLNQPSAAPLQVSR  
 Found in IPI00743879, kinesin-like 8 isoform b



88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	436.2429 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	720.3731 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	985.5214	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1543.8227	y <sub>14</sub>
114.5764 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	464.7642 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	733.8430 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	987.9935 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1634.7686	b <sub>15</sub>
131.5791 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	466.181	b <sub>4</sub>	758.3944	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	991.5263 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1649.8758	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
150.0949 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	481.2881	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	768.8995 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1004.9962 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1657.8656	y <sub>15</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	485.2313 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	769.3616 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1025.5738	y <sub>10</sub>	1747.8527	b <sub>16</sub>
181.1133 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	489.278	y <sub>4</sub>	770.4519	y <sub>7</sub>	1031.5095 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1770.9497	y <sub>16</sub>
184.6057 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	493.2643 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	772.4150 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1040.5148 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1777.9344	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
228.1455	b <sub>2</sub>	513.2905 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	817.8880 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1069.5769 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1839.9712	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
233.5941 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	542.2528 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	825.4415 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1083.4983	b <sub>9</sub>	1875.9113	b <sub>17</sub>
241.1477 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	557.2936 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	829.4365 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1113.58	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1877.0028	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
245.1426 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	577.3198 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	841.489	y <sub>8</sub>	1118.5653 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1911.0083	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
262.151	y <sub>2</sub>	579.265	b <sub>5</sub>	856.3713	b <sub>7</sub>	1153.6324	y <sub>11</sub>	1937.9481	y <sub>17</sub>
290.1362 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	595.3311	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	871.4785	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1210.6327	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1964.0348	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
298.1692 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	602.362	y <sub>5</sub>	874.4300 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1211.5569	b <sub>10</sub>	1974.9797	b <sub>18</sub>
299.1826	b <sub>3</sub>	605.8200 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	885.9785 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1267.6753	y <sub>12</sub>	1982.0454	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
301.6847 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	606.2821 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	889.4708 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1297.6648	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2008.9852	y <sub>18</sub>
347.1576 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	634.3413 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	920.4892 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1308.6096	b <sub>11</sub>	2062.0117	b <sub>19</sub>
350.2110 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	649.3360 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	928.5211	y <sub>9</sub>	1368.7019	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2080.0223	y <sub>19</sub>
361.2194	y <sub>3</sub>	654.8085 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	938.4593 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1380.7594	y <sub>13</sub>	2138.1465	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
368.2041	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	684.8546 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	939.0050 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1395.6417	b <sub>12</sub>	2236.1234	MH
379.7008 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	690.8833 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	956.0078 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1439.739	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
385.7296 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	693.308	b <sub>6</sub>	969.4554	b <sub>8</sub>	1466.6788	b <sub>13</sub>		
421.2482 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	698.3245 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	969.4777 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1536.7918	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
428.6893 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	699.4148	y <sub>6</sub>	982.5211 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1537.7159	b <sub>14</sub>		

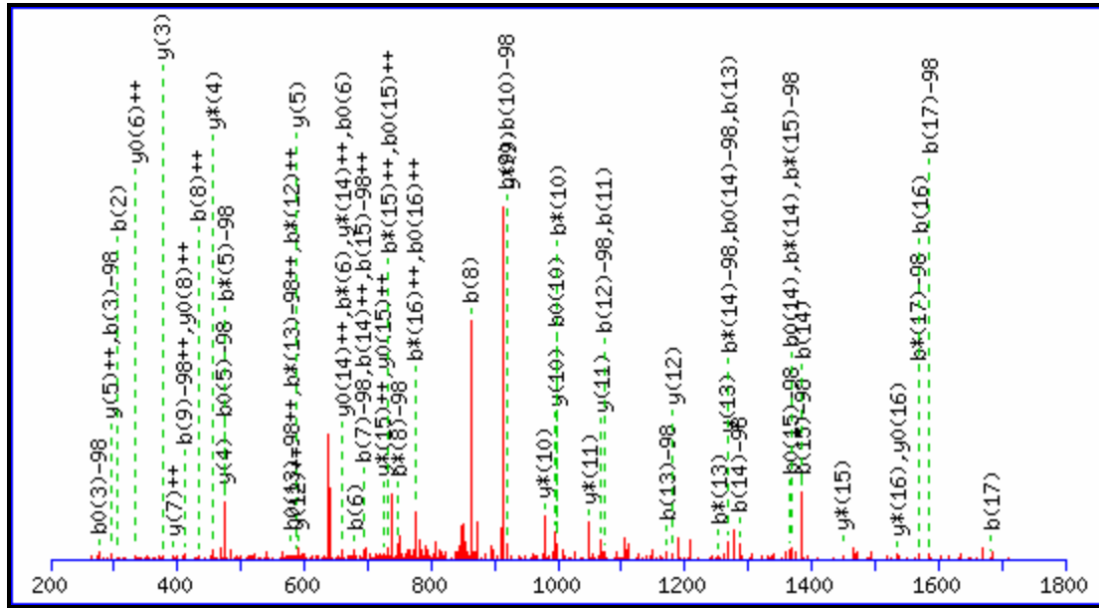
MS/MS Fragmentation of QPAQSQNLsPLSGFSR  
 Found in IPI00515042, cingulin



88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	466.2409	y <sub>4</sub>	750.8458 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1043.4921	y <sub>9</sub>	1437.7121	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
131.5791 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	473.2613 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	754.3478	b <sub>7</sub>	1059.5582	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1473.7445	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	512.2463	b <sub>5</sub>	763.4097	y <sub>7</sub>	1131.483	b <sub>10</sub>	1500.6842	y <sub>13</sub>
205.1133 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	522.2497 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	785.9023 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1146.5902	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1524.7441	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
226.1186	b <sub>2</sub>	530.2827 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	786.3643 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1157.5351	y <sub>10</sub>	1535.689	b <sub>14</sub>
233.6241 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	553.2729	y <sub>5</sub>	832.4312	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1187.6167	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1570.7972	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
262.151	y <sub>2</sub>	579.2712 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	834.8907 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1233.6222	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1571.7214	y <sub>14</sub>
277.1401 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	594.3120 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	849.9315 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1244.5671	b <sub>11</sub>	1622.721	b <sub>15</sub>
297.1557	b <sub>3</sub>	637.8280 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	867.4319	b <sub>8</sub>	1274.6488	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1668.7741	y <sub>15</sub>
333.6821 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	640.3049	b <sub>6</sub>	898.9200 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1285.5936	y <sub>11</sub>	1698.8558	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
382.2085 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	643.3005 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	930.4081	y <sub>8</sub>	1290.6437	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1796.8327	MH
409.2194	y <sub>3</sub>	666.357	y <sub>6</sub>	936.4534	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1331.5991	b <sub>12</sub>		
416.7192 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	686.8165 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	945.5152	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1372.6257	y <sub>12</sub>		
425.2143	b <sub>4</sub>	701.8573 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1033.5061	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1388.6206	b <sub>13</sub>		
465.7077 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	737.3759 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1034.4303	b <sub>9</sub>	1402.7074	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

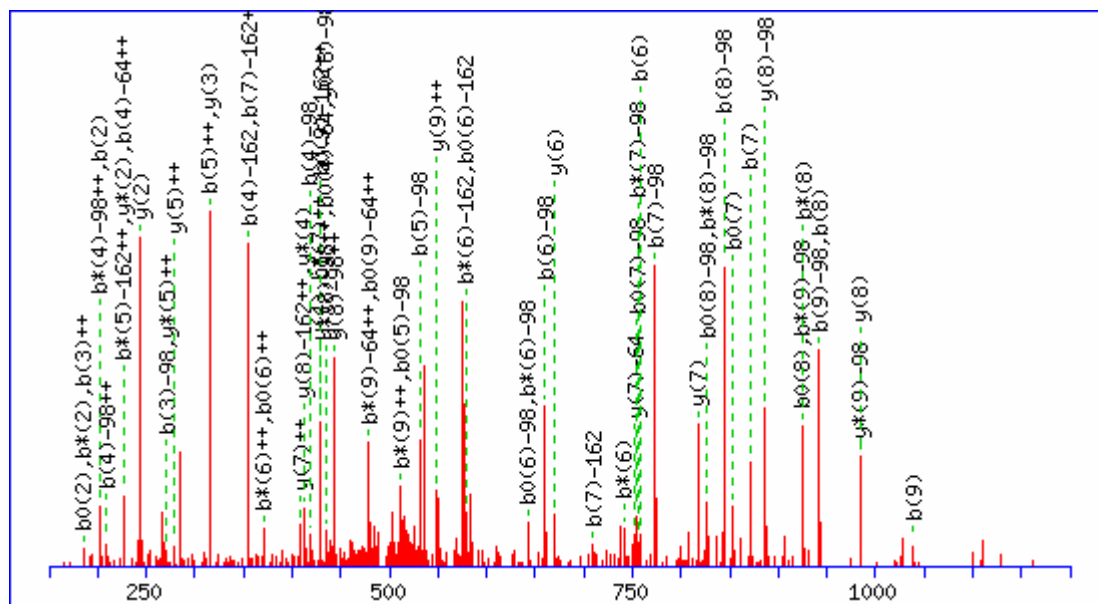


MS/MS Fragmentation of sHSQASLAGPGPVDPNSR  
 Found in IPI00515042, cingulin



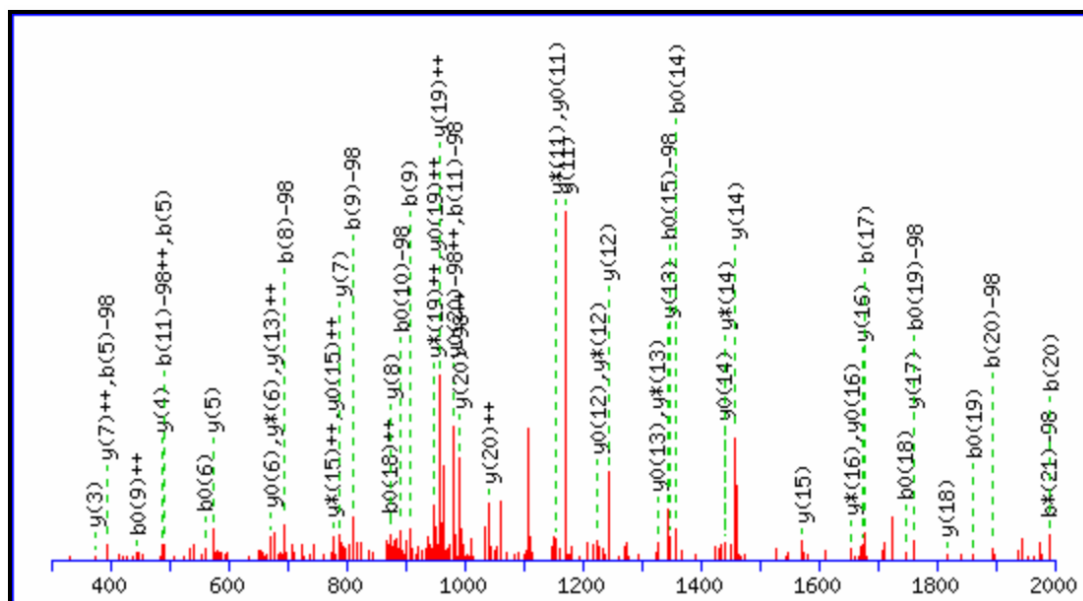
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	347.1694 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	537.2242 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	784.3948	y <sub>7</sub>	1171.5854	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
104.0475 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	376.1939	y <sub>3</sub>	580.2474	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	784.8407 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1179.6117	y <sub>12</sub>
145.0846 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	382.6879 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	585.7506 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	791.3084	b <sub>7</sub>	1266.6437	y <sub>13</sub>
147.5635 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	392.0966	b <sub>3</sub>	586.2964 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	792.8737 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1269.5623	b <sub>13</sub>
153.0359 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	392.7010 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	588.2736	y <sub>5</sub>	821.39	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1286.6124	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	396.1578 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	590.3095 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	841.4163	y <sub>8</sub>	1337.6808	y <sub>14</sub>
188.6006 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	411.1987 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	591.1923	b <sub>5</sub>	841.8621 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1383.6652	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
196.5519 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	421.2118 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	633.8255 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	845.4188 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1384.5893	b <sub>14</sub>
207.0877	b <sub>2</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	422.1783	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	635.2848 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	862.3455	b <sub>8</sub>	1465.7394	y <sub>15</sub>
211.5928 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	431.6764 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	643.8098 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	879.9295 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1470.6972	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
237.1270 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	459.7250 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	669.3440 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	918.4428	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1481.642	b <sub>15</sub>
247.1113 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	460.1871 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	678.2243	b <sub>6</sub>	919.3669	b <sub>9</sub>	1552.7714	y <sub>16</sub>
260.5812 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	469.7381 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	687.342	y <sub>6</sub>	928.9180 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1568.6741	b <sub>16</sub>
289.1619	y <sub>2</sub>	473.2467	y <sub>4</sub>	692.3362 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	938.469	y <sub>9</sub>	1584.7401	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
290.6273 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	488.2358 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	692.7983 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	975.4643	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1682.717	b <sub>17</sub>
294.1197	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	493.2154	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	693.3315	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	995.4905	y <sub>10</sub>	1689.8303	y <sub>17</sub>
294.6404 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	498.2489 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	733.3733 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1016.4197	b <sub>10</sub>	1758.8518	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
296.0998 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	508.7135 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	735.8522 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1066.5276	y <sub>11</sub>	1856.8287	MH
305.0645	b <sub>2</sub>	520.1552	b <sub>4</sub>	741.3247 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1072.517	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
339.6158 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	533.7674 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	764.3686	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1073.4412	b <sub>11</sub>		
344.1747 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	536.7622 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	776.8893 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1170.4939	b <sub>12</sub>		

MS/MS Fragmentation of SNsmLELAPK  
 Found in IPI00515042, cingulin



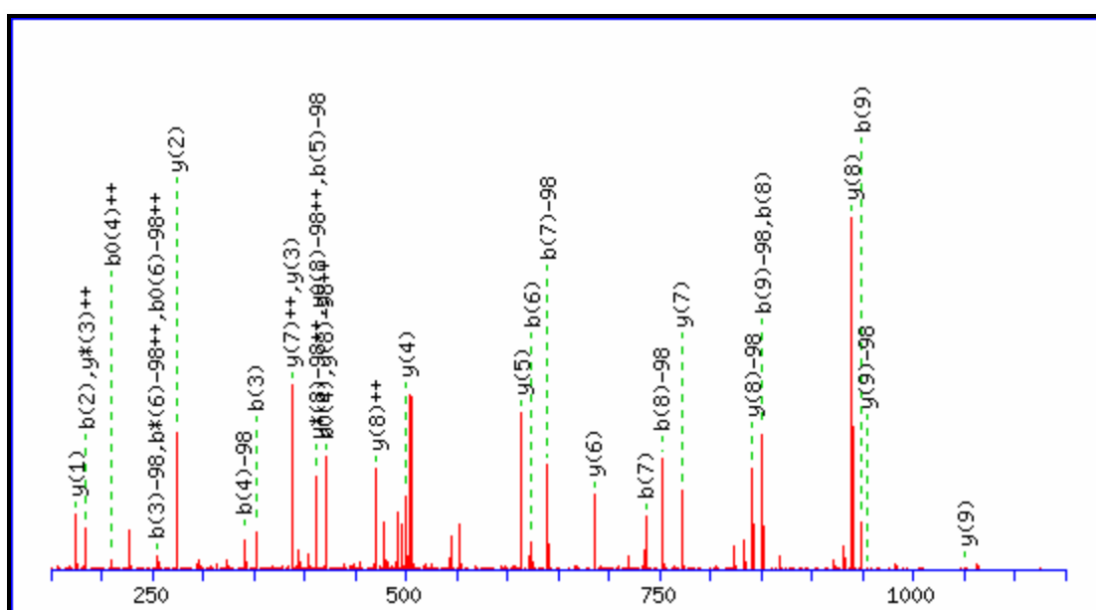
74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	315.2027	y <sub>3</sub>	516.116	b <sub>4</sub>	758.2426	b <sub>6</sub>	1000.5132	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
122.5864 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	335.7103 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	531.2232	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	773.3498	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1039.4166	b <sub>9</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	369.0806	b <sub>3</sub>	544.2762 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	817.4488	y <sub>7</sub>	1087.5452	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
158.1050 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	409.2280 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	549.7487 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	844.3869	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1098.4901	y <sub>9</sub>
202.0822	b <sub>2</sub>	418.1391	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	557.3293	y <sub>5</sub>	871.3267	b <sub>7</sub>	1185.5221	MH
214.6470 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	428.2867	y <sub>4</sub>	593.2647 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	886.4703	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
244.1656	y <sub>2</sub>	443.7388 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	629.2001	b <sub>5</sub>	941.4397	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
271.1037	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	492.7272 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	660.2658	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	942.3638	b <sub>8</sub>		
279.1683 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	500.7602 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	670.4134	y <sub>6</sub>	984.4472	y <sub>8</sub>		

MS/MS Fragmentation of VAsPGSTIDTAPLSSVDSLIN  
 Found in IPI00515042, cingulin



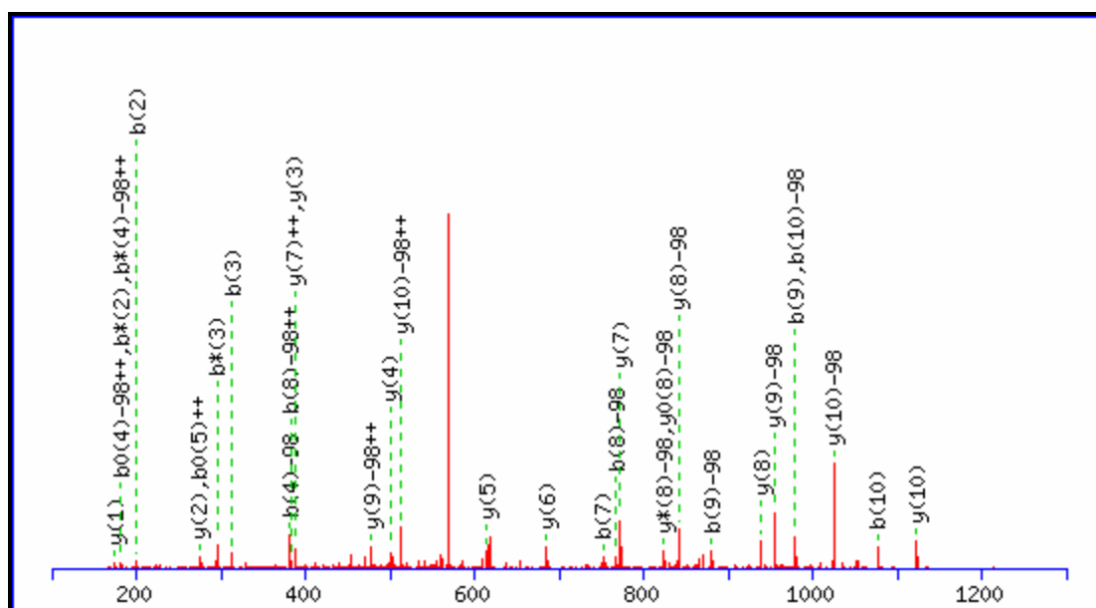
74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	481.7613 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	837.4514 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1126.5565 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1678.7571	b <sub>17</sub>
131.0815 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	487.3239	y <sub>4</sub>	875.4833	y <sub>8</sub>	1172.6521	y <sub>11</sub>	1760.9276	y <sub>17</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	492.1854	b <sub>5</sub>	880.9675 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1177.5137	b <sub>12</sub>	1765.7892	b <sub>18</sub>
171.1128	b <sub>2</sub>	538.3033 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	908.3761	b <sub>9</sub>	1192.6208	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1780.8963	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
187.6235 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	574.3559	y <sub>5</sub>	909.4782 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1243.6892	y <sub>12</sub>	1817.9491	y <sub>18</sub>
240.1343	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	579.2174	b <sub>6</sub>	911.4469	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1279.6529	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1878.8732	b <sub>19</sub>
244.1656 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	582.2882	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	958.0046 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1290.5977	b <sub>13</sub>	1893.9804	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
261.1557	y <sub>2</sub>	586.8297 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	962.5153	y <sub>9</sub>	1344.7369	y <sub>13</sub>	1915.0019	y <sub>19</sub>
287.6816 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	622.3483 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	982.484	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1366.6849	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1984.0233	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
337.187	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	672.8721 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	992.5153 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1377.6298	b <sub>14</sub>	1991.9573	b <sub>20</sub>
338.1112	b <sub>3</sub>	680.2651	b <sub>7</sub>	1009.4238	b <sub>10</sub>	1459.7639	y <sub>14</sub>	2008.0233	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
345.1951 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	689.3828	y <sub>6</sub>	1028.0339 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1464.6618	b <sub>15</sub>	2055.0604	y <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
374.2398	y <sub>3</sub>	695.3723	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1041.5037 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1465.7533	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2082.0002	y <sub>20</sub>
394.2085	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	730.3856 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1075.5994	y <sub>10</sub>	1563.7302	b <sub>16</sub>	2106.0002	b <sub>21</sub>
394.7293 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	786.9276 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1077.0223 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1572.8479	y <sub>15</sub>	2153.0373	y <sub>21</sub>
435.1639	b <sub>4</sub>	788.4512	y <sub>7</sub>	1077.5681 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1580.7802	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2154.1289	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
438.2453 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	793.3492	b <sub>8</sub>	1079.5368	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1667.8123	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2252.1057	MH
481.2405	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	810.3992	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1080.4609	b <sub>11</sub>	1673.8956	y <sub>16</sub>		

MS/MS Fragmentation of AIsSANLLVR  
 Found in IPI00167909, echinoderm microtubule associated protein like 3



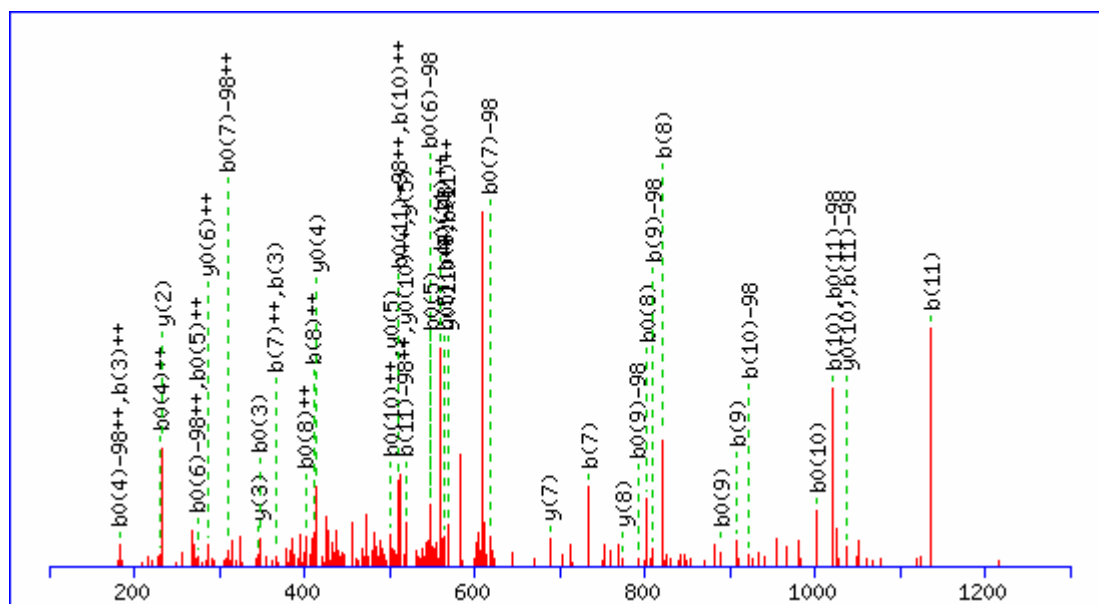
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	341.1819	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	477.7902 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	639.3461	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	949.4754	b <sub>9</sub>
137.5973 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	343.2214 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	500.3555	y <sub>4</sub>	685.4355	y <sub>6</sub>	954.5731	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	352.1268	b <sub>3</sub>	510.196	b <sub>5</sub>	737.3229	b <sub>7</sub>	1025.6102	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
185.1285	b <sub>2</sub>	386.7374 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	513.3087 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	752.4301	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1052.55	y <sub>9</sub>
194.1394 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	387.2714	y <sub>3</sub>	526.262	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	772.4676	y <sub>7</sub>	1123.5871	MH
250.6814 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	412.2191	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	526.7786 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	841.489	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
254.1499	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	421.2482 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	562.2972 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	850.407	b <sub>8</sub>		
274.1874	y <sub>2</sub>	439.1588	b <sub>4</sub>	614.3984	y <sub>5</sub>	851.4985	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
307.7028 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	470.2366 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	624.2389	b <sub>6</sub>	939.4659	y <sub>8</sub>		

MS/MS Fragmentation of KAIsSANLLVR  
 Found in IPI00167909, echinoderm microtubule associated protein like 3



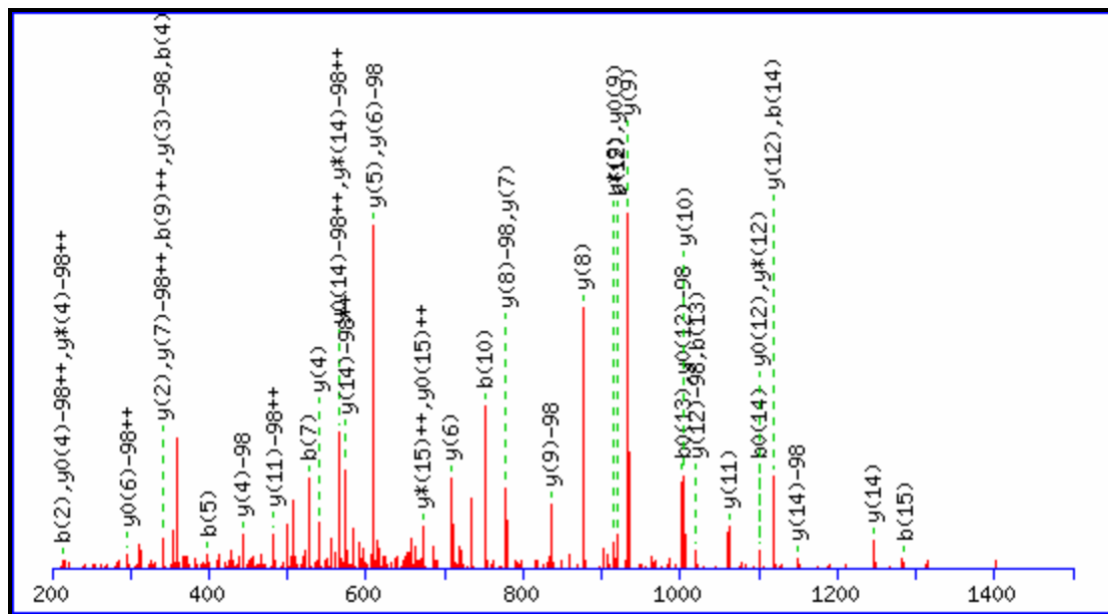
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	284.1305 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	440.7662 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	567.2538	b <sub>5</sub>	939.4659	y <sub>8</sub>
100.5733 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	307.7028 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	469.2769	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	577.3562 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	954.5731	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
137.5973 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	313.2234	b <sub>3</sub>	470.2366 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	614.3984	y <sub>5</sub>	978.502	b <sub>9</sub>
157.1153 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	319.6491 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	477.7902 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	626.3447 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	979.5935	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	327.6821 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	480.2218	b <sub>4</sub>	638.2909	b <sub>6</sub>	1025.6102	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
191.6261 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	343.2214 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	489.7546 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	654.357	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1052.55	y <sub>9</sub>
194.1394 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	376.6706 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	490.3004 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	685.4355	y <sub>6</sub>	1077.5704	b <sub>10</sub>
200.1394	b <sub>2</sub>	382.2449	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	500.3555	y <sub>4</sub>	752.3338	b <sub>7</sub>	1123.5871	y <sub>10</sub>
235.1421 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	384.2241 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	513.3087 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	767.441	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1153.7052	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
240.6145 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	386.7374 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	526.7786 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	772.4676	y <sub>7</sub>	1251.6821	MH
250.6814 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	387.2714	y <sub>3</sub>	539.2888 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	841.489	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
270.6606 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	421.2482 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	540.314	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	865.4179	b <sub>8</sub>		
274.1874	y <sub>2</sub>	433.2126 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	562.2972 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	880.5251	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

MS/MS Fragmentation of TPsLSPASSLDV  
 Found in IPI00167909, echinoderm microtubule associated protein like 3



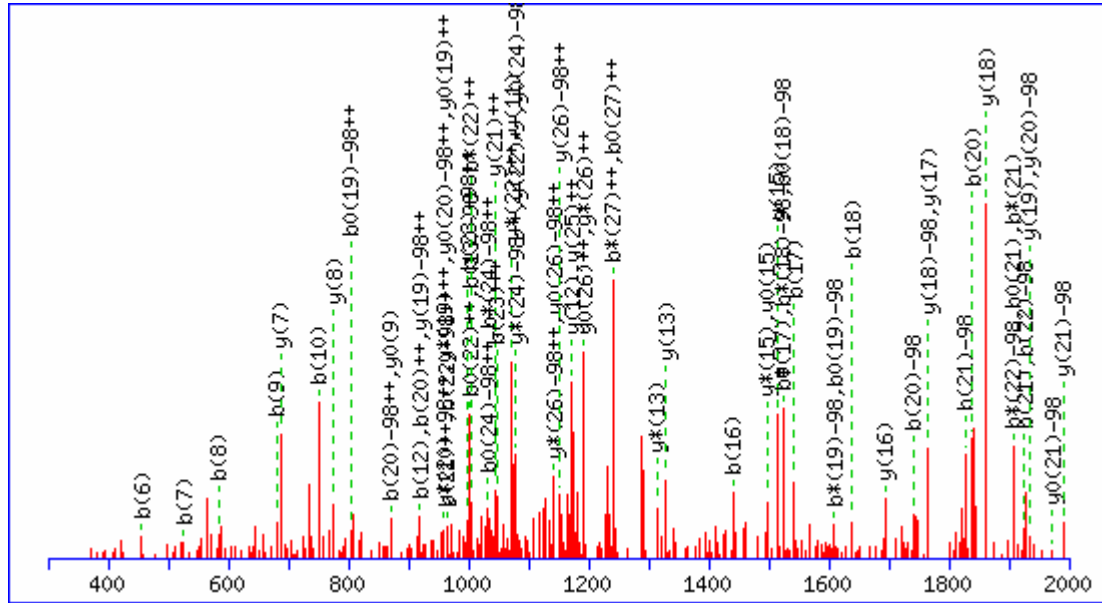
118.0863	y <sub>1</sub>	433.2293	y <sub>4</sub>	636.3352	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	821.3441	b <sub>8</sub>	1054.5415	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
199.1077	b <sub>2</sub>	468.2453	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	663.2749	b <sub>6</sub>	888.4673	y <sub>9</sub>	1055.4656	y <sub>10</sub>
233.1132	y <sub>2</sub>	479.1901	b <sub>4</sub>	688.3512	y <sub>7</sub>	908.3761	b <sub>9</sub>	1136.4871	b <sub>11</sub>
268.1292	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	520.2613	y <sub>5</sub>	723.3672	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	923.4833	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1152.5184	y <sub>11</sub>
346.1973	y <sub>3</sub>	565.298	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	734.312	b <sub>7</sub>	957.4888	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1155.5892	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
366.1061	b <sub>3</sub>	566.2222	b <sub>5</sub>	775.3832	y <sub>8</sub>	1021.4602	b <sub>10</sub>	1253.5661	MH
381.2132	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	591.2984	y <sub>6</sub>	810.3992	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1038.5102	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

MS/MS Fragmentation of VLGAGGAGPAPATPsR  
 Found in IPI00167909, echinoderm microtubule associated protein like 3



88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	341.2183	b <sub>4</sub>	513.278	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	681.3678	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1061.4775	y <sub>11</sub>
122.5738 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	342.1173	y <sub>2</sub>	526.2984	b <sub>7</sub>	708.3076	y <sub>6</sub>	1091.5592	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
171.1002 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	354.6575 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	531.2424 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	729.8587 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1117.6	b <sub>14</sub>
171.5623 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	389.7139 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	540.2178	y <sub>4</sub>	751.4097	b <sub>10</sub>	1118.499	y <sub>12</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	390.1760 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	546.2833 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	778.4206	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1148.5807	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
213.1598	b <sub>2</sub>	398.2398	b <sub>5</sub>	559.7531 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	779.3447	y <sub>7</sub>	1186.6215	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
220.0887 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	418.2247 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	574.7940 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	835.4421	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1189.5361	y <sub>13</sub>
221.6241 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	438.7024 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	583.3198	b <sub>8</sub>	848.4625	b <sub>11</sub>	1246.5576	y <sub>14</sub>
244.1404	y <sub>2</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	439.1701	y <sub>3</sub>	595.2717 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	876.3975	y <sub>8</sub>	1261.6648	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
257.1426 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	442.2409	y <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	610.3307	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	906.4792	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1284.5984	b <sub>15</sub>
270.1812	b <sub>3</sub>	453.7432 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	611.2549	y <sub>5</sub>	919.4996	b <sub>12</sub>	1359.6417	y <sub>15</sub>
270.6125 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	455.2613	b <sub>6</sub>	623.7824 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	933.419	y <sub>9</sub>	1360.7332	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
305.6690 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	467.2131 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	631.3360 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	963.5007	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1458.7101	MH
306.1311 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	482.2540 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	680.3245 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1004.4561	y <sub>10</sub>		
341.1876 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	502.7317 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	680.3726	b <sub>9</sub>	1020.5221	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
341.1932	y <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	510.7647 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	680.8702 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1020.5473	b <sub>13</sub>		

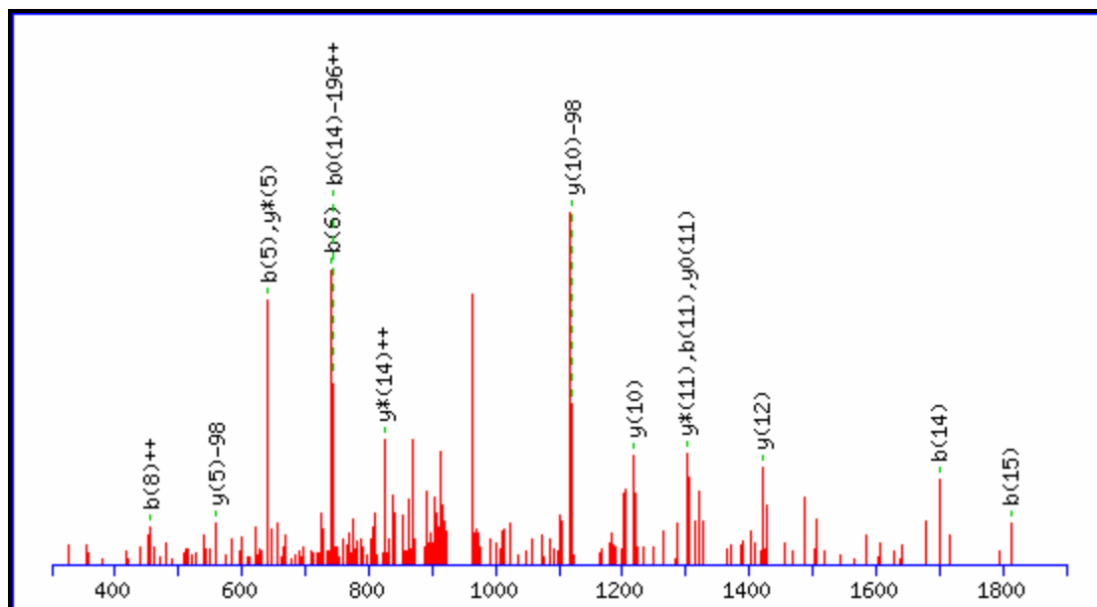
MS/MS Fragmentation of VLGAGGAGPAPAtPSRTPSLSPASSLDV  
 Found in IPI00167909, echinoderm microtubule associated protein like 3



118.0863	y <sub>1</sub>	819.9036 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1047.5226 <sup>+2</sup>	b <sub>23</sub> <sup>+2</sup>	1307.1496 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1996.061	b <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
213.1598	b <sub>2</sub>	834.4336 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1059.5449 <sup>+2</sup>	y <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1329.7009	y <sub>13</sub>	2023.0008	b <sub>22</sub>
233.1132	y <sub>2</sub>	847.9035 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1072.5521	y <sub>11</sub>	1342.7226	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2030.9794	y <sub>20</sub>
270.1812	b <sub>3</sub>	848.4625	b <sub>11</sub>	1080.0226 <sup>+2</sup>	y <sub>22</sub> <sup>+2</sup>	1416.7329	y <sub>14</sub>	2061.0611	y <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
341.2183	b <sub>4</sub>	863.4196 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1085.5662 <sup>+2</sup>	b <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1440.6995	b <sub>16</sub>	2083.0931	b <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
346.1973	y <sub>3</sub>	870.9732 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1088.0557 <sup>+2</sup>	y <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1443.7703	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2088.0009	y <sub>21</sub>
398.2398	b <sub>5</sub>	882.9600 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1091.0386 <sup>+2</sup>	b <sub>24</sub> <sup>+2</sup>	1513.7857	y <sub>15</sub>	2094.0379	b <sub>23</sub>
433.2293	y <sub>4</sub>	883.4220 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1099.5895	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1540.8231	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2118.0826	y <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
455.2613	b <sub>6</sub>	888.4673	y <sub>9</sub>	1100.5136	b <sub>13</sub>	1541.7472	b <sub>17</sub>	2159.038	y <sub>22</sub>
520.2613	y <sub>5</sub>	914.4892 <sup>+2</sup>	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1108.5334 <sup>+2</sup>	y <sub>23</sub> <sup>+2</sup>	1596.8228	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2170.1251	b <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
526.2984	b <sub>7</sub>	918.4785 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1123.5742 <sup>+2</sup>	y <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1627.8551	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2175.104	y <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
583.3198	b <sub>8</sub>	919.4996	b <sub>12</sub>	1134.5546 <sup>+2</sup>	b <sub>25</sub> <sup>+2</sup>	1638.7999	b <sub>18</sub>	2181.07	b <sub>24</sub>
591.2984	y <sub>6</sub>	919.9617 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1137.0441 <sup>+2</sup>	y <sub>24</sub> <sup>+2</sup>	1667.8599	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2216.0595	y <sub>23</sub>
665.3541 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	931.9484 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1142.1082 <sup>+2</sup>	b <sub>26</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1694.7997	y <sub>16</sub>	2246.1412	y <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
671.8649 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	963.0156 <sup>+2</sup>	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1152.0849 <sup>+2</sup>	y <sub>26</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1725.832	b <sub>19</sub>	2268.102	b <sub>25</sub>
680.3726	b <sub>9</sub>	963.4777 <sup>+2</sup>	b <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1172.5627 <sup>+2</sup>	y <sub>25</sub> <sup>+2</sup>	1740.9391	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2273.0809	y <sub>24</sub>
688.3512	y <sub>7</sub>	967.0049 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1173.5998	y <sub>12</sub>	1764.9127	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2283.2092	b <sub>26</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
708.8701 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	967.4670 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1186.6215	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1765.8368	y <sub>17</sub>	2303.1626	y <sub>26</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
720.8534 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	975.4993	y <sub>10</sub>	1191.0967 <sup>+2</sup>	b <sub>26</sub> <sup>+2</sup>	1827.9712	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2344.118	y <sub>25</sub>
722.3888 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	995.5156 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1197.5664	b <sub>14</sub>	1835.9498	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2381.1861	b <sub>26</sub>
751.4097	b <sub>10</sub>	998.5342 <sup>+2</sup>	b <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1199.6217 <sup>+2</sup>	b <sub>27</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1838.916	b <sub>20</sub>	2398.2361	b <sub>27</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
757.3965 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1002.5367	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1201.0734 <sup>+2</sup>	y <sub>26</sub> <sup>+2</sup>	1862.8895	y <sub>18</sub>	2401.1395	y <sub>26</sub>
770.9152 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1012.0041 <sup>+2</sup>	b <sub>22</sub> <sup>+2</sup>	1208.6270 <sup>+2</sup>	y <sub>27</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1925.0239	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2416.2467	y <sub>27</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
771.3772 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1015.9934 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1248.6101 <sup>+2</sup>	b <sub>27</sub> <sup>+2</sup>	1925.9481	b <sub>21</sub>	2496.213	b <sub>27</sub>
775.3832	y <sub>8</sub>	1031.0342 <sup>+2</sup>	y <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1257.6154 <sup>+2</sup>	y <sub>27</sub> <sup>+2</sup>	1933.0025	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2514.2236	y <sub>27</sub>
798.9150 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1042.0502 <sup>+2</sup>	b <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1258.1612 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1933.9267	y <sub>19</sub>	2515.3151	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
814.4312 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1044.5041 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1284.5984	b <sub>15</sub>	1990.024	y <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2613.292	MH

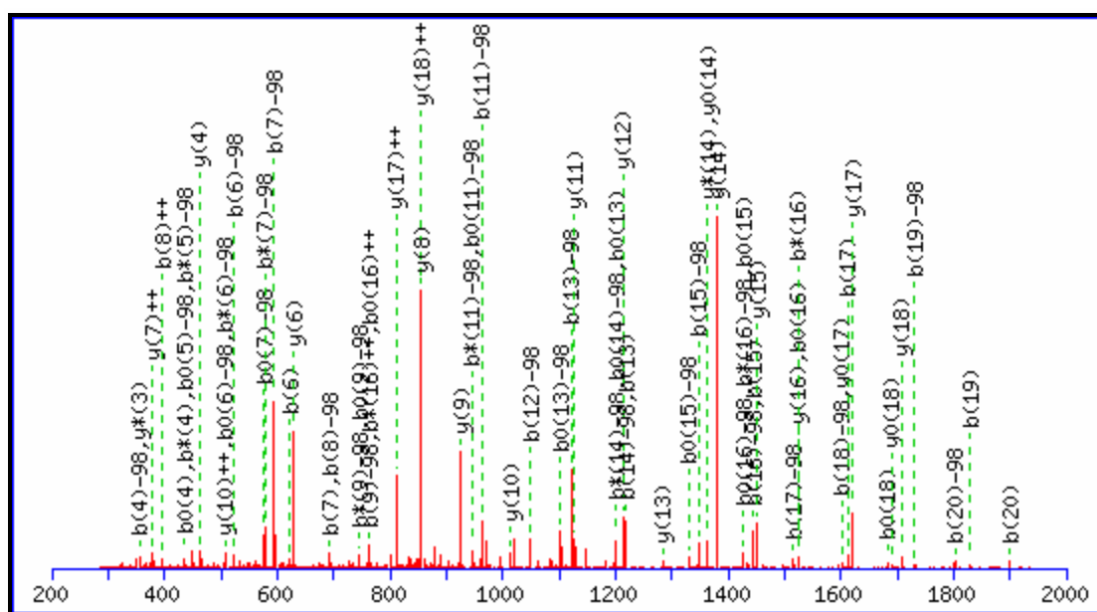


MS/MS Fragmentation of tLPFTTGLIYDsVMLK  
 Found in IPI00386808, HDAC7A protein



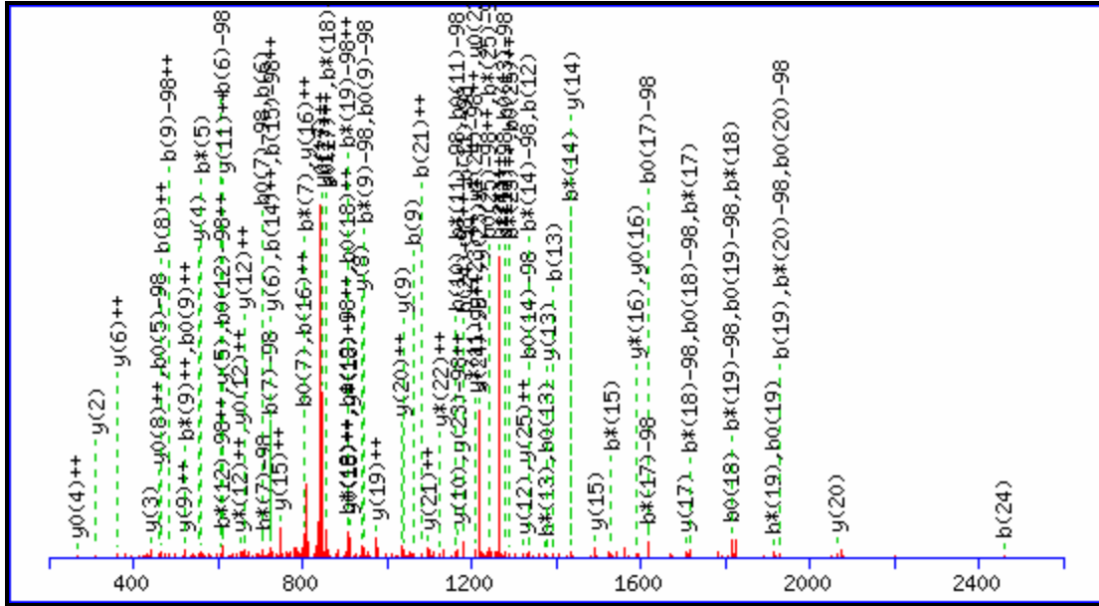
74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	475.7544 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	710.8433 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1024.5115	b <sub>9</sub>	1469.7709	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
130.6021 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	490.3058	y <sub>4</sub>	735.3891 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1048.4785	y <sub>8</sub>	1470.6916	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	524.7429 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	741.3219	b <sub>6</sub>	1063.5856	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1503.7552	b <sub>14</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
196.1223 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	532.2965 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	772.3311	y <sub>6</sub>	1089.5979	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1566.8236	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
197.1285	b <sub>2</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	539.2265	b <sub>4</sub>	783.9155 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1120.6071	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1567.7478	y <sub>13</sub>
245.6565 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	542.2973	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	784.3775 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1161.5625	y <sub>9</sub>	1568.6685	b <sub>13</sub>
260.1969	y <sub>2</sub>	559.3272	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	798.3433	b <sub>7</sub>	1187.5748	b <sub>10</sub>	1601.7321	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
280.1673 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	560.8072 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	813.4505	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1204.6249	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1616.8393	b <sub>15</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
294.1812	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	581.2849 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	832.9039 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1218.584	y <sub>10</sub>	1664.8005	y <sub>14</sub>
295.1053	b <sub>2</sub>	609.7956 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	837.4175	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1221.6548	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1679.9077	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
329.1557 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	611.3310 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	840.4575 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1273.6463	b <sub>12</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1699.709	b <sub>14</sub>
337.6807 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	640.2742	b <sub>5</sub>	889.4459 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1302.6017	b <sub>11</sub>	1714.8162	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
386.6692 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	643.345	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	911.4274	b <sub>8</sub>	1319.6317	y <sub>11</sub>	1777.8846	y <sub>15</sub>
391.2374	y <sub>3</sub>	657.3041	y <sub>5</sub>	926.5346	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1322.7025	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1812.7931	b <sub>15</sub>
392.1581	b <sub>3</sub>	660.3195 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	930.9645 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1371.6232	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1860.9217	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
419.2124 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	661.8549 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	935.3944	y <sub>7</sub>	1372.7147	b <sub>13</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1958.8986	MH
441.2496	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	674.3542	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	950.5016	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1420.6793	y <sub>12</sub>		
468.2008 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	700.3665	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	979.9529 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1469.6001	b <sub>12</sub>		

MS/MS Fragmentation of AQSPAAPASLSAPEPASQAR  
 Found in IPI00386808, HDAC7A protein



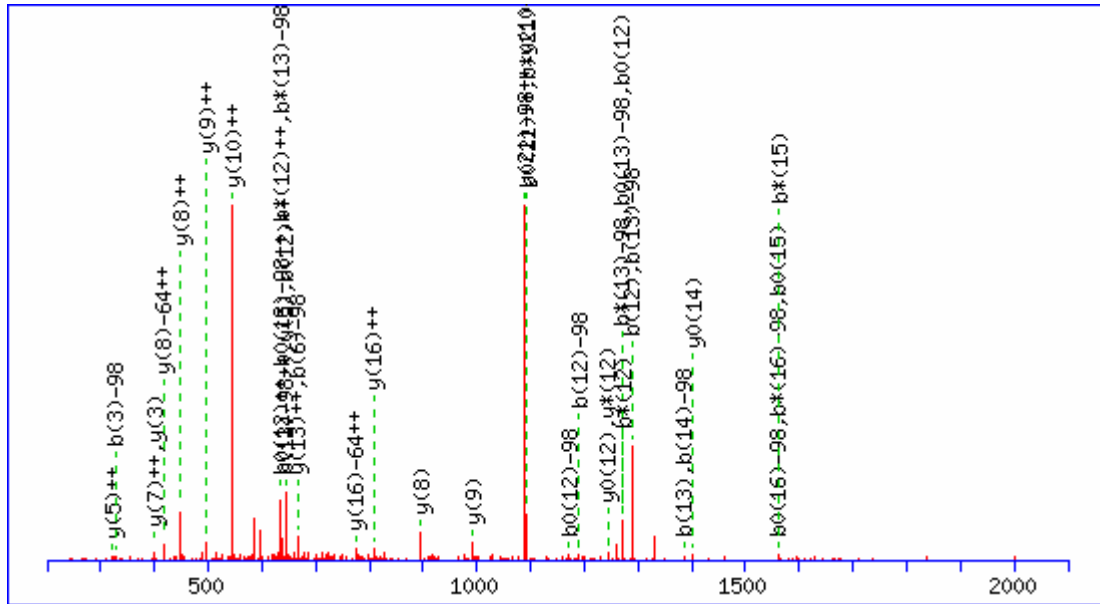
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	461.2467	y <sub>4</sub>	762.3943 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1037.4837 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1523.7812	y <sub>16</sub>
123.5817 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	463.7381 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	763.3733	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1050.5214	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1542.6836	b <sub>16</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	507.2542 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	790.3131	b <sub>8</sub>	1061.4663	b <sub>11</sub>	1602.7758	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
187.6110 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	524.2463	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	810.9206 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1121.5586	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1613.7207	b <sub>17</sub>
200.103	b <sub>2</sub>	532.2838	y <sub>5</sub>	850.4054	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1126.5851	y <sub>11</sub>	1620.834	y <sub>17</sub>
231.1270 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	551.1861	b <sub>5</sub>	854.4367 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1148.4983	b <sub>12</sub>	1700.7527	b <sub>18</sub>
246.1561	y <sub>2</sub>	563.7962 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	855.4319	y <sub>8</sub>	1213.6171	y <sub>12</sub>	1707.866	y <sub>18</sub>
266.6455 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	595.2835	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	861.3502	b <sub>9</sub>	1218.6113	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1730.8344	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
269.1244	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	607.3122 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	888.9474 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1219.5355	b <sub>13</sub>	1776.8875	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
315.1719 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	622.2232	b <sub>6</sub>	926.469	y <sub>9</sub>	1284.6543	y <sub>13</sub>	1801.8715	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
356.1565	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	629.3365	y <sub>6</sub>	937.9358 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1316.5882	b <sub>14</sub>	1828.8113	b <sub>19</sub>
367.1013	b <sub>3</sub>	642.8308 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	948.3823	b <sub>10</sub>	1347.6539	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1874.8644	y <sub>19</sub>
374.2146	y <sub>3</sub>	691.3571 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	952.9767 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1381.707	y <sub>14</sub>	1899.8484	b <sub>20</sub>
379.6932 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	692.3362	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	963.4894	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1444.7067	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1904.9461	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
428.2196 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	693.2603	b <sub>7</sub>	988.4952 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1445.6308	b <sub>15</sub>	1975.9832	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
453.2092	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	726.8757 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1001.9651 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1452.7441	y <sub>15</sub>	2002.923	y <sub>20</sub>
454.1334	b <sub>4</sub>	758.3791	y <sub>7</sub>	1013.501	y <sub>10</sub>	1515.7438	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2073.9601	MH

MS/MS Fragmentation of QIPsAEDLETDGGGPGQVVDDGLEHR  
 Found in IPI00386808, HDAC7A protein



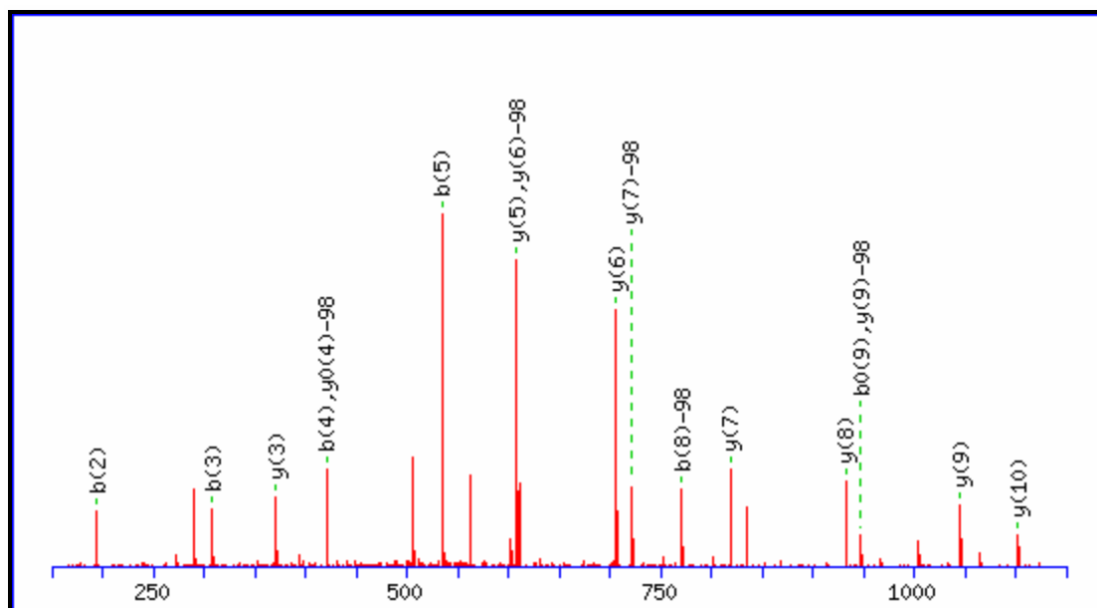
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	612.8020 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	1097.9960 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1386.1114 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	2065.9421	y <sub>20</sub>
156.5926 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	661.3284 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1133.5145 <sup>+2</sup>	y <sub>22</sub> <sup>+2</sup>	1393.5519	b <sub>13</sub>	2119.9414	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	689.8391 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1164.482	b <sub>10</sub>	1435.6924	y <sub>14</sub>	2160.8969	b <sub>21</sub>
221.1139 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	706.2807	b <sub>6</sub>	1167.5753	y <sub>10</sub>	1449.6492	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2194.9847	y <sub>21</sub>
242.1499	b <sub>2</sub>	718.3499 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1168.0253 <sup>+2</sup>	y <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1450.5734	b <sub>14</sub>	2217.9183	b <sub>22</sub>
277.6559 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	723.3308	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1181.5321	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1492.7139	y <sub>15</sub>	2233.0255	b <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
306.1666 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	726.3529	y <sub>6</sub>	1216.5517 <sup>+2</sup>	y <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1506.6707	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2266.0218	y <sub>22</sub>
312.1779	y <sub>2</sub>	746.8606 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1217.0137 <sup>+2</sup>	y <sub>23</sub> <sup>+2</sup>	1547.6261	b <sub>15</sub>	2331.0024	b <sub>23</sub>
339.2027	b <sub>3</sub>	804.3741 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1224.5967	y <sub>11</sub>	1604.6476	b <sub>16</sub>	2335.0433	y <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
363.6801 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	821.3077	b <sub>7</sub>	1238.5535	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1607.7408	y <sub>16</sub>	2362.0681	b <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
408.2241	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	836.4149	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1250.0671 <sup>+2</sup>	b <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1634.7293	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2432.0961	y <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
421.1936 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	841.3799	y <sub>7</sub>	1265.5401 <sup>+2</sup>	y <sub>24</sub> <sup>+2</sup>	1708.7885	y <sub>17</sub>	2433.0202	y <sub>23</sub>
441.2205	y <sub>3</sub>	854.8979 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1273.0937 <sup>+2</sup>	y <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1732.7062	b <sub>17</sub>	2460.045	b <sub>24</sub>
470.7278 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	919.4192 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1279.509	b <sub>11</sub>	1733.7977	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2499.127	b <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
479.2613	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	934.3918	b <sub>8</sub>	1295.575	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1831.7746	b <sub>18</sub>	2530.0729	y <sub>24</sub>
506.201	b <sub>4</sub>	940.4483	y <sub>8</sub>	1299.0556 <sup>+2</sup>	b <sub>25</sub> <sup>+2</sup>	1832.8661	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2545.1801	y <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
520.2620 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	965.4575	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1321.6495	y <sub>12</sub>	1837.8311	y <sub>18</sub>	2597.1039	b <sub>25</sub>
554.3045	y <sub>4</sub>	975.9612 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1322.0821 <sup>+2</sup>	y <sub>25</sub> <sup>+2</sup>	1930.843	b <sub>19</sub>	2643.157	y <sub>25</sub>
577.2382	b <sub>5</sub>	1033.4747 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1336.5304	b <sub>12</sub>	1947.893	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2673.2387	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
584.2913 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	1039.5167	y <sub>9</sub>	1337.1230 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1950.9152	y <sub>19</sub>	2771.2156	MH
608.3039	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1063.4343	b <sub>9</sub>	1352.5965	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2045.8699	b <sub>20</sub>		
611.326	y <sub>5</sub>	1066.5051	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1378.671	y <sub>13</sub>	2062.92	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

MS/MS Fragmentation of TRsEPLPPSATAPPPGPmQPR  
 Found in IPI00386808, HDAC7A protein



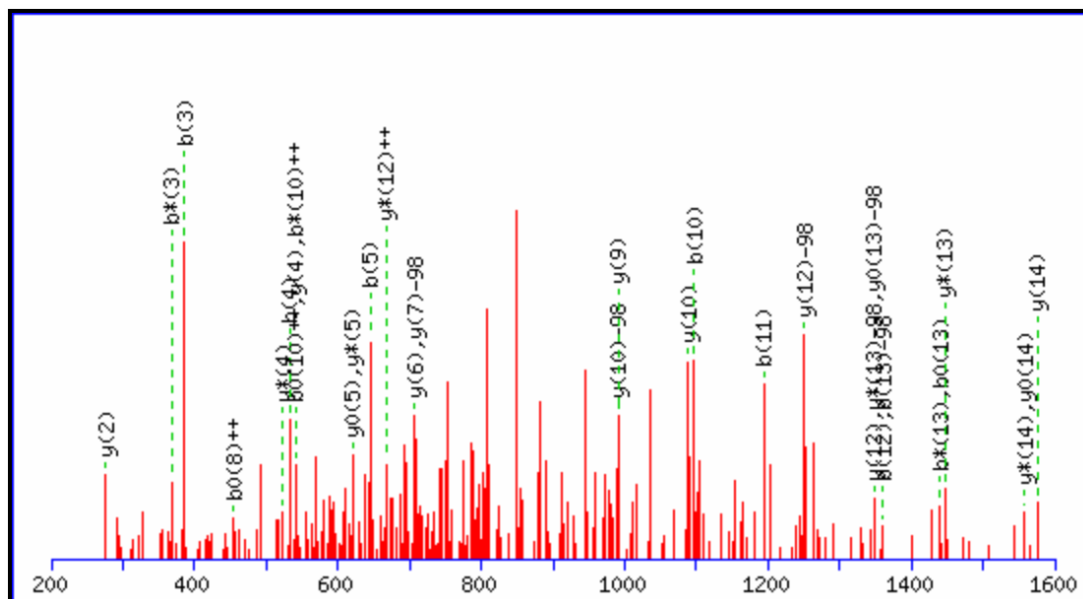
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	456.2201	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	741.3910 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1011.5093 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1516.7577	y <sub>15</sub>
129.5817 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	474.2509 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	741.8531 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1018.5316	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1578.8275	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
136.5895 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	479.7233 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	758.8825 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1045.4714	b <sub>9</sub>	1579.7516	b <sub>15</sub>
164.0924 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	496.7527 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	763.4097	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1053.0279 <sup>+2</sup>	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1613.8104	y <sub>16</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	509.7694 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	764.3338	b <sub>6</sub>	1053.4899 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1635.8489	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
200.6188 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	523.2393 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	789.9174 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1060.4977 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1676.8044	b <sub>16</sub>
213.0809 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	545.2791 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	790.3794 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1089.551	y <sub>10</sub>	1726.8945	y <sub>17</sub>
228.6137 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	547.2657	y <sub>4</sub>	798.3927	y <sub>7</sub>	1089.5599 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1732.9017	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
258.1561	b <sub>2</sub>	553.2729	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	807.4089 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1102.0163 <sup>+2</sup>	b <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1733.8258	b <sub>17</sub>
272.1717	y <sub>2</sub>	554.197	b <sub>4</sub>	818.4281 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1116.5085	b <sub>10</sub>	1823.9473	y <sub>18</sub>
274.1365 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	558.7579 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	838.9058 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1119.5793	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1830.8786	b <sub>18</sub>
277.1401 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	560.2933 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	860.4625	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1138.5483 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1879.9371	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
277.6021 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	580.7977 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	861.3866	b <sub>7</sub>	1140.0837 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1952.9899	y <sub>19</sub>
322.6629 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	595.8118 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	863.9509 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1160.5881	y <sub>11</sub>	1977.914	b <sub>19</sub>
326.1285 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	609.2817 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	866.9545 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1189.0721 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	2007.9957	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
327.1775	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	631.3215 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	867.4166 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1190.6164	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2022.0113	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
333.6821 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	644.3185	y <sub>5</sub>	895.4454	y <sub>8</sub>	1217.5562	b <sub>11</sub>	2105.0484	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
351.1736 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	644.3382 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	912.4773 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1261.6358	y <sub>12</sub>	2105.9726	b <sub>20</sub>
382.2085 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	644.8003 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	915.9429 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1287.6692	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2119.9882	y <sub>20</sub>
382.6706 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	651.2498	b <sub>5</sub>	940.4722 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1288.5933	b <sub>12</sub>	2178.1124	y <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
399.7000 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	666.357	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	947.4945	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1332.6729	y <sub>13</sub>	2203.0253	b <sub>21</sub>
400.2303	y <sub>3</sub>	666.8401 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	958.4394	b <sub>8</sub>	1384.7219	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2276.0893	y <sub>21</sub>
425.1544	b <sub>3</sub>	692.8646 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	976.9986 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1385.6461	b <sub>13</sub>	2279.1601	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
430.7349 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	693.3267 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	989.4606 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1419.7049	y <sub>14</sub>	2377.137	MH
431.1969 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	701.3399	y <sub>6</sub>	992.4982	y <sub>9</sub>	1481.7747	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
448.2264 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	710.3561 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1004.5015 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1482.6988	b <sub>14</sub>		

MS/MS Fragmentation of HGLLLPAsPVR  
 Found in IPI00061087, Protein FAM122A



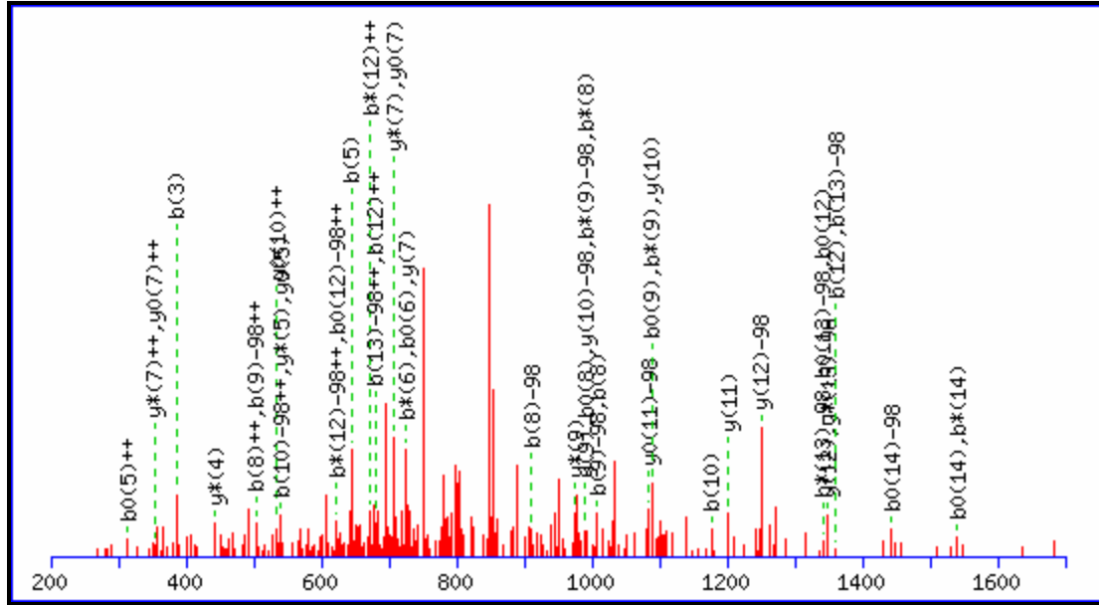
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	304.6794 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	435.2177 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	571.3457 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	932.4965	y <sub>8</sub>
98.0475 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	305.1414 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	440.2616	y <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	608.3515	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	947.6037	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
137.5973 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	308.1717	b <sub>3</sub>	466.7519 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	609.2756	y <sub>5</sub>	966.4808	b <sub>9</sub>
154.5895 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	316.1999 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	474.3055 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	620.3341 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	967.5724	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	351.7185 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	483.7441 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	631.3926	b <sub>6</sub>	1004.6251	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
186.1237 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	353.6678 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	484.2898 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	702.4297	b <sub>7</sub>	1045.5806	y <sub>9</sub>
195.0877	b <sub>2</sub>	361.2214 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	502.8162 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	706.3284	y <sub>6</sub>	1065.5493	b <sub>10</sub>
211.1315 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	371.2401	y <sub>3</sub>	511.2987	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	721.4355	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1102.602	y <sub>10</sub>
220.6344 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	386.2292 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	523.2939 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	771.4512	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1141.684	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
256.1530 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	410.2099 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	533.2783 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	819.4124	y <sub>7</sub>	1239.6609	MH
267.6736 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	417.7634 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	534.3398	b <sub>5</sub>	834.5196	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
269.6229 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	421.2558	b <sub>4</sub>	538.2385	y <sub>4</sub>	868.5039	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
274.1874	y <sub>2</sub>	434.7556 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	551.8046 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	869.4281	b <sub>8</sub>		

MS/MS Fragmentation of RIDFIPVSPAPsPTR  
 Found in IPI00061087, Protein FAM122A



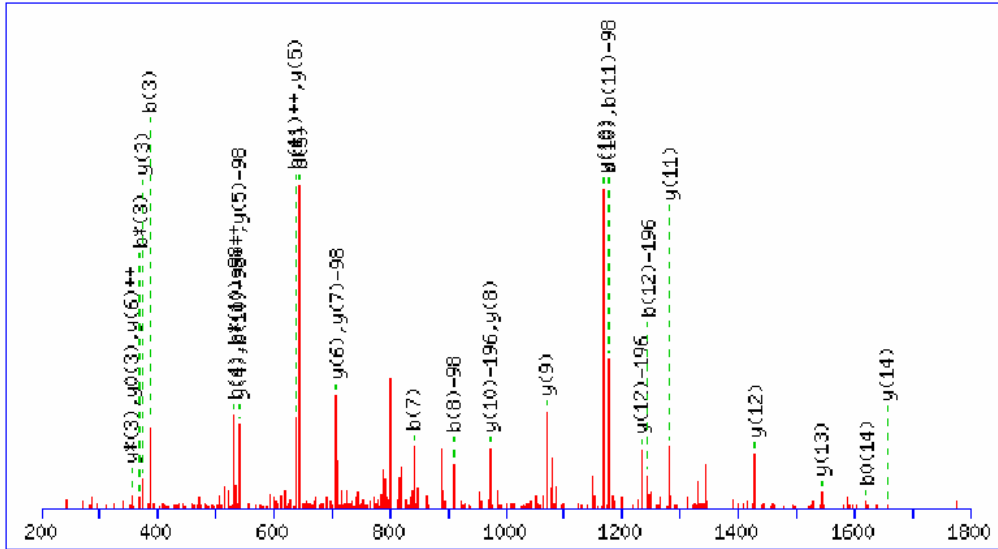
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	373.2194	y <sub>3</sub>	597.3375 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	779.8869 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1250.6892	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
135.5999 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	385.2194	b <sub>3</sub>	601.3025 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	788.8922 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1262.6892	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
138.5870 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	397.7114 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	610.3307	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	794.4155	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1348.6661	y <sub>12</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	403.1838 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	625.8482 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	805.3604	y <sub>7</sub>	1359.7419	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
187.1133 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	421.2502 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	631.8482 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	817.9543 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1360.6661	b <sub>12</sub>
193.1133 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	442.2409	y <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	637.2705	y <sub>5</sub>	841.4931	b <sub>7</sub>	1365.7161	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
221.6241 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	446.6998 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	645.3719	b <sub>5</sub>	866.9427 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1457.7188	b <sub>13</sub>
266.6475 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	447.2456 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	674.8367 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	892.3924	y <sub>8</sub>	1460.7896	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
270.1504 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	464.7662 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	680.3746 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	893.4839	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1463.693	y <sub>13</sub>
270.1925	b <sub>2</sub>	495.7720 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	680.8367 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	928.5251	b <sub>8</sub>	1478.8002	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
270.6125 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	496.2341 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	683.3617 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	990.5367	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1558.7665	b <sub>14</sub>
276.1666	y <sub>2</sub>	513.2926 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	707.3835	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	991.4608	y <sub>9</sub>	1576.7771	y <sub>14</sub>
305.6690 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	532.2878	b <sub>4</sub>	708.3076	y <sub>6</sub>	1025.5778	b <sub>9</sub>	1634.9013	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
319.1389 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	539.2936	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	729.3631 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1088.5136	y <sub>10</sub>	1732.8782	MH
323.1896 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	540.2178	y <sub>4</sub>	730.8985 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1096.615	b <sub>10</sub>		
354.1954 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	544.7604 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	732.3501 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1103.6208	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
354.6575 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	548.8111 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	739.9037 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1193.6677	b <sub>11</sub>		
371.7160 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	552.3140 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	742.4246	b <sub>6</sub>	1201.5977	y <sub>11</sub>		

MS/MS Fragmentation of RIDFIPVsPAPSPT  
 Found in IPI00061087, Protein FAM122A



88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	421.2502 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	625.8482 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	817.9543 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1262.6892	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
135.5999 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	446.6998 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	628.3413	y <sub>6</sub>	841.4931	b <sub>7</sub>	1273.6341	b <sub>11</sub>
138.5870 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	447.2456 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	631.8482 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	866.9427 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1348.6661	y <sub>12</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	455.7609 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	637.3207 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	892.3924	y <sub>8</sub>	1359.7419	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
187.1133 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	460.2514	y <sub>4</sub>	645.3719	b <sub>5</sub>	893.4839	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1360.6661	b <sub>12</sub>
193.1133 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	495.7720 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	674.8367 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	910.5145	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1365.7161	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
230.6293 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	496.2341 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	680.3746 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	990.5367	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1457.7188	b <sub>13</sub>
266.6475 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	504.2873 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	680.8367 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	991.4608	y <sub>9</sub>	1460.7896	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
270.1925	b <sub>2</sub>	504.7493 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	683.3617 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1007.5673	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1463.693	y <sub>13</sub>
276.1666	y <sub>2</sub>	532.2878	b <sub>4</sub>	725.3941	y <sub>7</sub>	1008.4914	b <sub>8</sub>	1478.8002	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
279.1557 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	539.8058 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	729.3631 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1078.6044	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1558.7665	b <sub>14</sub>
314.6743 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	544.7604 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	730.8985 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1088.5136	y <sub>10</sub>	1576.7771	y <sub>14</sub>
323.1896 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	552.3140 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	732.3501 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1103.6208	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1634.9013	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
363.2007 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	553.2757 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	739.9037 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1105.5442	b <sub>9</sub>	1732.8782	MH
371.7160 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	557.3042	y <sub>5</sub>	742.4246	b <sub>6</sub>	1175.6572	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
373.2194	y <sub>3</sub>	588.3322 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	779.8869 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1176.5813	b <sub>10</sub>		
385.2194	b <sub>3</sub>	588.7943 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	788.8922 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1201.5977	y <sub>11</sub>		
397.7114 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	601.3025 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	794.4155	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1250.6892	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

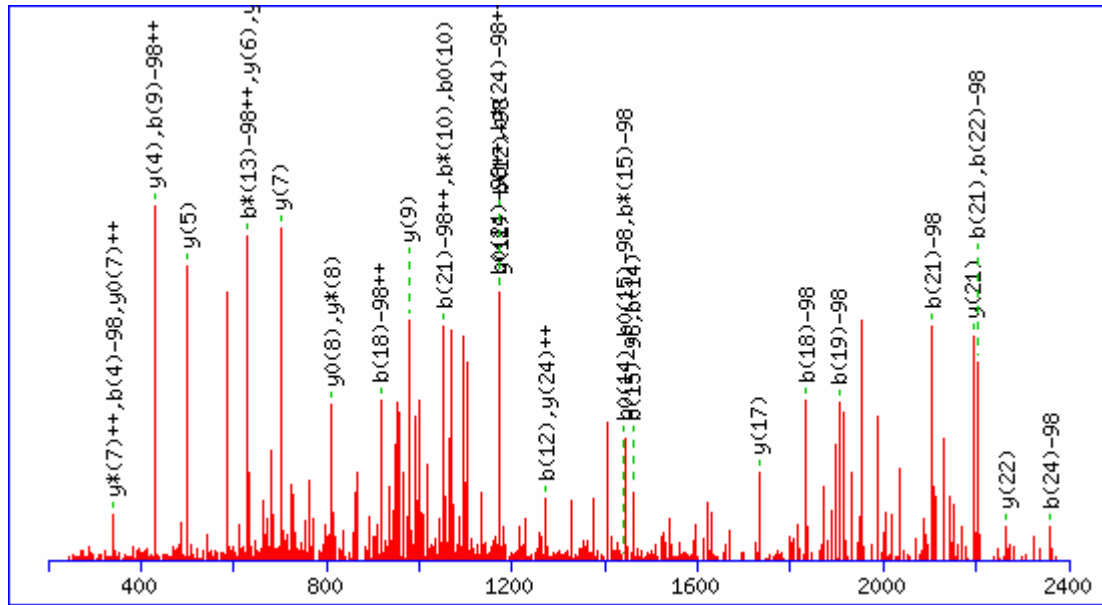
MS/MS Fragmentation of RIDFIPVsPAPsPTR  
 Found in IPI00061087, Protein FAM122A



88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	437.6946 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	622.8429 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	805.3604	y <sub>7</sub>	1232.6786	y <sub>12</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
135.5999 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	438.2403 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	637.2705	y <sub>5</sub>	819.8701 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1244.6786	b <sub>12</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
138.5870 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	442.2409	y <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	637.3207 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	828.8753 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1273.6341	b <sub>11</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	455.7609 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	641.2856 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	841.4931	b <sub>7</sub>	1281.564	y <sub>11</sub>
187.1133 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	486.6830 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	645.3719	b <sub>5</sub>	857.9375 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1330.6555	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
193.1133 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	486.7667 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	665.8314 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	874.3819	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1341.7314	b <sub>13</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
221.6241 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	487.2288 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	671.3693 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	875.4734	y <sub>9</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1342.6555	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
266.6475 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	504.2873 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	671.8314 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	906.9259 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1347.7056	y <sub>13</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
270.1504 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	504.7493 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	674.3564 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	910.5145	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1428.6324	y <sub>12</sub>
270.1925	b <sub>2</sub>	532.2878	b <sub>4</sub>	707.3835	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	972.3588	y <sub>8</sub>	1439.7083	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
270.6125 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	535.7552 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	708.3076	y <sub>6</sub>	972.5261	y <sub>10</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1440.6324	b <sub>12</sub>
276.1666	y <sub>2</sub>	536.2172 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	714.8198 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	973.4503	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1442.7791	b <sub>14</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
305.6690 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	539.2936	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	720.3578 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1007.5673	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1445.6825	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
319.1389 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	539.8058 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	720.8198 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1008.4914	b <sub>8</sub>	1460.7896	y <sub>14</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
323.1896 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	540.2178	y <sub>4</sub>	721.8932 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1070.503	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1537.6852	b <sub>13</sub>
354.1954 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	543.3087 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	723.3449 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1071.4272	y <sub>9</sub>	1540.756	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
354.6575 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	553.2757 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	730.8985 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1078.6044	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1543.6594	y <sub>13</sub>
371.7160 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	584.7436 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	742.4246	b <sub>6</sub>	1085.6102	y <sub>11</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1558.7665	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
373.2194	y <sub>3</sub>	588.3322 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	769.3462 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1105.5442	b <sub>9</sub>	1638.7329	b <sub>14</sub>
385.2194	b <sub>3</sub>	588.7943 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	770.8816 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1168.4799	y <sub>10</sub>	1656.7434	y <sub>14</sub>
388.7061 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	592.2972 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	772.3333 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1175.6572	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1714.8676	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
403.1838 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	610.3307	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	776.405	y <sub>8</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1176.5813	b <sub>10</sub>	1812.8445	MH
421.2502 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	616.8429 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	779.8869 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1183.5871	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

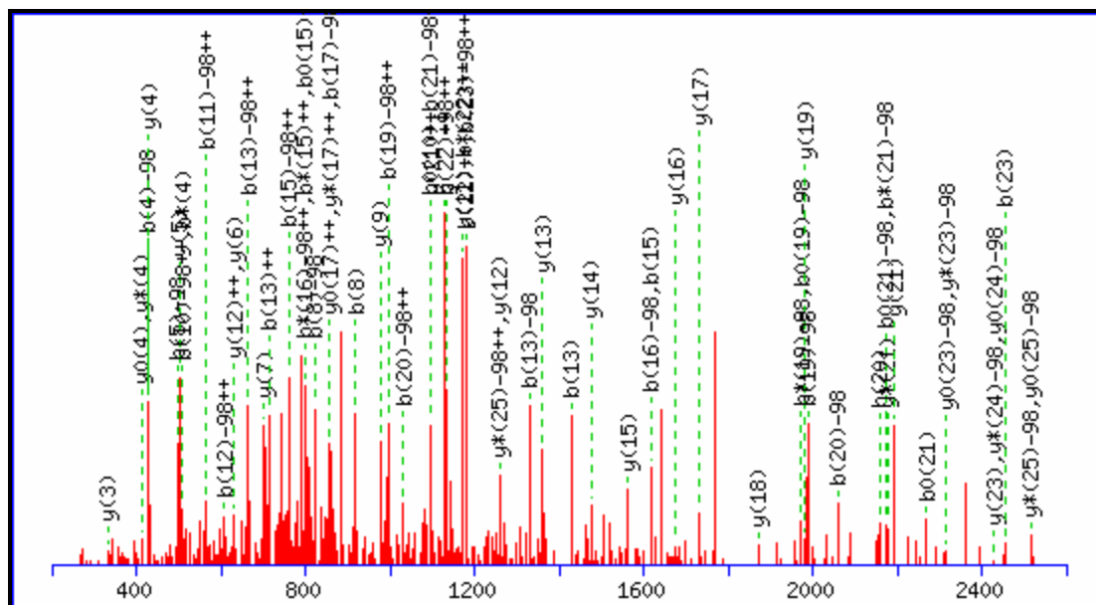


MS/MS Fragmentation of SNsAPLIHGLSDTSPVFQAEAPSAR  
 Found in IPI00061087, Protein FAM122A



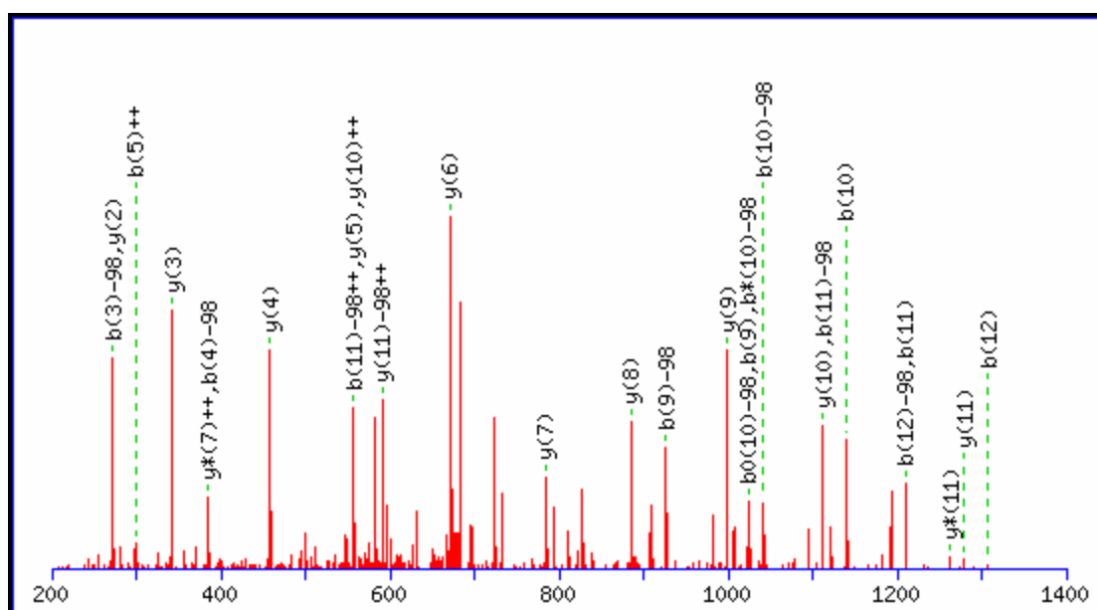
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	537.1705	b <sub>5</sub>	853.4308 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1157.5351	b <sub>11</sub>	1732.8501	y <sub>17</sub>
123.5817 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	538.2802 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	859.4421	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1167.0979 <sup>+2</sup>	y <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1803.8313	b <sub>17</sub>
167.0977 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	552.2776	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	866.9287 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1172.6058	y <sub>11</sub>	1833.913	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	579.2712 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	900.3975	b <sub>8</sub>	1174.5851	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1869.909	y <sub>18</sub>
202.0822	b <sub>2</sub>	586.8066 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	902.4193 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1180.5795 <sup>+2</sup>	b <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1904.9501	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
215.6241 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	587.7962 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	917.4601 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1194.0494 <sup>+2</sup>	b <sub>23</sub> <sup>+2</sup>	1931.8899	b <sub>18</sub>
246.1561	y <sub>2</sub>	630.3206	y <sub>6</sub>	935.4581 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1216.0863 <sup>+2</sup>	y <sub>23</sub> <sup>+2</sup>	1982.993	y <sub>19</sub>
251.1426 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	630.3226 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	952.9787 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1224.1193 <sup>+2</sup>	y <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2002.927	b <sub>19</sub>
271.1037	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	636.7846 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	957.419	b <sub>9</sub>	1229.5679 <sup>+2</sup>	b <sub>24</sub> <sup>+2</sup>	2033.9927	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
315.6639 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	638.3200 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	966.4486 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1259.6379	y <sub>12</sub>	2096.0771	y <sub>20</sub>
333.1881	y <sub>3</sub>	650.2545	b <sub>6</sub>	972.5261	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1267.6353 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2105.0298	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
342.1408	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	665.3617	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	976.4847	y <sub>9</sub>	1272.562	b <sub>12</sub>	2131.9696	b <sub>20</sub>
351.1825 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	680.8464 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	992.0002 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1273.1078 <sup>+2</sup>	y <sub>24</sub> <sup>+2</sup>	2193.1299	y <sub>21</sub>
369.0806	b <sub>3</sub>	681.8360 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1001.9671 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1275.6328	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2202.0826	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
401.7139 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	687.3085 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1017.5000 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1316.6238 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	2203.0067	b <sub>21</sub>
415.2118 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	701.3577	y <sub>7</sub>	1048.5422 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1360.6856	y <sub>13</sub>	2264.167	y <sub>22</sub>
430.2247 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	730.3624 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1053.0185 <sup>+2</sup>	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1362.6648	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2289.1146	b <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
430.2409	y <sub>4</sub>	730.8245 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1059.5582	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1373.6097	b <sub>13</sub>	2300.0595	b <sub>22</sub>
439.1936	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	738.3599 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1066.4884 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1459.7176	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2333.1884	y <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
440.1177	b <sub>4</sub>	763.3386	b <sub>7</sub>	1070.503	b <sub>10</sub>	1460.6417	b <sub>14</sub>	2360.1517	b <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
450.7024 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	779.3509 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1075.5531	y <sub>10</sub>	1475.7125	y <sub>14</sub>	2387.0915	b <sub>23</sub>
479.2131 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	779.8966 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1097.0686 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1557.6945	b <sub>15</sub>	2431.1653	y <sub>23</sub>
486.7667 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	781.8759 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1101.5449 <sup>+2</sup>	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1558.786	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2447.2314	y <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
488.7460 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	802.4206	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1102.0070 <sup>+2</sup>	b <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1562.7445	y <sub>15</sub>	2458.1286	b <sub>24</sub>
501.278	y <sub>5</sub>	828.8851 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1132.5871 <sup>+2</sup>	y <sub>22</sub> <sup>+2</sup>	1656.7629	b <sub>16</sub>	2534.2634	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
530.2827 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	829.4163	y <sub>8</sub>	1145.0609 <sup>+2</sup>	b <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1675.8286	y <sub>16</sub>	2545.2083	y <sub>24</sub>
535.7552 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	838.4179 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1150.5334 <sup>+2</sup>	b <sub>22</sub> <sup>+2</sup>	1705.8544	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2632.2403	MH

MS/MS Fragmentation of RSNsAPLIHGLSDTSPVFQAEAPSAR  
 Found in IPI00061087, Protein FAM122A



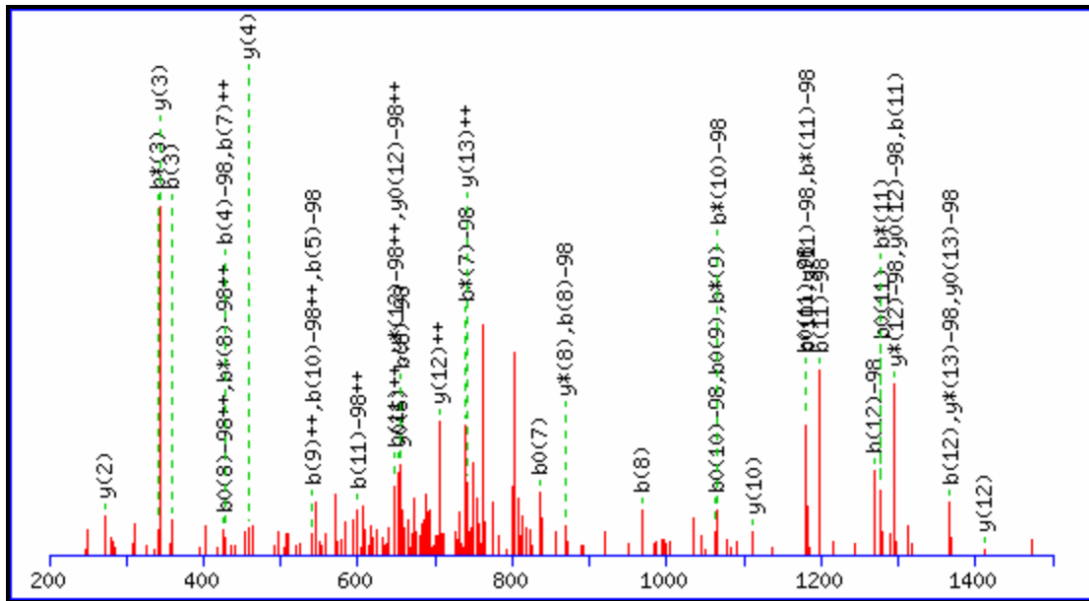
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	508.2752 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	857.4014 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1216.0863 <sup>+2</sup>	y <sub>23</sub> <sup>+2</sup>	1869.909	y <sub>18</sub>
122.5738 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	525.1817	b <sub>4</sub>	857.9472 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1223.1115 <sup>+2</sup>	b <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1959.9324	b <sub>18</sub>
123.5817 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	528.7529 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	866.9287 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1224.1193 <sup>+2</sup>	y <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1982.993	y <sub>19</sub>
167.0977 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	538.2802 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	906.9356 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1226.6041	b <sub>11</sub>	1990.0141	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	557.2637 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	919.4397	b <sub>8</sub>	1228.5839 <sup>+2</sup>	b <sub>23</sub> <sup>+2</sup>	2061.0512	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
179.5953 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	564.8173 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	931.4814 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1258.6301 <sup>+2</sup>	b <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2087.991	b <sub>19</sub>
214.1060 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	586.8066 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	935.4581 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1259.6379	y <sub>12</sub>	2096.0771	y <sub>20</sub>
215.6241 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	595.2947	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	958.5217	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1267.6353 <sup>+2</sup>	y <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2159.0281	b <sub>20</sub>
244.1404	b <sub>2</sub>	596.2188	b <sub>5</sub>	976.4847	y <sub>9</sub>	1272.0999 <sup>+2</sup>	b <sub>24</sub> <sup>+2</sup>	2190.0938	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
246.1561	y <sub>2</sub>	608.3333 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	980.4698 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1273.1078 <sup>+2</sup>	y <sub>24</sub> <sup>+2</sup>	2193.1299	y <sub>21</sub>
249.6246 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	613.8057 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	992.0002 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1307.6185 <sup>+2</sup>	b <sub>25</sub> <sup>+2</sup>	2261.1309	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
251.1426 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	630.3206	y <sub>6</sub>	995.5107 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1313.6362	b <sub>12</sub>	2264.167	y <sub>22</sub>
263.0945 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	630.3226 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1015.5432	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1316.6238 <sup>+2</sup>	y <sub>25</sub> <sup>+2</sup>	2288.0707	b <sub>21</sub>
298.1510 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	657.3217 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1031.0292 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1330.6862	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2333.1884	y <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
298.6130 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	665.8468 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1044.4991 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1345.6859 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2358.1837	b <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
315.6639 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	680.8464 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1048.5422 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1360.6856	y <sub>13</sub>	2359.1078	b <sub>22</sub>
333.1881	y <sub>3</sub>	693.2716	b <sub>6</sub>	1056.4986	b <sub>9</sub>	1394.6743 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	2431.1653	y <sub>23</sub>
347.1394 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	701.3577	y <sub>7</sub>	1075.5531	y <sub>10</sub>	1428.6631	b <sub>13</sub>	2445.2157	b <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
351.1825 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	708.3787	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1080.0177 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1431.7339	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2447.2314	y <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
354.6930 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	714.8352 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1095.5505 <sup>+2</sup>	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1475.7125	y <sub>14</sub>	2456.1606	b <sub>23</sub>
358.1833	b <sub>3</sub>	716.3706 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1097.0686 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1518.7659	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2516.2528	b <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
403.6815 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	738.3599 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1113.5201	b <sub>10</sub>	1529.7108	b <sub>14</sub>	2534.2634	y <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
411.2350 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	759.8866 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1128.6273	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1562.7445	y <sub>15</sub>	2543.1926	b <sub>24</sub>
415.2118 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	765.3590 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1131.0691 <sup>+2</sup>	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1615.8187	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2545.2083	y <sub>24</sub>
427.2048	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	781.8759 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1132.5871 <sup>+2</sup>	y <sub>22</sub> <sup>+2</sup>	1616.7428	b <sub>15</sub>	2614.2297	b <sub>25</sub>
430.2409	y <sub>4</sub>	806.3556	b <sub>7</sub>	1144.5390 <sup>+2</sup>	b <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1675.8286	y <sub>16</sub>	2632.2403	y <sub>25</sub>
460.2235 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	808.4130 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1167.0979 <sup>+2</sup>	y <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1713.7956	b <sub>16</sub>	2690.3645	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
479.7645 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	808.8751 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1172.6058	y <sub>11</sub>	1714.8871	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2788.3414	MH
488.7460 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	821.4628	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1179.5955 <sup>+2</sup>	b <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1732.8501	y <sub>17</sub>		
498.2419	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	829.4163	y <sub>8</sub>	1180.0575 <sup>+2</sup>	b <sub>22</sub> <sup>+2</sup>	1812.864	b <sub>17</sub>		
501.278	y <sub>5</sub>	838.4179 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1215.6593	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1861.9555	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

MS/MS Fragmentation of AMsLNTLNVDAPR  
 Found in IPI00478456, Isoform 1 of Kinesin light chain 3



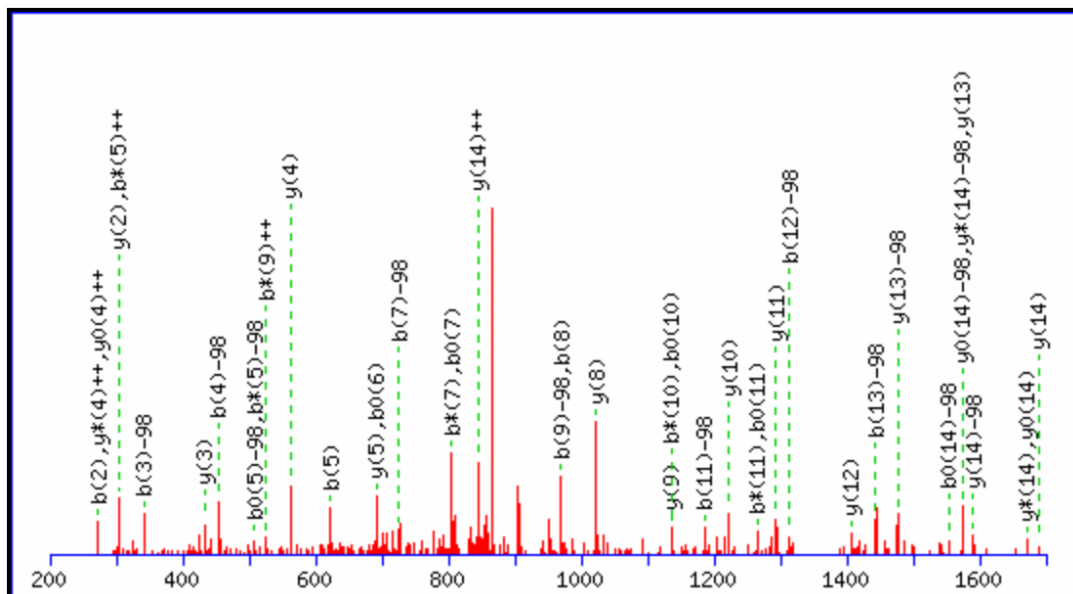
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	370.0832	b <sub>3</sub>	597.2102	b <sub>5</sub>	811.342	b <sub>7</sub>	1181.6273	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
136.5895 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	385.1904	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	600.281	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	827.408	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1209.5932	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
172.1081 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	392.7192 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	640.3057 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	885.4789	y <sub>8</sub>	1210.5174	b <sub>11</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	443.2431 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	656.8375 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	925.3849	b <sub>8</sub>	1279.6042	y <sub>11</sub>
203.0849	b <sub>2</sub>	458.2358	y <sub>4</sub>	671.3471	y <sub>6</sub>	926.4764	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1307.5701	b <sub>12</sub>
229.6215 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	483.1673	b <sub>4</sub>	692.3561 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	999.5218	y <sub>9</sub>	1312.6678	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
272.1063	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	499.2333	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	698.2579	b <sub>6</sub>	1024.4533	b <sub>9</sub>	1383.7049	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
272.1717	y <sub>2</sub>	500.2645 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	705.8260 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1041.5034	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1410.6447	y <sub>12</sub>
279.1557 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	556.8066 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	713.3651	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1112.5405	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1481.6818	MH
336.1772 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	557.3042	y <sub>5</sub>	741.3445 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1112.6058	y <sub>10</sub>		
343.2088	y <sub>3</sub>	591.3173 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	784.4312	y <sub>7</sub>	1139.4803	b <sub>10</sub>		

MS/MS Fragmentation of RAMsLNTLNVDAPR  
 Found in IPI00478456, Isoform 1 of Kinesin light chain 3



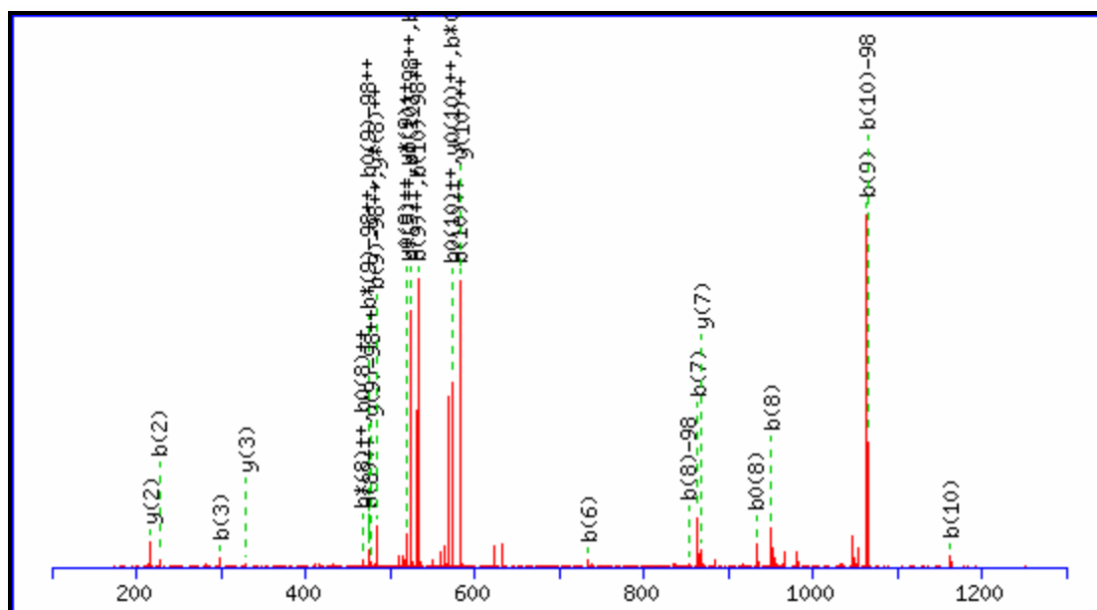
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	343.2088	y <sub>3</sub>	541.7924 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	705.8260 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1112.6058	y <sub>10</sub>
114.5764 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	359.186	b <sub>3</sub>	556.8066 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	732.3393 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1180.5544	b <sub>10</sub>
136.5895 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	377.1593 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	557.3042	y <sub>5</sub>	741.3445 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1181.6273	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
172.1081 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	378.6947 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	590.7808 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	753.3113	b <sub>6</sub>	1197.6045	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	392.7192 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	591.3173 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	756.3821	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1268.6416	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
180.0966 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	427.6831 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	599.3059 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	770.4066 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1279.6042	y <sub>11</sub>
214.6074 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	428.2074	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	634.8244 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	784.4312	y <sub>7</sub>	1295.5814	b <sub>11</sub>
228.1455	b <sub>2</sub>	435.2367 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	639.2684	b <sub>5</sub>	819.3951 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1312.6678	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
229.6215 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	443.2431 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	640.3057 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	854.359	b <sub>7</sub>	1365.6943	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
263.5958 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	458.2358	y <sub>4</sub>	648.2943 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	869.4662	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1366.6185	b <sub>12</sub>
271.1494 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	484.2252 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	655.3344	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	885.4789	y <sub>8</sub>	1383.7049	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
272.1717	y <sub>2</sub>	492.2582 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	656.8375 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	967.4431	b <sub>8</sub>	1410.6447	y <sub>12</sub>
279.1557 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	500.2645 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	671.3471	y <sub>6</sub>	983.5091	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1463.6712	b <sub>13</sub>
320.1378 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	526.1843	b <sub>4</sub>	683.3508 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	999.5218	y <sub>9</sub>	1481.6818	y <sub>13</sub>
328.1709 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	541.2466 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	683.8129 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1081.486	b <sub>9</sub>	1539.806	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
336.1772 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	541.2915	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	692.3561 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1082.5775	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1637.7829	MH

MS/MS Fragmentation of RDsLASLFPSEEEER  
 Found in IPI00478456, Isoform 1 of Kinesin light chain 3



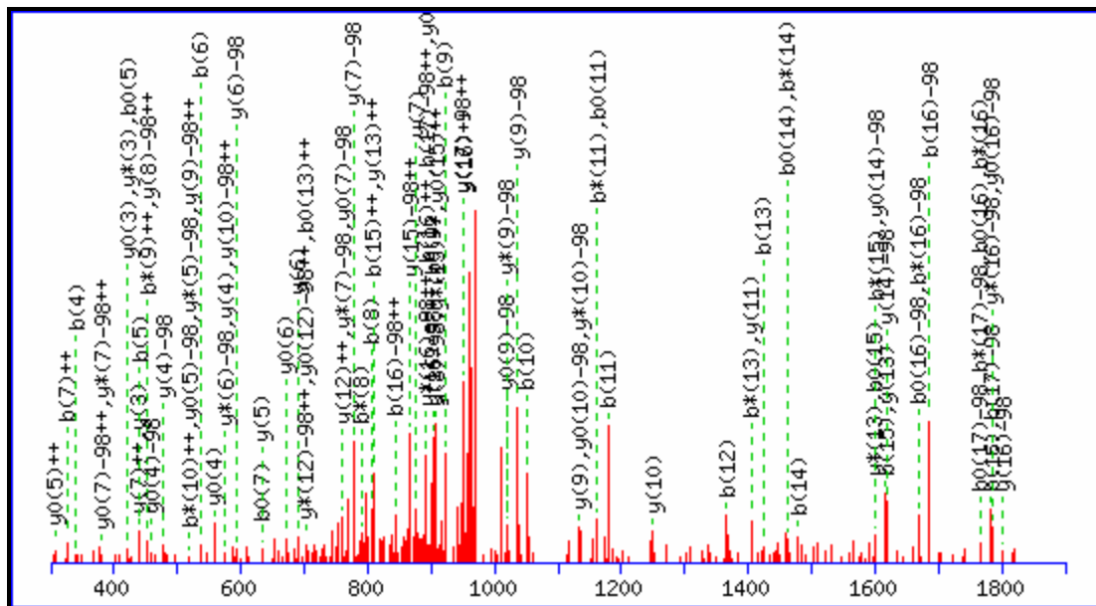
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	363.2007 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	593.2986 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	795.8677 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1293.5957	y <sub>11</sub>
136.5713 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	389.6643 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	611.7829 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	823.371	b <sub>7</sub>	1314.6325	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
152.5844 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	412.1891 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	612.31	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	835.8509 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1406.6798	y <sub>12</sub>
171.0820 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	433.2041	y <sub>3</sub>	623.2549	b <sub>5</sub>	844.8562 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1412.6094	b <sub>12</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	436.7349 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	642.2870 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	872.4625	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1443.675	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
217.1057 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	438.1907 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	647.3015 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	873.9183 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1475.7013	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
220.0705 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	439.1337	b <sub>3</sub>	657.8199 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	875.3741	y <sub>7</sub>	1541.6519	b <sub>13</sub>
227.6241 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	454.2409	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	691.2893	y <sub>5</sub>	922.9067 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1572.7176	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
263.1426 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	485.2613 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	703.8435 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	969.5152	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1573.6782	y <sub>13</sub>
272.1353	b <sub>2</sub>	485.7233 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	706.8083 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	970.4394	b <sub>8</sub>	1590.7282	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
276.6125 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	511.7249 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	710.2869	b <sub>6</sub>	1022.4425	y <sub>8</sub>	1670.6945	b <sub>14</sub>
281.6270 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	525.278	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	722.3412 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1056.5473	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1688.7051	y <sub>14</sub>
304.1615	y <sub>2</sub>	528.7773 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	725.3941	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1067.4921	b <sub>9</sub>	1746.8293	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
306.6586 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	534.2497 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	738.3543 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1135.5266	y <sub>9</sub>	1844.8062	MH
312.1311 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	552.2178	b <sub>4</sub>	771.3296 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1154.5242	b <sub>10</sub>		
341.1568	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	562.2467	y <sub>4</sub>	778.3214	y <sub>6</sub>	1185.5899	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
346.1483 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	568.2669 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	786.8625 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1222.5586	y <sub>10</sub>		
355.6471 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	577.7657 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	787.3427 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1283.5668	b <sub>11</sub>		

MS/MS Fragmentation of NLALsRESLVV  
 Found in IPI00328218, Isoform 2 of Lipolysis-stimulated lipoprotein receptor



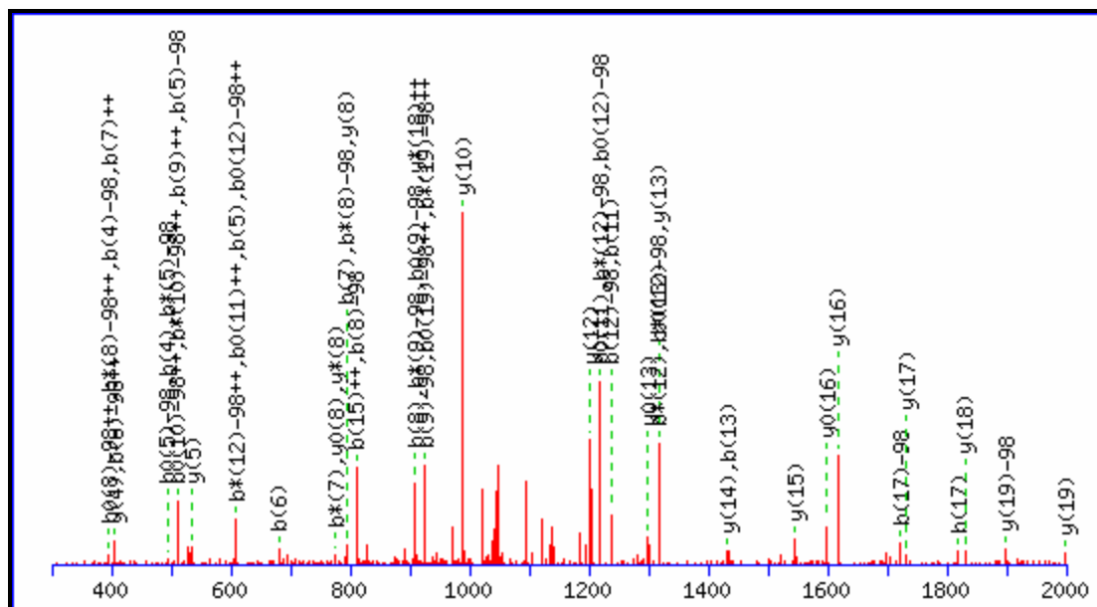
118.0863	$y_1$	417.2708	$y_4$	$532.7604^{+2}$	$b_9^{+2}$	735.3549	$b_6$	1053.534	$y_9$
217.1547	$y_2$	$427.2300^{+2}$	$b_8-H_3PO_4^{+2}$	$533.3062^{+2}$	$b_{10}-H_3PO_4^{+2}$	766.4206	$b_7-H_3PO_4$	1064.5136	$b_9$
228.1343	$b_2$	$432.7024^{+2}$	$b_7^{+2}$	$534.8242^{+2}$	$y_{10}-H_3PO_4^{+2}$	771.4359	$y_7-H_3PO_4$	1065.6051	$b_{10}-H_3PO_4$
299.1714	$b_3$	$435.2101^{+2}$	$y_7^{+2}$	546.3134	$y_5$	853.4526	$b_8-H_3PO_4$	1068.6412	$y_{10}-H_3PO_4$
$319.1926^{+2}$	$b_6-H_3PO_4^{+2}$	$442.7636^{+2}$	$y_8-H_3PO_4^{+2}$	579.2538	$b_5$	864.3975	$b_7$	1163.582	$b_{10}$
330.2387	$y_3$	$476.2184^{+2}$	$b_8^{+2}$	$582.2946^{+2}$	$b_{10}^{+2}$	869.4128	$y_7$	1166.6181	$y_{10}$
$351.7109^{+2}$	$y_6^{+2}$	$478.2822^{+2}$	$y_9-H_3PO_4^{+2}$	$583.8127^{+2}$	$y_{10}^{+2}$	884.52	$y_8-H_3PO_4$	1182.6841	$MH-H_3PO_4$
$368.1811^{+2}$	$b_6^{+2}$	481.2769	$b_5-H_3PO_4$	$591.8457^{+2}$	$MH-H_3PO_4^{+2}$	951.4295	$b_8$	1280.661	$MH$
$383.7139^{+2}$	$b_7-H_3PO_4^{+2}$	$483.7720^{+2}$	$b_9-H_3PO_4^{+2}$	637.378	$b_6-H_3PO_4$	955.5571	$y_9-H_3PO_4$		
$386.2216^{+2}$	$y_7-H_3PO_4^{+2}$	$491.7521^{+2}$	$y_8^{+2}$	$640.8341^{+2}$	$MH^{+2}$	966.5367	$b_9-H_3PO_4$		
412.2554	$b_4$	$527.2706^{+2}$	$y_9^{+2}$	702.4145	$y_6$	982.4969	$y_8$		

MS/MS Fragmentation of GPALTPIRDEEWGGHsPR  
 Found in IPI00328218, Isoform 2 of Lipolysis-stimulated lipoprotein receptor



88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	440.2504	b <sub>5</sub>	703.2859 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	921.5152	b <sub>9</sub>	1517.7244	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
136.5895 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	454.2121 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	710.8395 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	940.9200 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1518.6485	y <sub>12</sub>
155.0815	b <sub>2</sub>	461.2613 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	711.8542 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	950.4766 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1615.7013	y <sub>13</sub>
171.1002 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	478.2521	y <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	740.3650 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	950.9387 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1616.7816	b <sub>15</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	503.2005 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	759.3658 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	978.9874 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1618.7721	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
220.0887 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	518.7334 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	759.8279 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	999.4651 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1685.803	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
226.1186	b <sub>3</sub>	525.7826 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	778.3743	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1005.3938	y <sub>8</sub>	1716.749	y <sub>14</sub>
239.6297 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	535.2736	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	806.4883	b <sub>8</sub>	1027.9758 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1731.8561	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
268.1404 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	537.3031	b <sub>6</sub>	808.3543 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1036.4595	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1782.8558	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
272.1717	y <sub>2</sub>	567.7218 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	808.8944 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1050.5578	b <sub>10</sub>	1783.7799	b <sub>16</sub>
288.6181 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	576.229	y <sub>4</sub>	809.8897 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1134.4364	y <sub>9</sub>	1802.8933	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
296.6511 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	576.2469 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	843.4052 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1151.4865	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1829.833	y <sub>15</sub>
317.1289 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	590.3039 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	858.8781 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1179.6004	b <sub>11</sub>	1880.8327	b <sub>17</sub>
339.2027	b <sub>4</sub>	592.295	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	866.4317 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1249.4634	y <sub>10</sub>	1899.946	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
341.1932	y <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	625.2353 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	876.3512	y <sub>7</sub>	1307.5876	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1900.8702	y <sub>16</sub>
345.6396 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	633.2505	y <sub>5</sub>	891.9315 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1365.6797	b <sub>12</sub>	1956.9675	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
389.6908 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	650.3872	b <sub>7</sub>	892.3936 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1405.5645	y <sub>11</sub>	1997.9229	y <sub>17</sub>
403.7478 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	654.2974 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	901.9503 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1420.6716	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2054.9444	MH
438.6793 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	683.3435 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	907.4169	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1422.7012	b <sub>13</sub>		
439.1701	y <sub>3</sub>	690.2719	y <sub>6</sub>	915.4202 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1479.7227	b <sub>14</sub>		

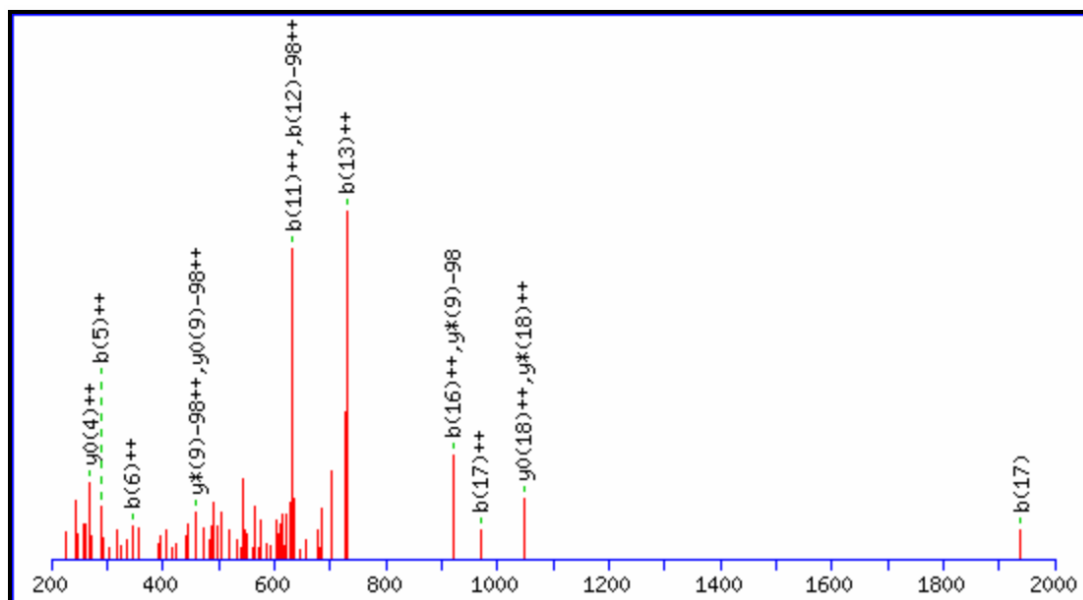
MS/MS Fragmentation of ARsVDALDDLTPPSTAESGSR  
 Found in IPI00328218, Isoform 2 of Lipolysis-stimulated lipoprotein receptor



88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	397.6856 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	695.3835	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	953.9251 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1521.7544	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
114.5764 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	405.7089 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	707.3319	y <sub>7</sub>	976.9634 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1545.7391	y <sub>15</sub>
131.5791 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	406.2045	y <sub>4</sub>	710.8570 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	982.4359 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1592.7915	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
149.0871 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	446.2120 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	716.3294 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	988.4694	y <sub>10</sub>	1616.7762	y <sub>16</sub>
160.0899 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	454.6973 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	716.8312 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	999.4386 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1619.7313	b <sub>15</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	463.2223 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	759.8454 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1023.4143	b <sub>9</sub>	1690.7684	b <sub>16</sub>
198.0756 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	494.2123	b <sub>4</sub>	761.3808 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1025.9519 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1721.8341	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
198.6213 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	494.7383 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	773.3732 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1028.5007 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1731.8032	y <sub>17</sub>
203.6059 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	511.2623	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	793.3604	b <sub>7</sub>	1038.5214	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1808.8661	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
228.1455	b <sub>2</sub>	512.2108 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	794.3639	y <sub>8</sub>	1064.0193 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1819.811	b <sub>17</sub>
247.6098 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	519.7644 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	796.8994 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1077.4892 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1830.8716	y <sub>18</sub>
256.1348 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	535.2471	y <sub>5</sub>	808.8917 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1089.5171	y <sub>11</sub>	1865.8876	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
262.151	y <sub>2</sub>	545.2622 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	810.3693 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1113.0077 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1899.893	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
268.1272 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	568.7528 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	810.4104	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1136.4983	b <sub>10</sub>	1906.843	b <sub>18</sub>
291.6534 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	570.2882 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	845.8878 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1139.5691	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1952.9196	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
297.167	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	582.2994	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	861.4207 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1202.6012	y <sub>12</sub>	1963.8645	b <sub>19</sub>
303.6457 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	601.8042 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	866.4052 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1236.6219	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1997.8699	y <sub>19</sub>
305.1232 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	606.2842	y <sub>6</sub>	891.4167	y <sub>9</sub>	1237.546	b <sub>11</sub>	2050.8965	b <sub>20</sub>
319.1724	y <sub>3</sub>	609.2392	b <sub>5</sub>	904.9367 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1317.6281	y <sub>13</sub>	2055.9942	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
340.6418 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	618.8146 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	908.3873	b <sub>8</sub>	1333.6747	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2127.0313	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
348.1954 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	619.2766 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	910.4091 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1334.5988	b <sub>12</sub>	2153.971	y <sub>20</sub>
354.1696 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	659.3177 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	915.9394 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1420.7067	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2225.0082	MH
395.1439	b <sub>3</sub>	667.3410 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	925.4374	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1431.6516	b <sub>13</sub>		
396.2354	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	667.8030 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	933.4474 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1432.655	y <sub>14</sub>		
397.1838 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	680.2763	b <sub>6</sub>	950.4502 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1518.6836	b <sub>14</sub>		

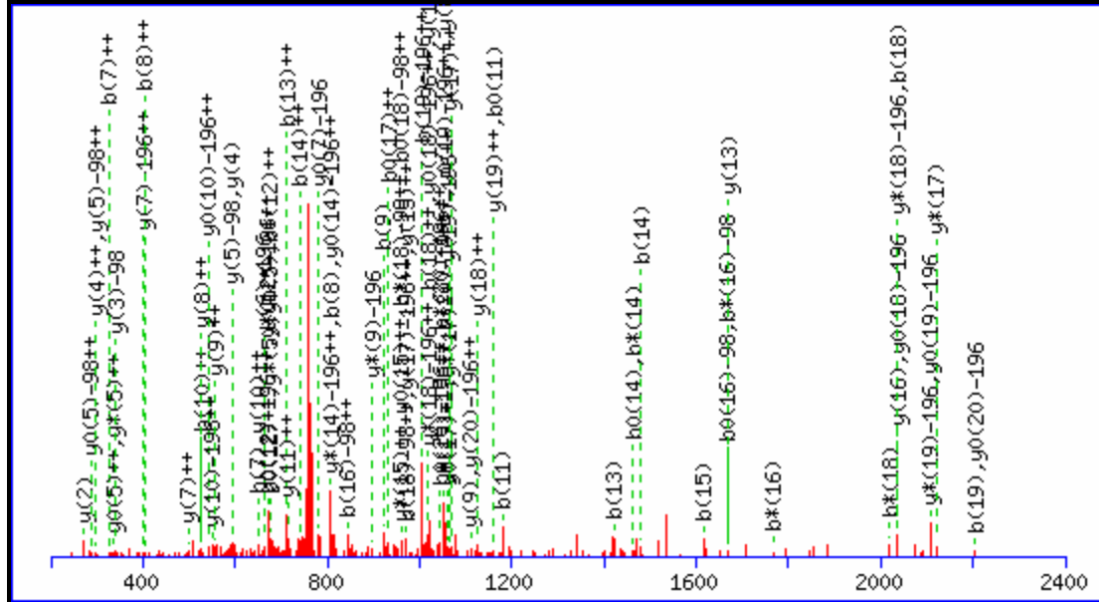


MS/MS Fragmentation of ELANFDPsRPGPPsGRVER  
Found in IPI00328218, Isoform 2 of Lipolysis-stimulated lipoprotein receptor



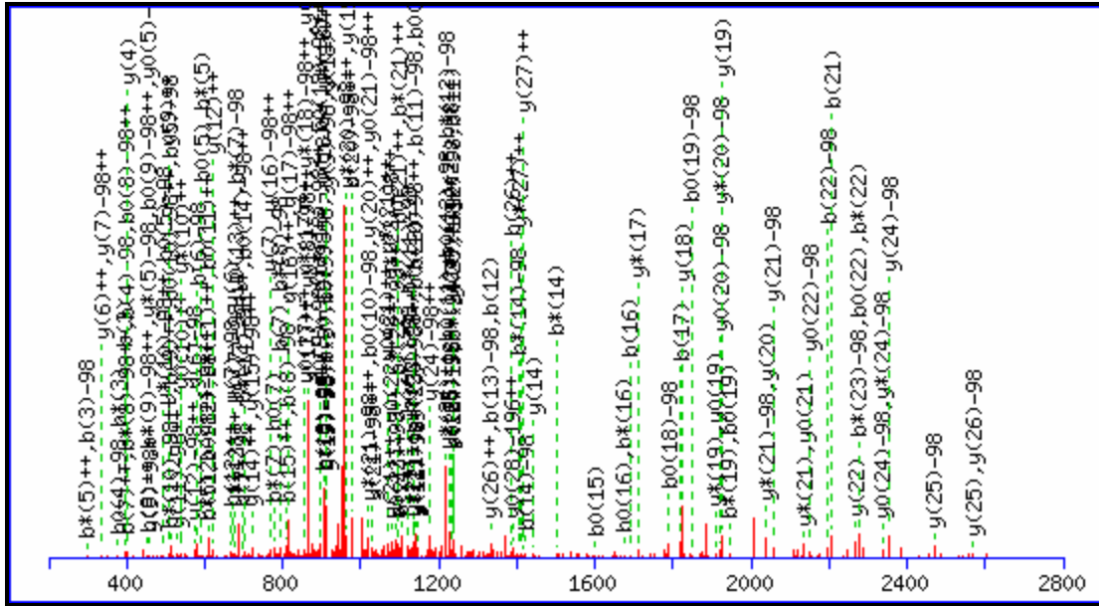
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	604.2608 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	833.8586 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1034.4779	y <sub>9</sub>	1617.8244	y <sub>15</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
152.5844 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	616.3525	y <sub>5</sub>	841.8342 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1056.4748 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1625.6397	b <sub>14</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	629.8418 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	856.3836	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1072.0077 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1642.8085	b <sub>16</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
202.1186 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	632.3095 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	858.4043 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1109.5374	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1666.7098	y <sub>14</sub>
243.1339	b <sub>2</sub>	632.7715 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	866.4373 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1110.4616	b <sub>9</sub>	1682.6611	b <sub>15</sub>
280.1692 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	644.3195 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	870.8963 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1120.9961 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1715.8013	y <sub>15</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
304.1615	y <sub>2</sub>	678.3682 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	871.4421 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1131.5306	y <sub>10</sub>	1731.8674	y <sub>16</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
308.6799 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	678.8302 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	879.4795	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1166.5589	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1740.7854	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
314.171	b <sub>3</sub>	680.8359 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	880.4037	y <sub>7</sub>	1189.6549	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1741.8769	b <sub>17</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
343.1906 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	681.2979 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	901.9559 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1207.5143	b <sub>10</sub>	1802.9045	y <sub>17</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
391.7170 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	685.374	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	907.3928 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1258.6763	y <sub>12</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1813.7782	y <sub>15</sub>
392.1791 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	690.3093	b <sub>6</sub>	915.4258 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1263.6117	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1829.8443	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
403.23	y <sub>3</sub>	715.3466 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	919.8848 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1264.5358	b <sub>11</sub>	1838.7623	b <sub>16</sub>
428.214	b <sub>4</sub>	727.3566 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	920.4305 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1287.6318	y <sub>11</sub>	1839.8538	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
440.2434 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	727.8187 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	935.9634 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1355.7291	y <sub>13</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1870.9195	b <sub>18</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
440.7055 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	729.8243 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	936.501	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1356.6532	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1900.8814	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
468.7541 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	735.8817 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	950.9443 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1360.6644	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1915.9886	y <sub>18</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
489.2318 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	743.8573 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	954.3605	b <sub>8</sub>	1361.5886	b <sub>12</sub>	1927.8212	y <sub>16</sub>
506.7460 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	764.3350 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	958.4979 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1429.6859	b <sub>14</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1937.8307	b <sub>17</sub>
517.2805 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	776.3451 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	964.4142 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1453.706	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1968.8964	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
517.7426 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	782.4268	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	969.4190 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1454.6301	y <sub>12</sub>	1998.8583	y <sub>17</sub>
555.2724 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	783.3509	y <sub>6</sub>	977.4564	y <sub>8</sub>	1458.6413	b <sub>13</sub>	2013.9654	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
555.7344 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	784.8701 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	984.9518 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1470.756	y <sub>14</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2066.8733	b <sub>18</sub>
559.3311	y <sub>4</sub>	787.3621	b <sub>7</sub>	999.9328 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1486.7074	b <sub>15</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2111.9423	y <sub>18</sub>
566.2690 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	792.8458 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1007.4864 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1527.6628	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2143.008	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
575.2824	b <sub>5</sub>	809.4159 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1012.4847	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1551.6829	y <sub>13</sub>	2240.9849	MH
583.7831 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	813.3235 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1033.5538	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1568.7329	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
595.3311 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	821.9079 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1033.9403 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1584.6842	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

MS/MS Fragmentation of GPALTPIRDEEWGGHsPRsPR  
 Found in IPI00328218, Isoform 2 of Lipolysis-stimulated lipoprotein receptor



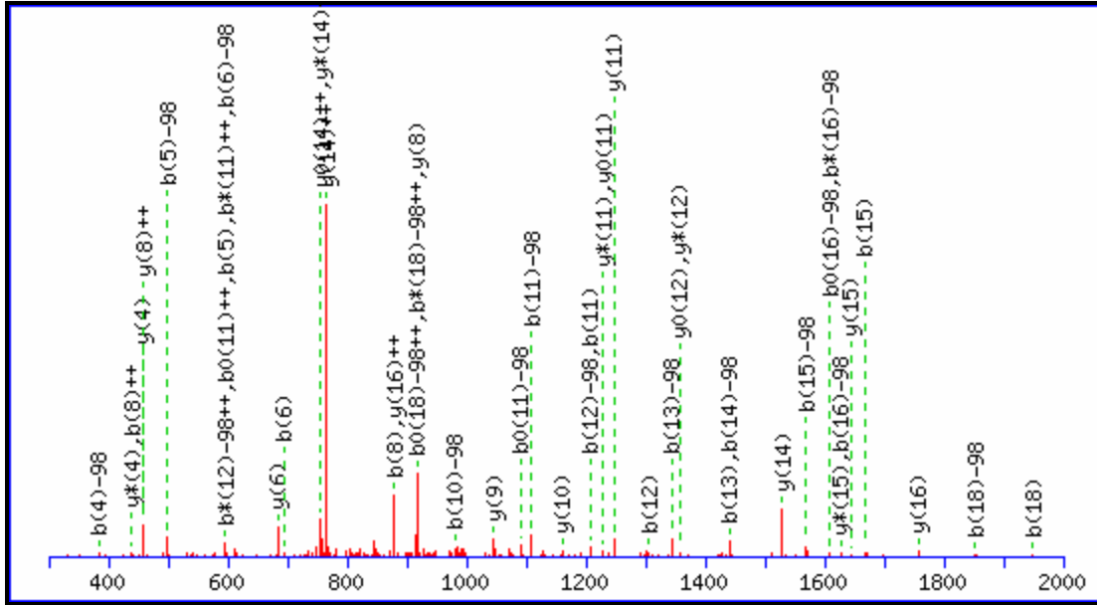
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	550.7785 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	891.9315 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1111.5643 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1839.8997	y <sub>16</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
136.5895 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	555.7157 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	892.3936 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1112.0264 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1840.8239	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
155.0815	b <sub>2</sub>	590.3039 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	898.4043	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1125.4963 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1880.8327	b <sub>17</sub>
171.1002 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	594.3471	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	913.3620 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1150.9961 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1937.8766	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	595.2712	y <sub>4</sub>	914.4704	y <sub>9</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1160.5528 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1938.8008	y <sub>15</sub>
220.0887 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	599.7669 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	920.4535 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1161.0148 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1938.9569	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
226.1186	b <sub>3</sub>	615.2998 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	920.9156 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1179.6004	b <sub>11</sub>	1940.9474	y <sub>17</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
249.1508 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	648.7554 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	921.5152	b <sub>9</sub>	1189.0635 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2007.9784	b <sub>19</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
272.1717	y <sub>2</sub>	650.3872	b <sub>7</sub>	940.9200 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1198.5266	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2035.8535	y <sub>16</sub>
297.6772 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	663.3685	y <sub>6</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	955.4258	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1209.5412 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	2036.9338	b <sub>18</sub>
298.1392 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	664.2882 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	969.4420 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1229.5923	y <sub>11</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2038.9243	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
332.1879 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	679.8211 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	969.9040 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1238.0519 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	2054.0315	y <sub>18</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
339.2027	b <sub>4</sub>	683.3435 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	969.9821 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1296.5035	y <sub>10</sub>	2105.0311	b <sub>20</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
341.1932	y <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	692.3239	y <sub>5</sub>	970.9773 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1327.5692	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2105.9553	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
346.6656 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	711.8542 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	996.3812	y <sub>7</sub>	1358.6349	y <sub>12</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2125.0686	y <sub>19</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
381.1763 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	713.2767 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	1004.4928 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1365.6797	b <sub>12</sub>	2136.9012	y <sub>17</sub>
400.7174 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	728.8095 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1012.4473	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1422.7012	b <sub>13</sub>	2152.0084	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
403.7478 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	737.3345 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1018.4304 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1425.5461	y <sub>11</sub>	2203.008	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
429.2281 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	740.3650 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1018.9705 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1456.6118	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2203.9322	b <sub>19</sub>
430.1648 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	761.3454	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1019.9658 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1473.6618	y <sub>13</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2222.1214	y <sub>20</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
439.1701	y <sub>3</sub>	777.7980 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1027.5194 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1479.7227	b <sub>14</sub>	2223.0455	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
440.2504	b <sub>5</sub>	786.3230 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1050.5578	b <sub>10</sub>	1554.5886	y <sub>12</sub>	2249.9853	y <sub>18</sub>
449.7058 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	800.4274	y <sub>7</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1053.0192 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1571.6387	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2300.9849	b <sub>20</sub>
457.7388 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	806.4883	b <sub>8</sub>	1053.4027	y <sub>8</sub>	1616.7816	b <sub>15</sub>	2320.0983	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
461.2613 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	808.8944 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1053.4813 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1629.7629	y <sub>14</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2321.0224	y <sub>19</sub>
478.2165 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	815.3851 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1063.0379 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1669.6156	y <sub>13</sub>	2377.1197	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
497.2943	y <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	835.3114 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1068.9542 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1685.803	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2418.0751	y <sub>20</sub>
498.6942 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	843.4052 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1076.5078 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1727.7398	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2475.0966	MH
506.7273 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	857.4489	y <sub>8</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1100.5497	y <sub>10</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1742.847	y <sub>15</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
525.7826 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	859.3223	y <sub>6</sub>	1102.0077 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1782.8558	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
527.2050 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	864.3735 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1102.4697 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1783.7799	b <sub>16</sub>		
537.3031	b <sub>6</sub>	871.9271 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1110.4241	y <sub>9</sub>	1825.7167	y <sub>14</sub>		

MS/MS Fragmentation of ARsVDALDDLTTPSTAESGRSPTsNGGR  
 Found in IPI00328218, Isoform 2 of Lipolysis-stimulated lipoprotein receptor



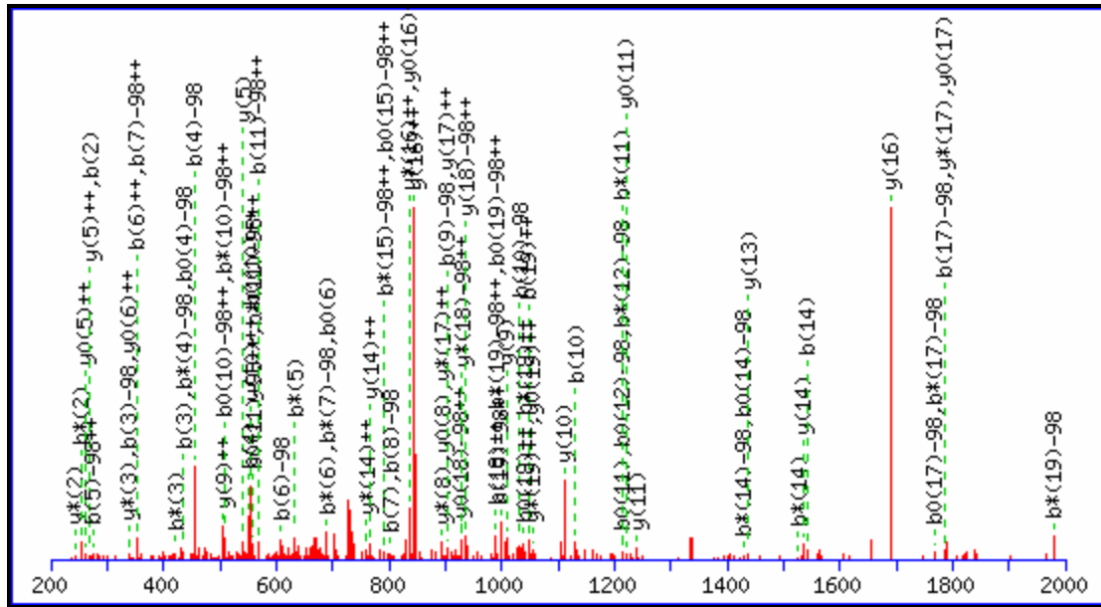
88.0631 <sup>-2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	570.2882 <sup>-2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	933.4474 <sup>-2</sup>	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1330.0679 <sup>-2</sup>	b <sub>25</sub> <sup>+2</sup>	2038.919	y <sub>20</sub>
114.5764 <sup>-2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	572.7763 <sup>-2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	953.9251 <sup>-2</sup>	b <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1333.6747	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2050.8965	b <sub>20</sub>
116.5738 <sup>-2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	573.2739	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	963.4211 <sup>-2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1334.0983 <sup>-2</sup>	y <sub>26</sub> <sup>+2</sup>	2055.969	y <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
145.0846 <sup>-2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	578.2488 <sup>-2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	970.9747 <sup>-2</sup>	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1334.5988	b <sub>12</sub>	2109.0207	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
149.0871 <sup>-2</sup>	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	582.2994	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	976.9634 <sup>-2</sup>	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1338.1009 <sup>-2</sup>	b <sub>26</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2153.9459	y <sub>21</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	609.2392	b <sub>5</sub>	982.4359 <sup>-2</sup>	b <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1344.6251	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2170.9959	y <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
198.0756 <sup>-2</sup>	b <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	618.8146 <sup>-2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1000.4919	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1346.1339 <sup>-2</sup>	b <sub>28</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2196.0527	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
198.6213 <sup>-2</sup>	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	619.2766 <sup>-2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	1011.4367	y <sub>9</sub>	1366.6116 <sup>-2</sup>	b <sub>27</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2206.9976	b <sub>21</sub>
202.1060 <sup>-2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	621.7648 <sup>-2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1019.9631 <sup>-2</sup>	y <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1368.6091 <sup>-2</sup>	y <sub>27</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2268.9728	y <sub>22</sub>
228.1455	b <sub>2</sub>	637.2976 <sup>-2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1023.4143	b <sub>9</sub>	1371.5649	y <sub>13</sub>	2284.08	y <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
232.1404	y <sub>2</sub>	667.3410 <sup>-2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1025.9519 <sup>-2</sup>	b <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1387.0893 <sup>-2</sup>	b <sub>26</sub> <sup>+2</sup>	2293.1055	b <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
236.6168 <sup>-2</sup>	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	667.8030 <sup>-2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1028.4881 <sup>-2</sup>	y <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1395.1223 <sup>-2</sup>	b <sub>28</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2294.0296	b <sub>22</sub>
247.6098 <sup>-2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	670.3267	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1038.5214	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1397.6712 <sup>-2</sup>	y <sub>28</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2355.1171	y <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
256.1348 <sup>-2</sup>	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	671.2508	y <sub>6</sub>	1055.0140 <sup>-2</sup>	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1415.6000 <sup>-2</sup>	b <sub>27</sub> <sup>+2</sup>	2382.0569	y <sub>23</sub>
285.6052 <sup>-2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	672.8162 <sup>-2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1057.5133	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1417.5975 <sup>-2</sup>	y <sub>27</sub> <sup>+2</sup>	2391.0824	b <sub>23</sub>
287.1406 <sup>-2</sup>	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	680.2763	b <sub>6</sub>	1077.4766 <sup>-2</sup>	y <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1420.7067	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2394.1532	b <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
289.1619	y <sub>3</sub>	686.2861 <sup>-2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1086.0016 <sup>-2</sup>	y <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1431.6516	b <sub>13</sub>	2453.094	y <sub>24</sub>
291.6534 <sup>-2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	695.3835	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1098.4688	y <sub>10</sub>	1442.602	y <sub>14</sub>	2463.1746	b <sub>25</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
297.167	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	710.8570 <sup>-2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1098.5300 <sup>-2</sup>	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1444.1108 <sup>-2</sup>	b <sub>28</sub> <sup>+2</sup>	2470.1441	y <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
305.1232 <sup>-2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	716.3294 <sup>-2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1104.0024 <sup>-2</sup>	b <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1445.6728	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2492.1301	b <sub>24</sub>
335.6670 <sup>-2</sup>	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	721.8046 <sup>-2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1134.9901 <sup>-2</sup>	y <sub>22</sub> <sup>+2</sup>	1446.6596 <sup>-2</sup>	y <sub>28</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2561.1515	b <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
336.1291 <sup>-2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	723.3400 <sup>-2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1136.4983	b <sub>10</sub>	1482.1782 <sup>-2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2568.121	y <sub>25</sub>
340.6418 <sup>-2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	757.3587	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1139.5691	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1495.6481 <sup>-2</sup>	y <sub>28</sub> <sup>+2</sup>	2569.2125	y <sub>26</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
348.1954 <sup>-2</sup>	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	759.8454 <sup>-2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1142.5436 <sup>-2</sup>	y <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1518.6836	b <sub>14</sub>	2577.2176	b <sub>26</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
379.1830 <sup>-2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	761.3808 <sup>-2</sup>	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1144.5454	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1521.7544	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2634.239	b <sub>27</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
384.6554 <sup>-2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	766.8560 <sup>-2</sup>	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1147.0564 <sup>-2</sup>	b <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1531.1666 <sup>-2</sup>	MH <sup>+2</sup>	2638.2339	y <sub>27</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
395.1439	b <sub>3</sub>	768.3036	y <sub>7</sub>	1147.5185 <sup>-2</sup>	b <sub>22</sub> <sup>+2</sup>	1532.7048	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2659.1284	b <sub>25</sub>
396.2354	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	772.3285 <sup>-2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1155.4902	y <sub>11</sub>	1543.6497	y <sub>15</sub>	2667.1894	y <sub>26</sub>
397.1838 <sup>-2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	793.3604	b <sub>7</sub>	1178.0622 <sup>-2</sup>	y <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1592.7915	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2675.1945	b <sub>26</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
403.2048	y <sub>4</sub>	796.8994 <sup>-2</sup>	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1191.5321 <sup>-2</sup>	y <sub>23</sub> <sup>+2</sup>	1619.7313	b <sub>15</sub>	2691.2605	b <sub>28</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
405.7089 <sup>-2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	810.3693 <sup>-2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1196.0448 <sup>-2</sup>	b <sub>23</sub> <sup>+2</sup>	1629.7576	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2732.2159	b <sub>27</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
428.1715 <sup>-2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	810.4104	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1197.5802 <sup>-2</sup>	b <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1630.6817	y <sub>16</sub>	2736.2108	y <sub>27</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
454.6973 <sup>-2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	815.3824 <sup>-2</sup>	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1227.0506 <sup>-2</sup>	y <sub>24</sub> <sup>+2</sup>	1690.7684	b <sub>16</sub>	2773.1714	b <sub>26</sub>
457.2336 <sup>-2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	815.8445 <sup>-2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1232.0910 <sup>-2</sup>	b <sub>25</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1721.8341	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2789.2374	b <sub>28</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
463.2223 <sup>-2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	845.8878 <sup>-2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1235.5757 <sup>-2</sup>	y <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1726.8103	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2794.3351	y <sub>28</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
472.2263	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	855.3356	y <sub>8</sub>	1236.6219	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1727.7344	y <sub>17</sub>	2830.1928	b <sub>27</sub>
494.2123	b <sub>4</sub>	861.4207 <sup>-2</sup>	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1237.546	b <sub>11</sub>	1808.8661	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2834.1877	y <sub>27</sub>
500.7496 <sup>-2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	863.9088 <sup>-2</sup>	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1242.5223	y <sub>12</sub>	1819.811	b <sub>17</sub>	2887.2143	b <sub>28</sub>
506.2220 <sup>-2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	864.3709 <sup>-2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1246.5687 <sup>-2</sup>	b <sub>24</sub> <sup>+2</sup>	1824.7872	y <sub>18</sub>	2892.3119	y <sub>28</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
511.2623	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	904.9367 <sup>-2</sup>	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1273.588	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1827.858	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2963.3491	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
512.2108 <sup>-2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	908.3873	b <sub>8</sub>	1281.0794 <sup>-2</sup>	b <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1865.8876	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2990.2888	y <sub>28</sub>
519.7644 <sup>-2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	910.4091 <sup>-2</sup>	b <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1284.5641 <sup>-2</sup>	y <sub>25</sub> <sup>+2</sup>	1906.843	b <sub>18</sub>	3061.326	MH
529.2603 <sup>-2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	912.8972 <sup>-2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1285.1099 <sup>-2</sup>	y <sub>26</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1925.8349	y <sub>19</sub>		
549.7380 <sup>-2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	913.4599	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1289.1124 <sup>-2</sup>	b <sub>26</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1940.9421	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
568.7528 <sup>-2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	914.4326 <sup>-2</sup>	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1317.6232 <sup>-2</sup>	b <sub>27</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1952.9196	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
570.2032	y <sub>5</sub>	925.4374	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1319.6206 <sup>-2</sup>	y <sub>27</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1963.8645	b <sub>19</sub>		

MS/MS Fragmentation of SLsLDPGQSLEPHPEGPQR  
 Found in IPI00024312, FYVE, RhoGEF and PH domain-containing protein 1



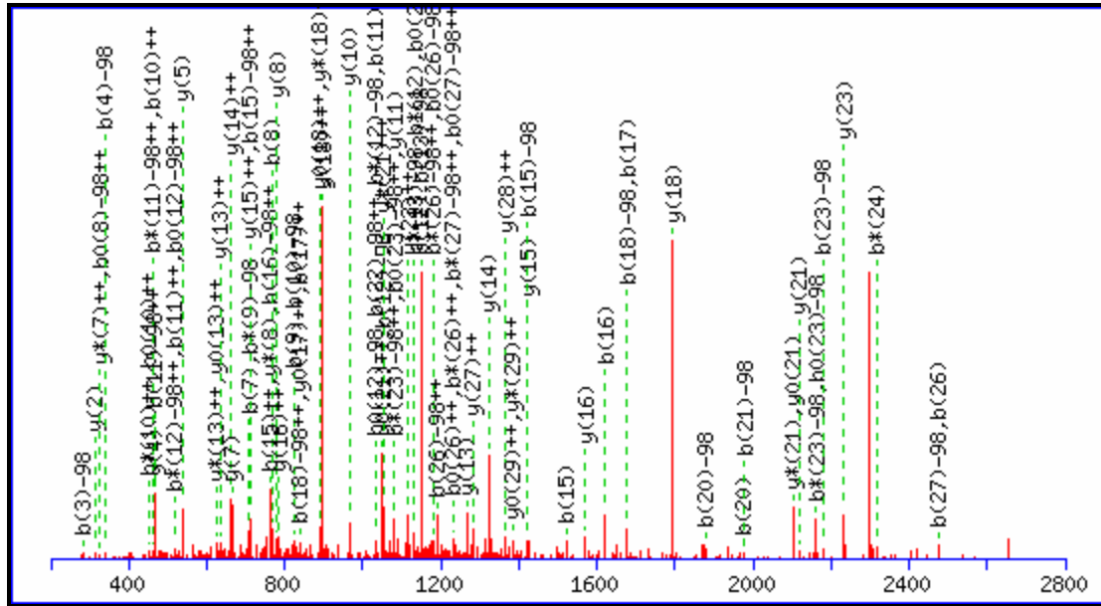
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	523.7543 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	785.3808 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	980.5047	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1538.6887	b <sub>14</sub>
152.0924 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	580.2964 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	813.8916 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1013.5031 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1569.7544	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	586.2944	y <sub>5</sub>	820.406	y <sub>7</sub>	1018.9755 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1626.7758	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
200.6188 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	595.3086	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	822.3922 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1046.5014	y <sub>9</sub>	1643.7772	y <sub>15</sub>
201.1234	b <sub>2</sub>	596.2327	b <sub>5</sub>	834.3693 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1062.4915 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1667.7313	b <sub>15</sub>
229.1295 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	623.8124 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	862.4179 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1078.4816	b <sub>10</sub>	1723.8286	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
270.1448	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	652.3301	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	862.8800 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1109.5473	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1724.7527	b <sub>16</sub>
293.6508 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	672.3331 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	867.4207	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1159.5854	y <sub>10</sub>	1756.8613	y <sub>16</sub>
303.1775	y <sub>2</sub>	683.3471	y <sub>6</sub>	878.3655	b <sub>8</sub>	1206.6001	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1821.8055	b <sub>17</sub>
342.1772 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	687.8417 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	878.9343 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1207.5242	b <sub>11</sub>	1825.8828	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
368.1217	b <sub>3</sub>	693.2855	b <sub>6</sub>	911.4064 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1246.6175	y <sub>11</sub>	1851.8872	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
383.2289	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	716.3524 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	913.4450 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1304.577	b <sub>12</sub>	1923.8596	y <sub>17</sub>
400.2303	y <sub>3</sub>	720.8595 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	917.4588	y <sub>8</sub>	1343.659	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1938.9668	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
410.7067 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	721.3216 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	926.4472 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1374.6761	y <sub>12</sub>	1949.8641	b <sub>18</sub>
457.2518	y <sub>4</sub>	750.307	b <sub>7</sub>	962.4335 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1431.6975	y <sub>13</sub>	2025.9988	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
459.2330 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	764.8788 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	965.3976	b <sub>9</sub>	1440.7118	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2036.9437	y <sub>18</sub>
481.2058	b <sub>4</sub>	769.8480 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	969.9870 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1441.6359	b <sub>13</sub>	2123.9757	MH
498.2558	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	780.3886	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	975.4357 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1528.7503	y <sub>14</sub>		

MS/MS Fragmentation of LRSDPGPPTETPSQRPSPLK  
 Found in IPI00024312, FYVE, RhoGEF and PH domain-containing protein 1



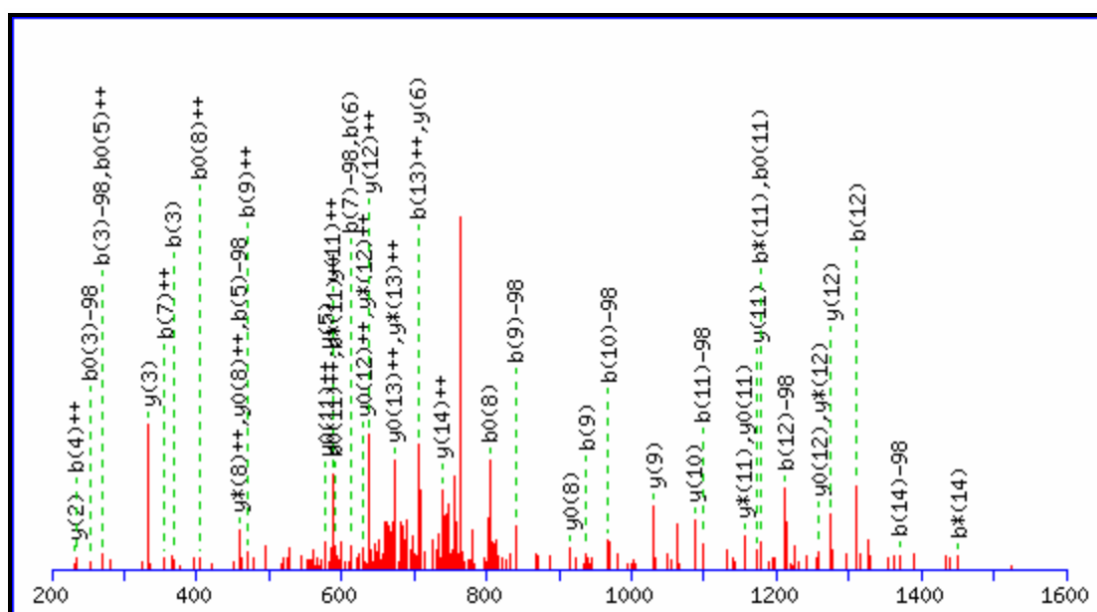
74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	437.1908	b <sub>3</sub>	705.3678	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	985.9646 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1543.6788	b <sub>14</sub>
130.6021 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	444.2817	y <sub>4</sub>	706.292	b <sub>6</sub>	990.9624 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1591.8438	y <sub>15</sub>
135.5999 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	450.7024 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	708.3138 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	998.5160 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1601.803	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	452.2378 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	719.3884 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1001.4452	b <sub>9</sub>	1688.8966	y <sub>16</sub>
170.1106 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	454.2409	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	723.3546 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1009.5789	y <sub>9</sub>	1698.8558	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
179.1285 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	456.7667 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	767.9148 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1015.0267 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1699.7799	b <sub>15</sub>
219.0990 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	501.2262 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	772.3431 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1032.5109	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1785.8878	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
222.6445 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	505.2931 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	796.4256 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1047.5044 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1796.8327	b <sub>16</sub>
227.6241 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	516.7591 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	801.4052 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1064.0151 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1803.9236	y <sub>17</sub>
260.1969	y <sub>2</sub>	541.3344	y <sub>5</sub>	802.4206	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1071.5687 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1872.945	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
270.1925	b <sub>2</sub>	551.2936	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	803.3447	b <sub>7</sub>	1110.6266	y <sub>10</sub>	1882.9406	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
271.1709 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	552.2178	b <sub>4</sub>	825.4941	y <sub>7</sub>	1120.5572 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1883.8647	b <sub>17</sub>
276.1504 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	555.8169 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	844.9519 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1130.4878	b <sub>10</sub>	1970.9219	y <sub>18</sub>
276.6125 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	565.7475 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	849.9315 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1133.5586	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1980.9175	b <sub>18</sub>
304.6612 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	567.2829 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	850.3936 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1230.6113	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1996.0247	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
325.1389 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	608.3151	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	893.4476 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1231.5355	b <sub>11</sub>	2029.0461	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
339.2139	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	615.8093 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	898.9200 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1239.6692	y <sub>11</sub>	2094.0016	b <sub>19</sub>
349.2214 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	616.2714 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	900.3975	b <sub>8</sub>	1317.6434	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2127.023	y <sub>19</sub>
353.1876 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	620.3382 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	902.4654 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1328.5882	b <sub>12</sub>	2142.1302	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
353.6496 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	649.2705	b <sub>5</sub>	903.4683	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1340.7169	y <sub>12</sub>	2240.1071	MH
357.2496	y <sub>3</sub>	659.3253 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	912.5261	y <sub>8</sub>	1415.6203	b <sub>13</sub>		
401.7139 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	664.7977 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	936.9761 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1437.7696	y <sub>13</sub>		
402.1760 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	670.8621 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	941.9739 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1445.7019	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
413.2507 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	697.4355	y <sub>6</sub>	942.4360 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1534.8224	y <sub>14</sub>		

MS/MS Fragmentation of RGsGSALGGPLDPQFVGPSDTSLGAAPGHR  
 Found in IPI00024312, FYVE, RhoGEF and PH domain-containing protein 1



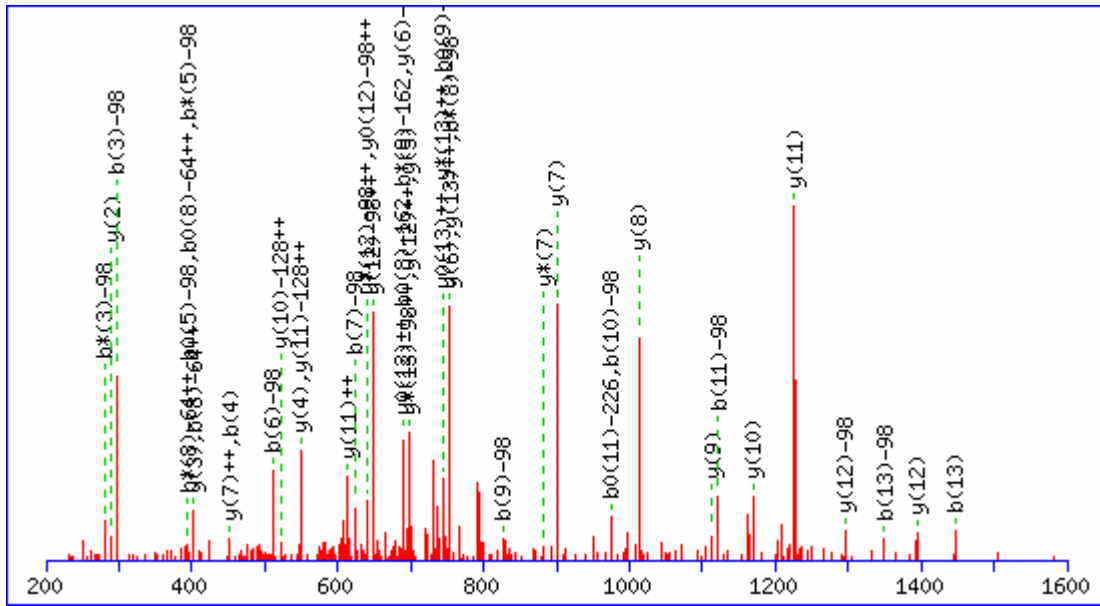
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	468.2565 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	848.9237 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1238.5788 <sup>+2</sup>	b <sub>26</sub> <sup>+2</sup>	1978.9617	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
107.5686 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	483.7594 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	865.4639	y <sub>9</sub>	1245.5623	b <sub>13</sub>	2022.0039	y <sub>20</sub>
142.0793 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	498.2419	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	881.9472 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1252.6301 <sup>+2</sup>	y <sub>26</sub> <sup>+2</sup>	2065.9938	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
156.5926 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	517.2450 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	887.4196 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1265.6233	y <sub>13</sub>	2076.9386	b <sub>21</sub>
170.5900 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	525.1817	b <sub>5</sub>	897.4501 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1266.6275 <sup>+2</sup>	b <sub>28</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2119.0567	y <sub>21</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	525.7700 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	920.3986	b <sub>10</sub>	1275.644	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2163.9707	b <sub>22</sub>
185.1033 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	537.2892	y <sub>5</sub>	930.9356 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1281.1408 <sup>+2</sup>	y <sub>27</sub> <sup>+2</sup>	2176.0782	y <sub>22</sub>
191.0677 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	541.2729 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	935.5057	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1287.1052 <sup>+2</sup>	b <sub>27</sub> <sup>+2</sup>	2179.0778	b <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
214.1060 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	574.2964 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	939.4607 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1315.6160 <sup>+2</sup>	b <sub>28</sub> <sup>+2</sup>	2233.0996	y <sub>23</sub>
214.1299	b <sub>2</sub>	574.7584 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	954.9636 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1315.6515 <sup>+2</sup>	y <sub>28</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2236.0993	b <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
219.5785 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	584.7889 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	966.5116	y <sub>10</sub>	1322.6448	y <sub>14</sub>	2277.0547	b <sub>23</sub>
233.6297 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	596.2188	b <sub>6</sub>	988.4491 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1335.1570 <sup>+2</sup>	b <sub>29</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2307.1364	b <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
249.6246 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	608.3263	y <sub>6</sub>	989.9845 <sup>+2</sup>	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1344.1622 <sup>+2</sup>	y <sub>29</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2334.0762	b <sub>24</sub>
263.0945 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	611.326	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1011.5056 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1364.6400 <sup>+2</sup>	y <sub>28</sub> <sup>+2</sup>	2346.1837	y <sub>24</sub>
269.1482 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	623.2848 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1033.4826	b <sub>11</sub>	1373.6209	b <sub>14</sub>	2378.1735	b <sub>26</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
283.1513	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	633.3153 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1033.5005 <sup>+2</sup>	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1384.1454 <sup>+2</sup>	b <sub>29</sub> <sup>+2</sup>	2405.1133	b <sub>25</sub>
298.6130 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	638.3257 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1038.9730 <sup>+2</sup>	b <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1393.1507 <sup>+2</sup>	y <sub>29</sub> <sup>+2</sup>	2417.2208	y <sub>25</sub>
304.6668 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	661.8260 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1050.5327	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1421.7132	y <sub>15</sub>	2475.2263	b <sub>27</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
306.1666 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	665.3478	y <sub>7</sub>	1060.0320 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1422.2128 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2476.1504	b <sub>26</sub>
312.1779	y <sub>2</sub>	668.3474	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1081.5385	y <sub>11</sub>	1422.7124	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2504.2528	y <sub>26</sub>
333.1775 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	687.3141 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1082.4890 <sup>+2</sup>	b <sub>22</sub> <sup>+2</sup>	1471.2013 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	2532.2477	b <sub>28</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
334.6774 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	709.3029	b <sub>7</sub>	1088.5427 <sup>+2</sup>	y <sub>22</sub> <sup>+2</sup>	1520.6893	b <sub>15</sub>	2561.2743	y <sub>27</sub>
340.1728	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	711.3602 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1090.0425 <sup>+2</sup>	b <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1521.7809	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2573.2032	b <sub>27</sub>
355.1551 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	711.8599 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1117.0534 <sup>+2</sup>	y <sub>23</sub> <sup>+2</sup>	1568.7816	y <sub>16</sub>	2630.2246	b <sub>28</sub>
363.1881 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	725.3689	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1118.5533 <sup>+2</sup>	b <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1578.8023	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2630.2958	y <sub>28</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
369.1993	y <sub>3</sub>	760.8483 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1139.0310 <sup>+2</sup>	b <sub>23</sub> <sup>+2</sup>	1619.7577	b <sub>16</sub>	2669.3067	b <sub>29</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
381.1282	b <sub>3</sub>	761.3941 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1147.5854	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1675.8551	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2687.3172	y <sub>29</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
383.6658 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	766.3243	b <sub>8</sub>	1148.5096	b <sub>12</sub>	1676.7792	b <sub>17</sub>	2728.2726	y <sub>28</sub>
389.7196 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	778.4318	y <sub>8</sub>	1154.0718 <sup>+2</sup>	b <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1696.8402	y <sub>17</sub>	2767.2835	b <sub>29</sub>
411.7145 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	784.8944 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1167.5417 <sup>+2</sup>	b <sub>24</sub> <sup>+2</sup>	1762.8871	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2785.2941	y <sub>29</sub>
412.1765 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	789.9048 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1168.5705	y <sub>12</sub>	1773.832	b <sub>18</sub>	2843.4183	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
427.2048	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	810.3825 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1173.5955 <sup>+2</sup>	y <sub>24</sub> <sup>+2</sup>	1793.8929	y <sub>18</sub>	2941.3952	MH
433.2356 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	822.4217	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1189.5904 <sup>+2</sup>	b <sub>26</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1860.864	b <sub>19</sub>		
438.1497	b <sub>4</sub>	823.3458	b <sub>9</sub>	1203.0603 <sup>+2</sup>	b <sub>25</sub> <sup>+2</sup>	1877.9141	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
460.7029 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	838.4312 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1209.1140 <sup>+2</sup>	y <sub>25</sub> <sup>+2</sup>	1908.9199	y <sub>19</sub>		
466.2521	y <sub>4</sub>	838.8932 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1238.1168 <sup>+2</sup>	b <sub>27</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1975.8909	b <sub>20</sub>		

MS/MS Fragmentation of sISTSGPLDKEDTGR  
 Found in IPI00396063, Similar to IRLB



88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	410.6934 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	598.2658 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	738.3705 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1195.5242	b <sub>11</sub>
116.5738 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	448.215	y <sub>4</sub>	606.7908 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	772.8812 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1212.5743	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
167.0977 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	458.2245	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	612.2988	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	820.3795	y <sub>7</sub>	1275.6175	y <sub>12</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	467.2354 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	613.2229	b <sub>6</sub>	821.8696 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1310.5512	b <sub>12</sub>
183.1128	b <sub>2</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	469.1694	b <sub>4</sub>	638.3124 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	823.3597	b <sub>8</sub>	1313.622	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
224.6112 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	484.7560 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	655.7792 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	840.4098	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1362.6496	y <sub>13</sub>
232.1404	y <sub>2</sub>	515.246	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	657.3146 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	933.4636	y <sub>8</sub>	1370.6434	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
270.1448	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	515.7618 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	681.8284 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	938.3867	b <sub>9</sub>	1411.5988	b <sub>13</sub>
281.0897	b <sub>2</sub>	533.7445 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	685.8253 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	968.5047	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1468.6203	b <sub>14</sub>
289.1325 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	544.2726 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	705.3526	y <sub>6</sub>	1030.5164	y <sub>9</sub>	1475.7336	y <sub>14</sub>
333.1881	y <sub>3</sub>	549.2773 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	706.3031 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1066.4816	b <sub>10</sub>	1544.7551	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
353.1799 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	556.2014	b <sub>5</sub>	710.2757	b <sub>7</sub>	1087.5378	y <sub>10</sub>	1642.732	MH
368.1217	b <sub>3</sub>	577.2576	y <sub>5</sub>	725.3828	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1097.5473	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
371.1925	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	587.7886 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	734.8138 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1174.5699	y <sub>11</sub>		

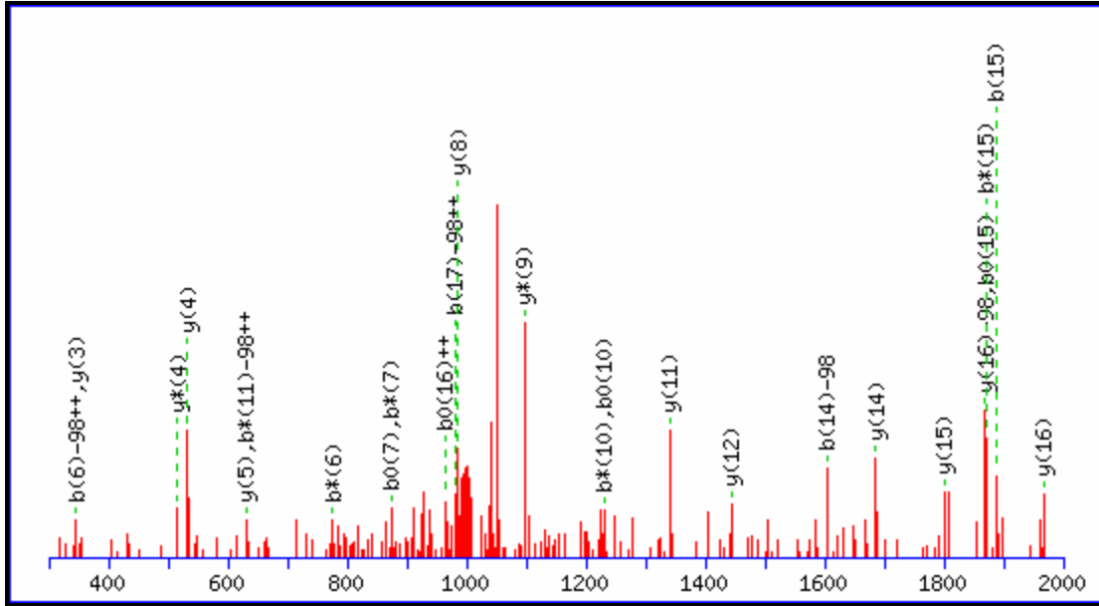
MS/MS Fragmentation of NLsGGVLMGFmLNR  
 Found in IPI00396063, Similar to IRLB



88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	402.2459	y <sub>3</sub>	623.3511	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	868.3634	b <sub>8</sub>	1295.6235	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
145.0846 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	411.1987	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	648.3154 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	900.4066	y <sub>7</sub>	1332.5728	b <sub>12</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	450.7069 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	696.3498	y <sub>5</sub>	925.3849	b <sub>9</sub>	1348.6388	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
201.6266 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	452.1541	b <sub>4</sub>	697.3038 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	974.4764	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1393.6004	y <sub>12</sub>
228.1343	b <sub>2</sub>	507.2490 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	704.8574 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1013.4907	y <sub>8</sub>	1408.7076	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
275.1443 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	509.1756	b <sub>5</sub>	721.328	b <sub>7</sub>	1072.4533	b <sub>10</sub>	1446.6157	b <sub>13</sub>
289.1619	y <sub>2</sub>	510.2671	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	753.3712	y <sub>6</sub>	1112.5591	y <sub>9</sub>	1506.6844	y <sub>13</sub>
297.1557	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	549.2813	y <sub>4</sub>	753.8459 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1121.5118	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1522.7505	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
348.6785 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	556.7832 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	761.8789 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1169.5806	y <sub>10</sub>	1620.7274	MH
354.1772	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	585.2939 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	770.3865	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1219.4887	b <sub>11</sub>		
377.1892 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	608.244	b <sub>6</sub>	810.8673 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1226.602	y <sub>11</sub>		
395.1326	b <sub>3</sub>	613.8047 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	827.408	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1234.5959	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

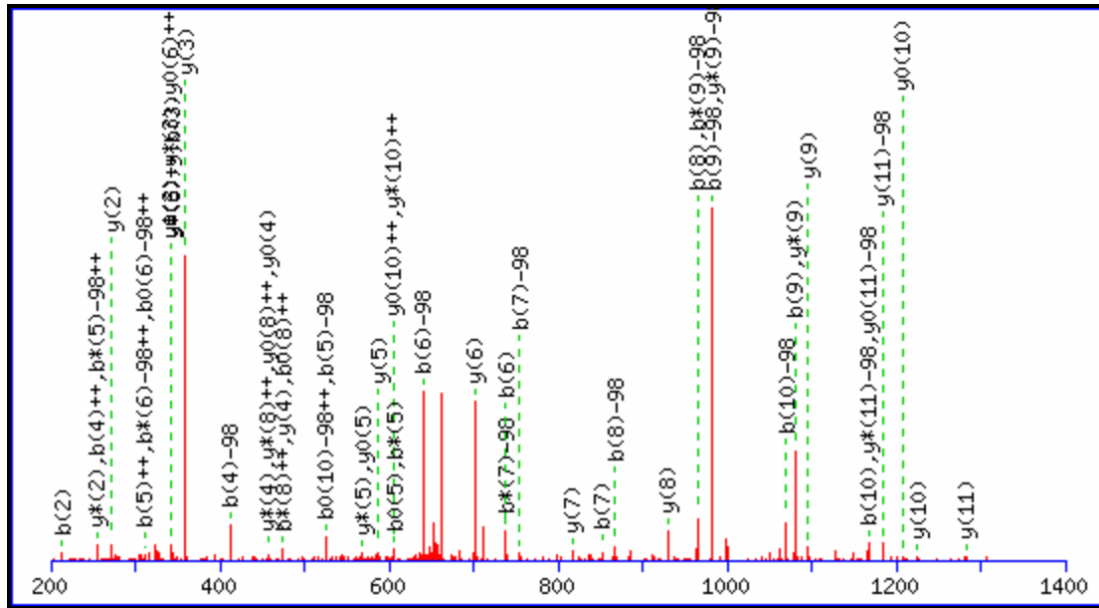


MS/MS Fragmentation of HKsDNETNLQQVWVWGNR  
 Found in IPI00396063, Similar to IRLB



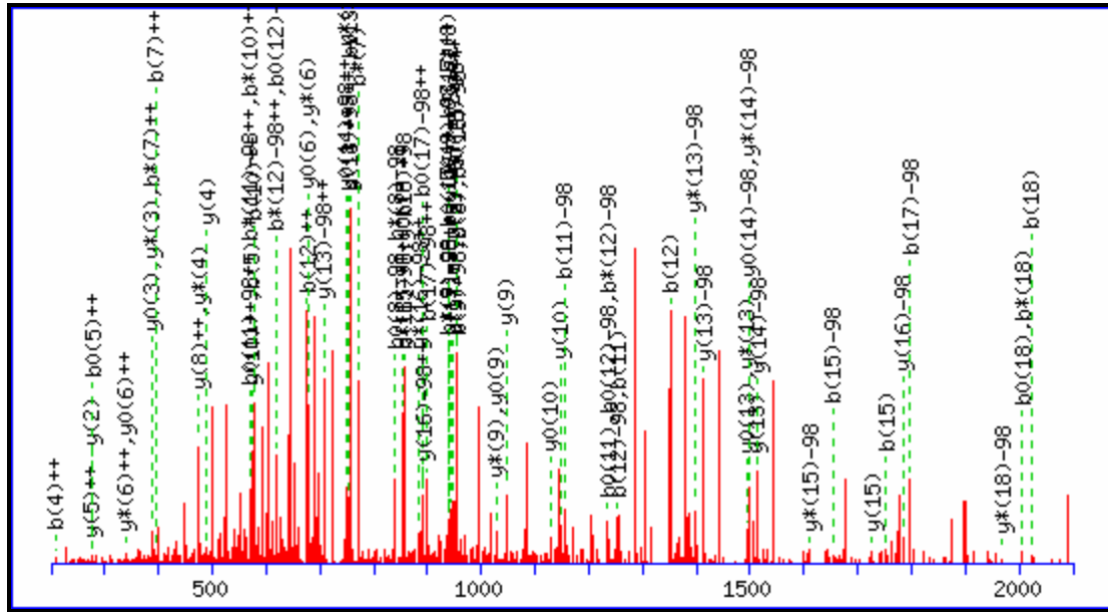
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	429.7327 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	693.2951	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	972.9336 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1503.6224	b <sub>12</sub>
133.5842 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	433.1595	b <sub>3</sub>	703.3264 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	980.9666 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1504.7139	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
145.0846 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	446.6635 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	721.8786 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	984.4340 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1571.7925	y <sub>13</sub>
168.0949 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	450.2096	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	730.3995	y <sub>6</sub>	986.5166	y <sub>8</sub>	1602.6908	b <sub>13</sub>
173.5953 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	454.6965 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	752.3148 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	999.4930 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1603.7823	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	493.7620 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	752.8606 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1006.3626	b <sub>8</sub>	1685.8354	y <sub>14</sub>
217.0834 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	503.6849 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	786.3999 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1021.4697	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1701.7592	b <sub>14</sub>
225.6084 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	511.2385 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	791.272	b <sub>6</sub>	1029.9551 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1789.8616	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
266.1612	b <sub>2</sub>	532.2627	y <sub>4</sub>	794.3428	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1048.4815 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1800.8624	y <sub>15</sub>
266.6350 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	548.1865	b <sub>4</sub>	801.8490 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1068.0225 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1846.8831	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
274.5969 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	557.7912 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	802.3948 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1114.5752	y <sub>9</sub>	1869.8838	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
282.6299 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	560.2270 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	843.4213 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1117.0109 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1887.8385	b <sub>15</sub>
289.1619	y <sub>2</sub>	564.2525	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	851.3832 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1119.4466	b <sub>9</sub>	1944.86	b <sub>16</sub>
316.1692 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	575.2678 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	858.4581	y <sub>7</sub>	1149.5283	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1960.926	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
331.6183 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	614.3333 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	892.3197	b <sub>7</sub>	1227.6593	y <sub>10</sub>	1967.8607	y <sub>16</sub>
335.1826	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	624.2562 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	895.4344 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1247.5052	b <sub>10</sub>	1997.9788	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
346.1833	y <sub>3</sub>	631.3311	y <sub>5</sub>	900.9348 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1277.5869	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2058.9029	b <sub>17</sub>
347.1512 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	639.2971 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	908.3857	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1341.7022	y <sub>11</sub>	2095.9557	y <sub>17</sub>
365.7034 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	662.2294	b <sub>5</sub>	923.9452 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1375.5638	b <sub>11</sub>	2135.0377	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
396.1396 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	671.3547 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	935.4455 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1405.6455	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2233.0146	MH
397.6750 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	688.2855 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	944.4229 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1442.7499	y <sub>12</sub>		

MS/MS Fragmentation of RGEsLDNLDSPR  
 Found in IPI00409590, Isoform 1 of LIM domain only protein 7



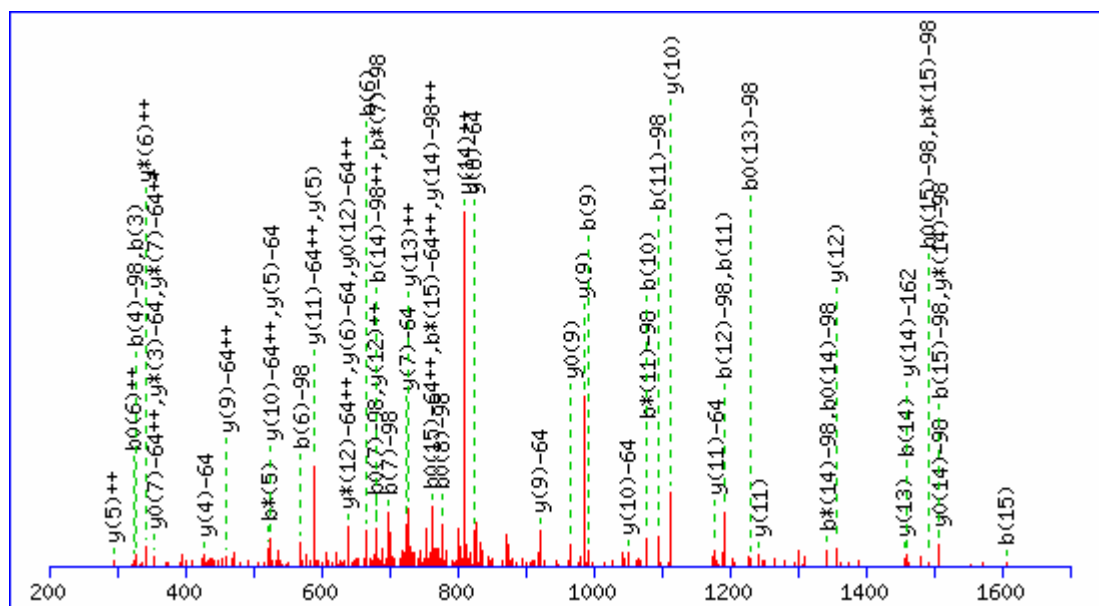
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	320.6561 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	499.7487 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	640.3049	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1069.4909	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
107.5686 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	343.1724	b <sub>3</sub>	510.1708	b <sub>4</sub>	641.7692 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	1080.4357	b <sub>9</sub>
136.5895 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	351.1825 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	525.278	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	670.8313 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1096.467	y <sub>9</sub>
172.0899 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	359.2037	y <sub>3</sub>	535.2491 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	701.3577	y <sub>6</sub>	1127.5327	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	369.6445 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	540.7215 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	719.8197 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1166.5436	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
180.1055 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	377.6776 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	548.7372 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	738.2818	b <sub>6</sub>	1167.4678	b <sub>10</sub>
206.6006 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	408.6959 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	564.2700 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	754.3478	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1184.5542	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
214.1299	b <sub>2</sub>	412.1939	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	583.7755 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	816.3846	y <sub>7</sub>	1225.5096	y <sub>10</sub>
237.6190 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	426.6660 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	584.2375 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	852.3247	b <sub>7</sub>	1264.5205	b <sub>11</sub>
255.5890 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	434.2196 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	587.3148	y <sub>5</sub>	867.4319	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1282.5311	y <sub>11</sub>
263.1426 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	465.2380 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	592.7807 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	929.4687	y <sub>8</sub>	1340.6553	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
272.1717	y <sub>2</sub>	474.2307	y <sub>4</sub>	613.2585 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	965.4088	b <sub>8</sub>	1438.6322	MH
294.1610 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	483.2080 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	623.2549	b <sub>5</sub>	982.4588	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
312.1311 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	491.7331 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	632.7639 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	998.4901	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

MS/MS Fragmentation of TDTVRLTsVVTPRPFGSQTR  
 Found in IPI00409590, Isoform 1 of LIM domain only protein 7



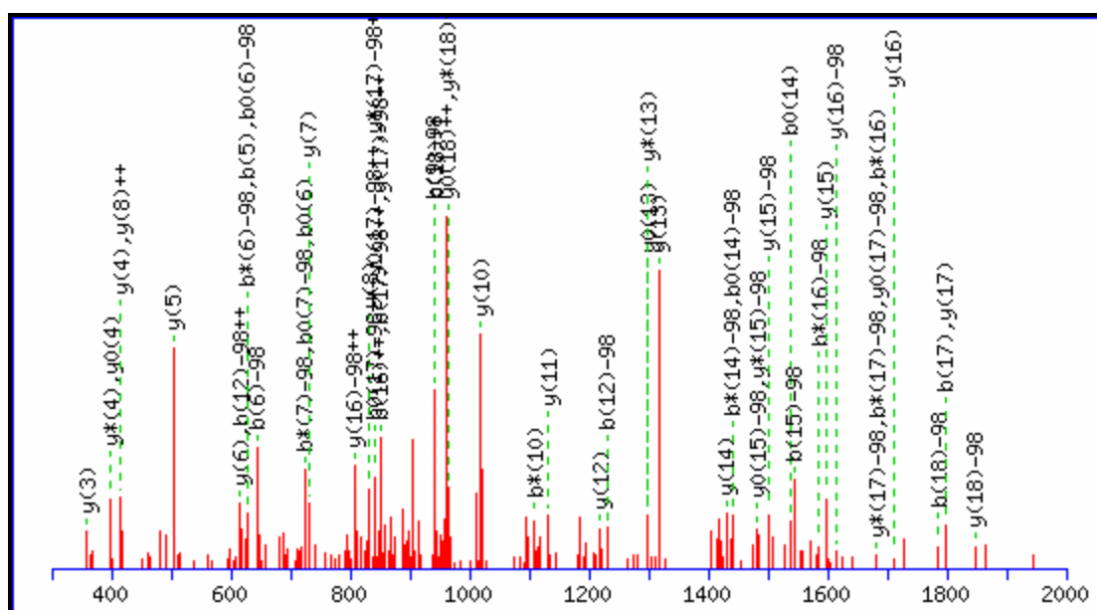
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	527.7982 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	814.4494 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1053.4976	b <sub>9</sub>	1652.9119	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
138.5870 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	548.2787	y <sub>5</sub>	826.9596 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1054.5891	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1709.9333	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	573.2991	b <sub>5</sub>	855.4703 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1062.5279 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1725.8684	y <sub>15</sub>
202.6162 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	573.8044 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	856.4523	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1099.0599 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1750.8888	b <sub>15</sub>
217.0819	b <sub>2</sub>	576.7867 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	863.4378 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1100.5953 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1783.9926	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
246.1323 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	578.3220 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	875.9480 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1146.6014	y <sub>10</sub>	1796.9654	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
274.6430 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	623.3386 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	892.4999 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1149.5837 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1807.9102	b <sub>16</sub>
276.1666	y <sub>2</sub>	626.8484 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	898.9863 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1152.566	b <sub>10</sub>	1881.9695	y <sub>16</sub>
287.1532 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	627.3105 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	904.4588 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1155.6368	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1883.061	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
318.1296	b <sub>3</sub>	672.8728 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	941.4884 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1245.6698	y <sub>11</sub>	1894.9423	b <sub>17</sub>
343.6952 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	675.8369 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	942.0341 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1252.6896	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1925.0239	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
348.1772 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	686.3832	b <sub>6</sub>	947.9748 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1253.6137	b <sub>11</sub>	1981.0379	y <sub>17</sub>
394.2191 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	695.3471	y <sub>6</sub>	948.501	y <sub>8</sub>	1344.7383	y <sub>12</sub>	1984.1087	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
396.7036 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	704.8990 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	954.4292	b <sub>8</sub>	1350.6665	b <sub>12</sub>	2023.0008	b <sub>18</sub>
404.2252	y <sub>3</sub>	707.3835 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	955.5207	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1408.7907	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2026.0716	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
417.198	b <sub>4</sub>	753.4254 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	963.0156 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1413.7597	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2082.0856	y <sub>18</sub>
428.7298 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	753.8874 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	991.0226 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1505.8435	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2099.1356	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
474.7541 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	756.3719 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	992.5580 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1506.7676	b <sub>13</sub>	2124.0485	b <sub>19</sub>
477.7182 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	757.9073 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1012.0041 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1511.7366	y <sub>13</sub>	2197.1125	y <sub>19</sub>
478.2640 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	787.4308	b <sub>7</sub>	1013.5394 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1514.8074	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2200.1833	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
491.2572	y <sub>4</sub>	792.3999	y <sub>7</sub>	1041.5464 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1603.8203	b <sub>14</sub>	2298.1602	MH
523.2805 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	802.4138 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1045.5538	y <sub>9</sub>	1612.7843	y <sub>14</sub>		
527.2524 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	806.8958 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1050.0714 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1627.8915	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

MS/MS Fragmentation of SAsVNKEPVSLPGImR  
 Found in IPI00409590, Isoform 1 of LIM domain only protein 7



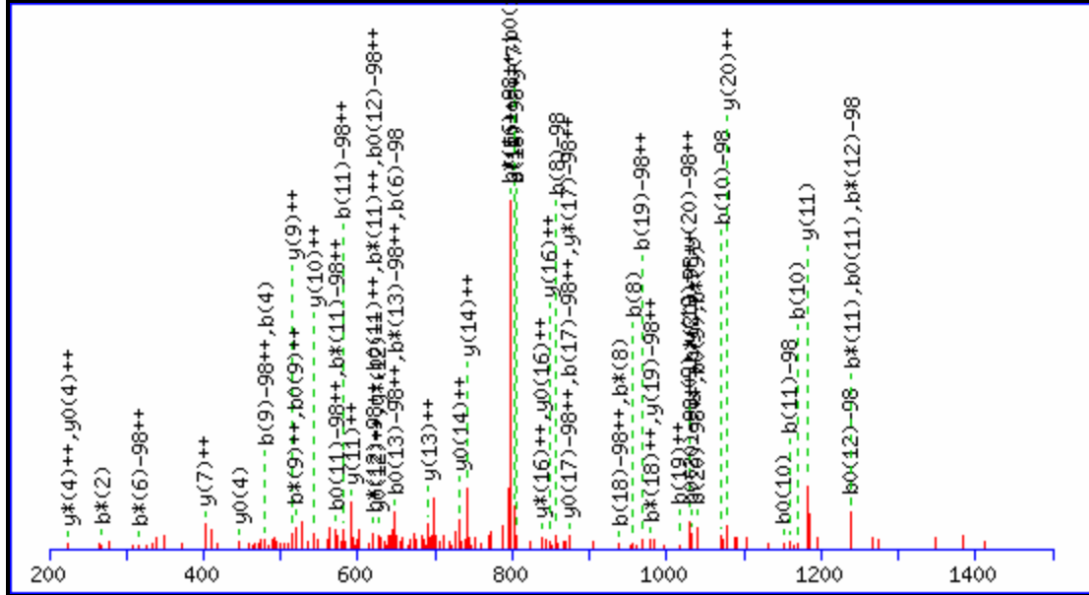
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	398.6655 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	596.3220 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	796.3237	b <sub>7</sub>	1192.5609	b <sub>11</sub>
159.0764	b <sub>2</sub>	425.1432	b <sub>4</sub>	596.7841 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	798.4323 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1242.6875	y <sub>11</sub>
161.5808 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	435.2384	y <sub>3</sub>	621.8474 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	803.8810 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1248.6583	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	441.2092	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	624.8328 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	811.9022 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1289.6137	b <sub>12</sub>
218.1228 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	444.7522 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	645.3105 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	841.9483 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1346.6352	b <sub>13</sub>
228.0979	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	447.1919 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	667.2811	b <sub>6</sub>	847.4208 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1356.7304	y <sub>12</sub>
246.6336 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	447.7376 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	673.8212 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	888.4971	y <sub>8</sub>	1361.7423	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
285.1557 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	491.2536 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	678.8688 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	890.9368 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1455.7988	y <sub>13</sub>
295.1600 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	492.2599	y <sub>4</sub>	681.3748 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	893.3764	b <sub>8</sub>	1459.7192	b <sub>14</sub>
322.1544	y <sub>2</sub>	493.2786 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	698.3468	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	894.468	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1508.7777	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
326.0748	b <sub>3</sub>	496.7261 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	702.3967	y <sub>6</sub>	981.5	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1524.8203	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
327.1663	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	539.1861	b <sub>5</sub>	728.4030 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	985.5499	y <sub>9</sub>	1595.8574	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
334.1442 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	540.2421 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	730.3633 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	992.4449	b <sub>9</sub>	1606.7546	b <sub>15</sub>
349.6770 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	547.7957 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	754.8925 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1079.4769	b <sub>10</sub>	1622.7972	y <sub>14</sub>
351.7020 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	557.7999 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	762.9138 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1094.584	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1682.8894	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
395.2180 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	569.3042	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	789.4287	y <sub>7</sub>	1114.5925	y <sub>10</sub>	1693.8343	y <sub>15</sub>
398.2034 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	589.3126	y <sub>5</sub>	795.3995	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1191.6368	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1780.8663	MH

MS/MS Fragmentation of LFSLsNPSLSTTNLSGPSR  
Found in IPI00431698, 68 kDa protein



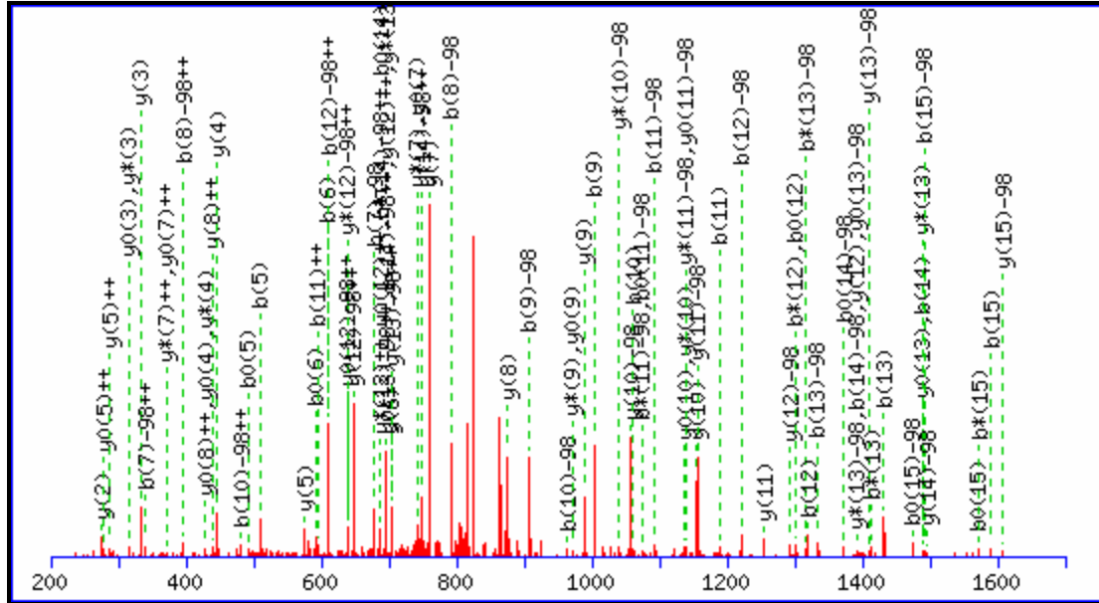
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	503.2572	y <sub>5</sub>	828.425	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1126.518	b <sub>10</sub>	1601.817	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
131.5791 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	510.2594 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	831.4319	y <sub>8</sub>	1129.5888	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1612.8289	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	530.2973	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	839.3699	b <sub>7</sub>	1132.5957	y <sub>11</sub>	1642.7724	b <sub>15</sub>
180.1055 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	566.8015 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	850.4341 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1219.6277	y <sub>12</sub>	1698.8697	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
208.6162 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	610.3175 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	855.9065 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1227.5657	b <sub>11</sub>	1699.7939	b <sub>16</sub>
252.1323 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	616.3413	y <sub>6</sub>	899.4226 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1230.6365	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1699.861	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
261.1598	b <sub>2</sub>	628.2742	b <sub>5</sub>	923.9683 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1316.6805	y <sub>13</sub>	1710.8058	y <sub>16</sub>
262.151	y <sub>2</sub>	644.3402	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	926.4019	b <sub>8</sub>	1328.6134	b <sub>12</sub>	1785.9018	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
308.6743 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	658.8439 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	932.4796	y <sub>9</sub>	1344.6794	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1796.8466	b <sub>17</sub>
348.1918	b <sub>3</sub>	715.8653 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	941.5091	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1430.7234	y <sub>14</sub>	1797.8378	y <sub>17</sub>
359.2037	y <sub>3</sub>	730.3842	y <sub>7</sub>	972.9568 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1442.6563	b <sub>13</sub>	1846.9294	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
365.6958 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	741.393	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	980.5104 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1457.7635	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1883.8787	b <sub>18</sub>
416.2196 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	742.3171	b <sub>6</sub>	1019.5116	y <sub>10</sub>	1499.7449	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1944.9063	y <sub>18</sub>
416.2252	y <sub>4</sub>	750.3761 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1028.5411	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1544.7955	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1960.0134	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
461.2758	b <sub>4</sub>	799.3645 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1029.4988 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1555.7404	b <sub>14</sub>	2057.9903	MH
466.7434 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	806.9181 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1039.486	b <sub>9</sub>	1597.7218	y <sub>15</sub>		

MS/MS Fragmentation of RQPPVsPLTLSPGPEAHQGFSR  
 Found in IPI00431698, 68 kDa protein



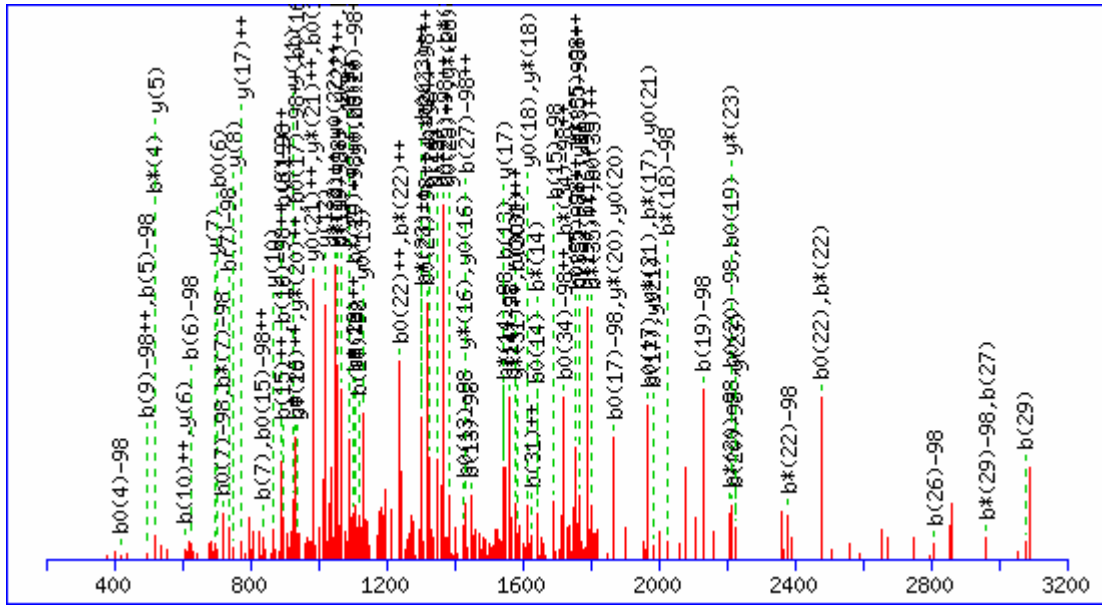
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	514.7490 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	805.4385 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1077.5226 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1693.8656	y <sub>16</sub>
131.5791 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	528.7655 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	818.9084 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1083.5582 <sup>+2</sup>	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1707.8466	b <sub>16</sub>
143.0871 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	536.3191 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	842.392	b <sub>7</sub>	1085.5123	y <sub>10</sub>	1746.9286	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	543.2598 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	847.4365 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1089.0306 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1762.8871	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
191.6135 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	578.3409	b <sub>5</sub>	854.4269 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1092.5635 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1844.9055	b <sub>17</sub>
205.1133 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	579.8351 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	857.4992	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1132.5466 <sup>+2</sup>	b <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1860.864	y <sub>17</sub>
233.6241 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	585.3076 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	873.9679 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1141.5519 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1861.9555	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
240.1399 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	591.7862 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	881.9472 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1158.663	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1874.9872	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
262.151	y <sub>2</sub>	594.2994	y <sub>5</sub>	922.9564 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1169.6078	b <sub>10</sub>	1932.0086	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
285.167	b <sub>2</sub>	628.3615 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	930.9356 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1170.6140 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1959.0083	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
289.6741 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	628.8236 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	931.4381	y <sub>8</sub>	1182.565	y <sub>11</sub>	1959.9324	y <sub>18</sub>
297.6534 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	635.3022 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	931.4814 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1219.6025 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1972.9641	b <sub>18</sub>
324.1848 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	647.3624	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	937.9972 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1255.7157	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2029.9855	b <sub>19</sub>
366.1828 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	656.8722 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	955.4761	b <sub>8</sub>	1256.6399	b <sub>11</sub>	2056.061	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
372.7112 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	677.3500 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	958.5469	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1269.5971	y <sub>12</sub>	2056.9852	y <sub>19</sub>
373.1733 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	691.8442 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	966.5079 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1312.7372	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2079.077	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
382.2197	b <sub>3</sub>	705.3986 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	980.0078 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1353.6926	b <sub>12</sub>	2154.0379	y <sub>20</sub>
401.7014 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	705.8607 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	980.4698 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1382.6811	y <sub>13</sub>	2166.1091	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
409.2194	y <sub>3</sub>	731.3583	y <sub>6</sub>	986.9857 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1409.79	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2177.0539	b <sub>20</sub>
421.6997 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	742.3680 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1015.4964 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1410.7141	b <sub>13</sub>	2184.1196	y <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
429.2532 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	744.4151	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1028.4908	y <sub>9</sub>	1483.7288	y <sub>14</sub>	2264.086	b <sub>21</sub>
466.2227 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	745.3393	b <sub>6</sub>	1028.5342 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1507.7669	b <sub>14</sub>	2282.0965	y <sub>21</sub>
466.2409	y <sub>4</sub>	754.3871 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1028.9962 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1538.8326	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2340.2207	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
478.2417 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	769.9199 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1040.0422 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1596.8129	y <sub>15</sub>	2438.1976	MH
479.2725	b <sub>4</sub>	798.9101 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1056.5238	b <sub>9</sub>	1609.8697	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
479.7771 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	802.3955	y <sub>7</sub>	1071.6309	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1636.8094	b <sub>15</sub>		

MS/MS Fragmentation of GLSDHVSLDGQELGTR  
 Found in IPI00028359, Hypothetical protein DKFZp761F0123



88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	438.2145 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	647.3309 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	804.9025 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1293.6546	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
138.5870 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	445.1944 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	659.7692 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	833.4132 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1318.5311	b <sub>12</sub>
167.0977 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	446.2722	y <sub>4</sub>	667.3228 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	853.8909 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1333.6383	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
171.1128	b <sub>2</sub>	453.7194 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	678.3206	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	875.4217	y <sub>8</sub>	1390.6597	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	482.2302 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	695.8335 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	882.4016 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1391.6315	y <sub>12</sub>
223.6397 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	494.7565 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	696.3194 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	889.3815	b <sub>8</sub>	1408.6815	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
255.6190 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	502.7079 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	703.3733	y <sub>6</sub>	906.4316	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1431.6152	b <sub>13</sub>
258.1448	b <sub>3</sub>	510.2307	b <sub>5</sub>	704.8444 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	963.453	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1488.6366	b <sub>14</sub>
276.1666	y <sub>2</sub>	529.2673 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	716.3112 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	988.5058	y <sub>9</sub>	1491.7074	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
288.1610 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	531.2186 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	744.8220 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1004.4085	b <sub>9</sub>	1495.7136	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
305.1532 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	546.2594 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	746.3573 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1057.5273	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1506.6584	y <sub>13</sub>
333.1881	y <sub>3</sub>	575.3148	y <sub>5</sub>	748.3604 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1061.4299	b <sub>10</sub>	1589.6843	b <sub>15</sub>
339.6639 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	578.2557 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	753.8329 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1091.5116	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1593.6905	y <sub>14</sub>
352.1903 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	578.8015 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	760.3948	y <sub>7</sub>	1155.5042	y <sub>10</sub>	1608.7976	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
373.1718	b <sub>4</sub>	595.2479 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	776.2975	b <sub>7</sub>	1156.5957	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1665.8191	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
380.7010 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	609.2991	b <sub>6</sub>	791.4046	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1189.4885	b <sub>11</sub>	1706.7745	y <sub>15</sub>
388.6524 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	610.7807 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	795.3458 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1220.5542	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1763.796	MH
396.2060 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	627.7899 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	797.3489 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1254.5726	y <sub>11</sub>		

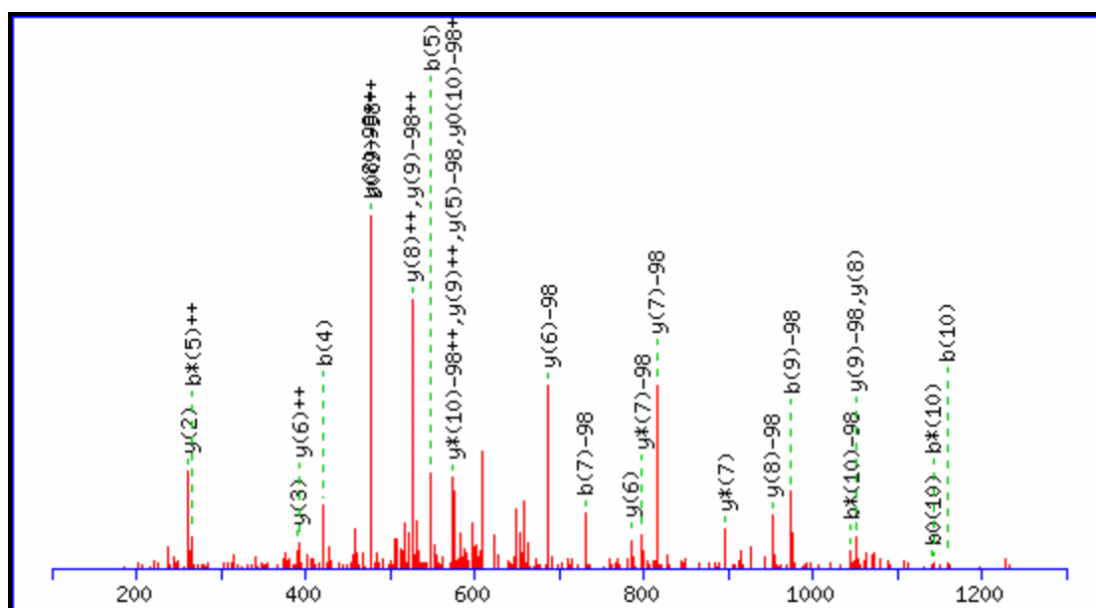
MS/MS Fragmentation of EtPQGELRPEVVEDEVPRSPVAEEPGGGGSSSSEAK  
 Found in IPI00028359, Hypothetical protein DKFZp761F0123



74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	708.3320 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1179.5382 <sup>+2</sup>	y <sub>24</sub> <sup>+2</sup>	1619.2789 <sup>+2</sup>	y <sub>32</sub> <sup>+2</sup>	2495.1814	b <sub>22</sub>
109.5786 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	722.2393	b <sub>6</sub>	1199.1059 <sup>+2</sup>	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1621.2658 <sup>+2</sup>	b <sub>32</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2526.2471	b <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	723.8648 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1212.5758 <sup>+2</sup>	b <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1626.7383 <sup>+2</sup>	b <sub>31</sub> <sup>+2</sup>	2556.206	y <sub>26</sub>
174.0999 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	724.8286 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1217.5198	b <sub>10</sub>	1632.7347	y <sub>18</sub>	2624.224	b <sub>23</sub>
213.087	b <sub>2</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	737.3464	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1218.6113	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1659.7262	b <sub>14</sub>	2655.2897	b <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
217.6159 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	752.3421	y <sub>8</sub>	1229.0724 <sup>+2</sup>	y <sub>25</sub> <sup>+2</sup>	1664.7818 <sup>+2</sup>	b <sub>33</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2685.2486	y <sub>27</sub>
218.1499	y <sub>2</sub>	772.8533 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1248.0943 <sup>+2</sup>	b <sub>22</sub> <sup>+2</sup>	1670.2543 <sup>+2</sup>	b <sub>32</sub> <sup>+2</sup>	2752.3424	b <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
261.1319 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	773.3550 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1263.6272 <sup>+2</sup>	b <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1683.3082 <sup>+2</sup>	y <sub>33</sub> <sup>+2</sup>	2753.2666	b <sub>24</sub>
304.6479 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	781.3783 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1278.5444	y <sub>14</sub>	1690.7919	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2782.3014	y <sub>28</sub>
310.1397	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	809.3636	y <sub>9</sub>	1278.6066 <sup>+2</sup>	y <sub>26</sub> <sup>+2</sup>	1713.7703 <sup>+2</sup>	b <sub>33</sub> <sup>+2</sup>	2809.3639	b <sub>26</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
311.0639	b <sub>2</sub>	816.8710 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1312.6156 <sup>+2</sup>	b <sub>23</sub> <sup>+2</sup>	1729.3031 <sup>+2</sup>	b <sub>34</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2850.3193	b <sub>25</sub>
347.1925	y <sub>3</sub>	830.3667 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1316.5882	b <sub>11</sub>	1731.8346 <sup>+2</sup>	y <sub>34</sub> <sup>+2</sup>	2866.3854	b <sub>27</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
348.1640 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	835.3233	b <sub>7</sub>	1317.6797	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1764.8217 <sup>+2</sup>	b <sub>35</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2907.3408	b <sub>26</sub>
376.6747 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	845.8996 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1328.1485 <sup>+2</sup>	b <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1773.3532 <sup>+2</sup>	y <sub>35</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2923.4068	b <sub>28</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
405.1854 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	866.385	y <sub>10</sub>	1343.1279 <sup>+2</sup>	y <sub>27</sub> <sup>+2</sup>	1778.2916 <sup>+2</sup>	b <sub>34</sub> <sup>+2</sup>	2938.4025	y <sub>29</sub>
408.1166	b <sub>3</sub>	893.4476	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1349.5815	y <sub>15</sub>	1788.7688	b <sub>15</sub>	2964.3623	b <sub>27</sub>
433.6961 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	894.8880 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1376.6749 <sup>+2</sup>	b <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1788.8359	y <sub>19</sub>	2980.4283	b <sub>29</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
434.2245	y <sub>4</sub>	894.9216 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1377.1369 <sup>+2</sup>	b <sub>24</sub> <sup>+2</sup>	1789.8603	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	3021.3837	b <sub>28</sub>
438.1983	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	895.4338 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1391.6543 <sup>+2</sup>	y <sub>28</sub> <sup>+2</sup>	1813.8101 <sup>+2</sup>	b <sub>35</sub> <sup>+2</sup>	3051.4865	y <sub>30</sub>
447.2274 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	923.4065	y <sub>11</sub>	1405.1856 <sup>+2</sup>	b <sub>26</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1822.3416 <sup>+2</sup>	y <sub>35</sub> <sup>+2</sup>	3067.4603	b <sub>30</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
462.2069 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	943.4480 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1415.6566	b <sub>12</sub>	1837.8745 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	3078.4052	b <sub>29</sub>
495.2198	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	943.9602 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1425.6633 <sup>+2</sup>	b <sub>25</sub> <sup>+2</sup>	1885.8886	y <sub>20</sub>	3154.4923	b <sub>31</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
495.7538 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	944.4222 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1433.6963 <sup>+2</sup>	b <sub>27</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1886.8629 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	3165.4372	b <sub>30</sub>
496.2159 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	990.5003	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1446.7223	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1886.913	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	3180.5291	y <sub>31</sub>
510.7333 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	991.4245	b <sub>8</sub>	1448.65	y <sub>16</sub>	1887.8372	b <sub>16</sub>	3237.5506	y <sub>32</sub>
521.2566	y <sub>5</sub>	992.9486 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1454.1740 <sup>+2</sup>	b <sub>26</sub> <sup>+2</sup>	1984.8899	b <sub>17</sub>	3241.5244	b <sub>32</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
536.1752	b <sub>4</sub>	992.9822 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1462.2070 <sup>+2</sup>	b <sub>28</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1984.957	y <sub>21</sub>	3252.4692	b <sub>31</sub>
544.7422 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	1020.4592	y <sub>12</sub>	1469.7049 <sup>+2</sup>	y <sub>29</sub> <sup>+2</sup>	2043.0142	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	3328.5564	b <sub>33</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
560.2751 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1022.0107 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1482.6848 <sup>+2</sup>	b <sub>27</sub> <sup>+2</sup>	2113.9996	y <sub>22</sub>	3339.5013	b <sub>32</sub>
575.2546 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1057.5035 <sup>+2</sup>	y <sub>22</sub> <sup>+2</sup>	1490.7178 <sup>+2</sup>	b <sub>29</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2130.0462	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	3365.6092	y <sub>33</sub>
593.1967	b <sub>5</sub>	1065.5267 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1511.1955 <sup>+2</sup>	b <sub>28</sub> <sup>+2</sup>	2140.9911	b <sub>18</sub>	3426.5333	b <sub>33</sub>
608.2886	y <sub>6</sub>	1070.9992 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1526.2469 <sup>+2</sup>	y <sub>30</sub> <sup>+2</sup>	2227.099	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	3457.599	b <sub>34</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
609.2635 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	1088.4772	b <sub>9</sub>	1534.2338 <sup>+2</sup>	b <sub>30</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2228.0231	b <sub>19</sub>	3462.6619	y <sub>34</sub>
609.8093 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1114.0531 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1539.7062 <sup>+2</sup>	b <sub>29</sub> <sup>+2</sup>	2229.0266	y <sub>23</sub>	3528.6361	b <sub>35</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
624.2624	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1114.5152 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1544.6992	b <sub>13</sub>	2325.0758	b <sub>20</sub>	3545.699	y <sub>35</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
639.7759 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1115.0169 <sup>+2</sup>	y <sub>23</sub> <sup>+2</sup>	1545.7027	y <sub>17</sub>	2326.1674	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	3555.5759	b <sub>34</sub>
658.7977 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	1119.5429	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1561.7493	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2358.0692	y <sub>24</sub>	3626.613	b <sub>35</sub>
659.3435 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1149.5018	y <sub>13</sub>	1577.7498 <sup>+2</sup>	b <sub>31</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2397.2045	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	3643.6759	y <sub>35</sub>
675.2944 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1163.0416 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1583.2222 <sup>+2</sup>	b <sub>30</sub> <sup>+2</sup>	2424.1443	b <sub>21</sub>	3674.7416	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
695.3206	y <sub>7</sub>	1163.5873 <sup>+2</sup>	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1590.7682 <sup>+2</sup>	y <sub>31</sub> <sup>+2</sup>	2457.1376	y <sub>25</sub>	3772.7185	MH

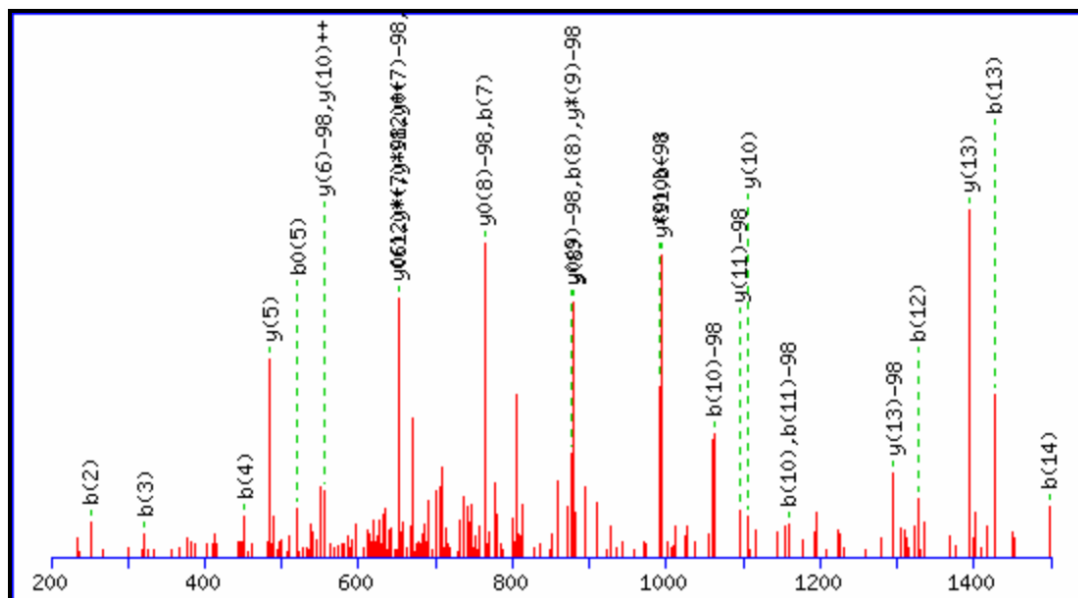


MS/MS Fragmentation of ALVHQLsNESR  
 Found in IPI00169296, Isoform 2b of Oxysterol-binding protein-related protein 3



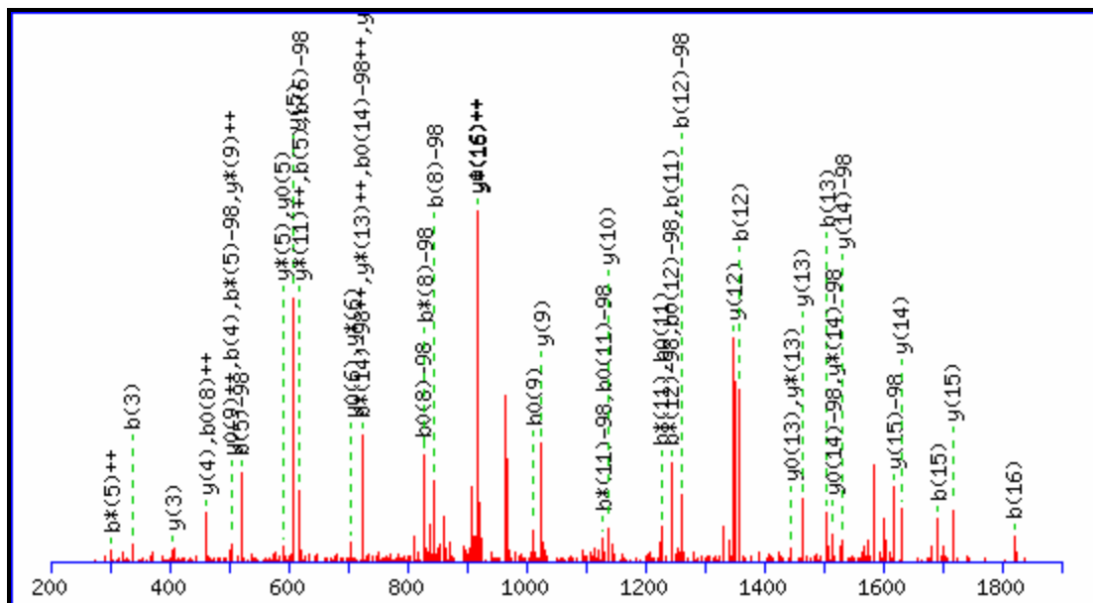
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	336.6211 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	487.7563 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	631.7981 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	952.4595	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
131.5791 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	344.1747 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	505.2365	y <sub>4</sub>	662.3984	b <sub>6</sub>	974.5054	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	366.2136 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	525.7218 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	667.3166 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1050.4364	y <sub>8</sub>
185.1285	b <sub>2</sub>	391.1936	y <sub>3</sub>	526.2676 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	672.2349	y <sub>5</sub>	1051.5279	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
196.1004 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	393.1631 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	531.2724 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	687.342	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1061.5374	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
211.1315 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	408.2039 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	536.7448 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	731.4199	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1072.4823	b <sub>9</sub>
253.1219 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	415.2020 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	549.3144	b <sub>5</sub>	785.3189	y <sub>6</sub>	1149.5048	y <sub>9</sub>
262.151	y <sub>2</sub>	421.2558	b <sub>4</sub>	574.258	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	815.4006	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1159.5143	b <sub>10</sub>
275.1608 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	423.2350 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	575.2561 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	829.3968	b <sub>7</sub>	1164.612	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
284.1969	b <sub>3</sub>	457.1924 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	580.2608 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	845.4628	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1235.6491	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
287.6326 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	472.2235 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	582.8096 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	913.3775	y <sub>7</sub>	1262.5889	y <sub>10</sub>
331.7028 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	476.7334 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	618.3282 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	943.4397	b <sub>8</sub>	1333.626	MH

MS/MS Fragmentation of IHAESLLLDsPAVAK  
 Found in IPI00169296, Isoform 2b of Oxysterol-binding protein-related protein 3



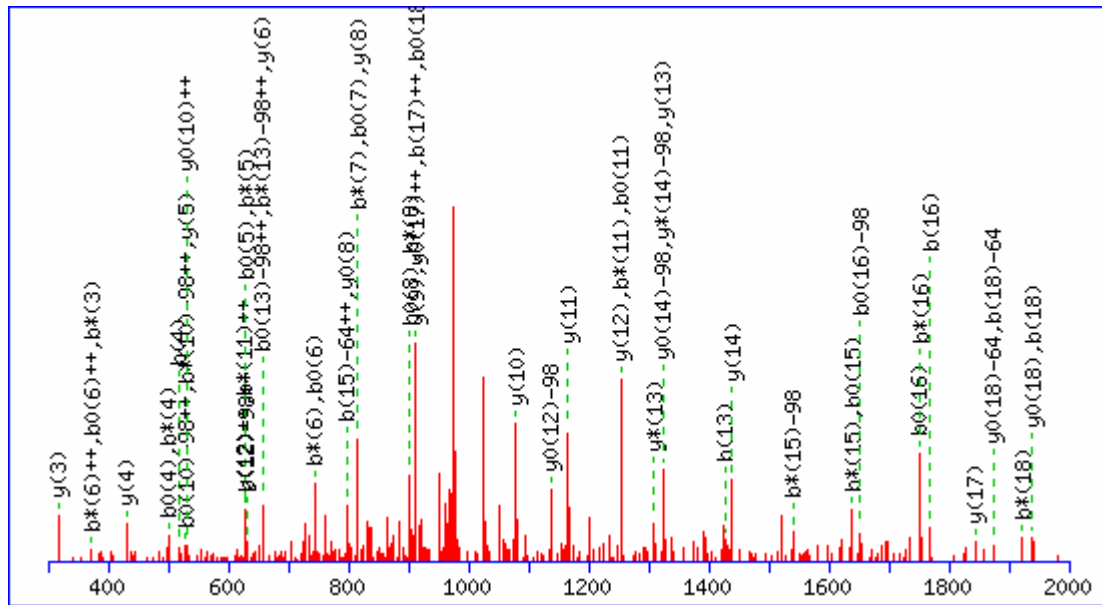
74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	382.7187 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	580.2734 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	765.8818 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1229.6525	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
109.5786 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	384.1704 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	597.3125 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	767.3335	y <sub>7</sub>	1256.5922	b <sub>11</sub>
126.0788 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	388.2554	y <sub>4</sub>	612.8454 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	773.4354 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1295.7205	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	391.7240 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	615.3299 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	782.4407	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1322.6603	y <sub>12</sub>
159.1128 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	439.2607 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	628.7998 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	822.4238 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1327.6294	b <sub>12</sub>
161.5973 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	440.7124 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	648.3639 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	877.5142	b <sub>8</sub>	1328.7209	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
194.6314 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	448.2660 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	651.3461	b <sub>6</sub>	880.4176	y <sub>8</sub>	1393.6974	y <sub>13</sub>
218.1499	y <sub>2</sub>	451.23	b <sub>4</sub>	652.3066	y <sub>6</sub>	895.5247	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1399.758	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
226.1186 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	485.3082	y <sub>5</sub>	661.8338 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	992.5411	b <sub>9</sub>	1426.6978	b <sub>13</sub>
243.1577 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	496.7742 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	664.3183 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	993.5016	y <sub>9</sub>	1432.7795	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
251.1503	b <sub>2</sub>	497.2545 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	664.8641 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1008.6088	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1497.7349	b <sub>14</sub>
269.6346 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	504.8080 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	669.3566	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1061.5626	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1530.7564	y <sub>14</sub>
277.6685 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	531.2849 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	697.3524 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1095.6408	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1545.8635	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
317.2183	y <sub>3</sub>	538.262	b <sub>5</sub>	700.3826 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1106.5857	y <sub>10</sub>	1643.8404	MH
322.1874	b <sub>3</sub>	548.3241 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	713.8525 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1158.6154	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
326.1767 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	553.7965 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	716.8934 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1159.5395	b <sub>10</sub>		
326.6569 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	554.3297	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	749.3711 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1193.6177	y <sub>11</sub>		
335.1819 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	579.8113 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	764.4301	b <sub>7</sub>	1224.6834	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

MS/MS Fragmentation of LH(SS)NPNLSTLDFGEEK  
 Found in IPI00169296, Isoform 2b of Oxysterol-binding protein-related protein 3



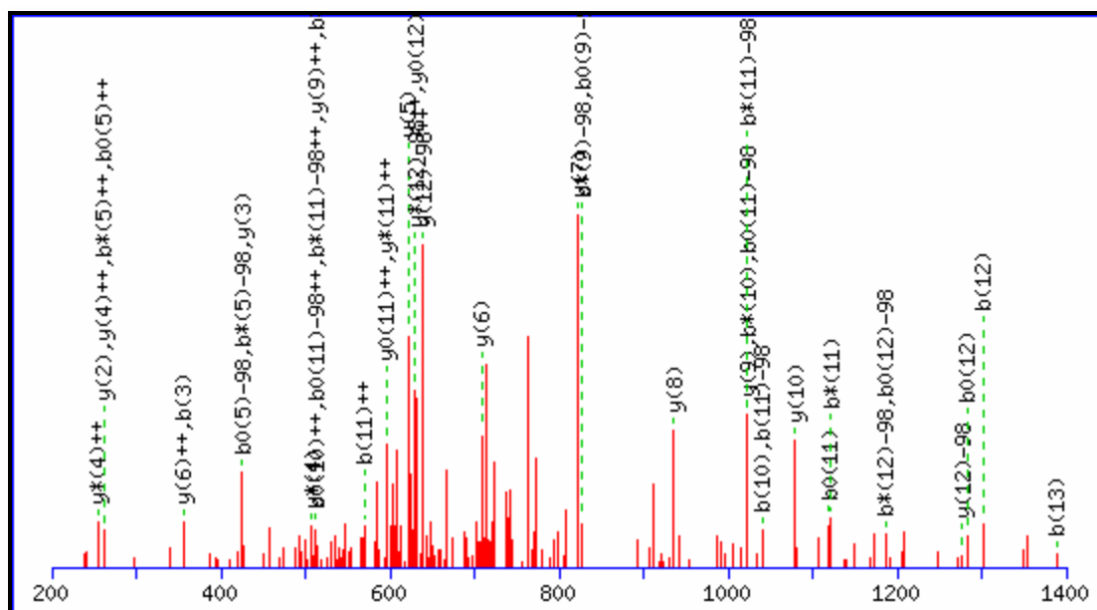
74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	407.2037	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	626.8064 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	859.3695 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1359.594	b <sub>12</sub>
126.0788 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	415.6633 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	631.3122 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	862.3997 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1408.6856	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
138.5813 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	419.2031 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	675.3328 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	878.9105 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1463.7013	y <sub>13</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	423.2169 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	680.3007 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	911.3882 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1465.707	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
169.5948 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	462.2195	y <sub>4</sub>	704.8464 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	927.8989 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1506.6625	b <sub>13</sub>
203.1026 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	466.7329 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	716.2763	b <sub>6</sub>	932.4585	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1532.7227	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
204.1055 <sup>+2</sup>	b <sub>1</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	469.7269 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	724.3148	y <sub>6</sub>	935.4525 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1563.6839	b <sub>14</sub>
231.6134 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	472.2053 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	732.3424	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	938.4466	y <sub>8</sub>	1594.7496	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
251.1503	b <sub>2</sub>	505.1806	b <sub>4</sub>	732.3543 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	943.4033	b <sub>8</sub>	1619.7548	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
253.0940 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	513.2429 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	733.3571 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	984.4410 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1630.6996	y <sub>14</sub>
261.1270 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	515.7213 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	753.8349 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1025.4786	y <sub>9</sub>	1692.7265	b <sub>15</sub>
276.1554	y <sub>2</sub>	517.2567 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	766.8650 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1030.4354	b <sub>9</sub>	1717.7317	y <sub>15</sub>
305.1476 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	521.2467	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	782.3456 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1033.5061	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1723.7922	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
309.6534 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	566.2452 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	797.8784 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1131.483	b <sub>10</sub>	1756.8137	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
310.1154 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	569.7850 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	810.3810 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1138.5626	y <sub>10</sub>	1821.7691	b <sub>16</sub>
338.1823	b <sub>3</sub>	573.7987 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	815.8534 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1146.5902	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1854.7906	y <sub>16</sub>
358.6418 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	609.2879	y <sub>5</sub>	830.3193	b <sub>7</sub>	1244.5671	b <sub>11</sub>	1869.8977	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
362.6610 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	618.2994	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	837.3989	y <sub>7</sub>	1252.6056	y <sub>11</sub>	1967.8746	MH
366.6748 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	619.2236	b <sub>5</sub>	845.4264	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1261.6171	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
405.198	y <sub>3</sub>	622.7872 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	846.8669 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1349.6583	y <sub>12</sub>		

MS/MS Fragmentation of QLmEQDASSPSAQVIGLK  
 Found in IPI00169296, Isoform 2b of Oxysterol-binding protein-related protein 3



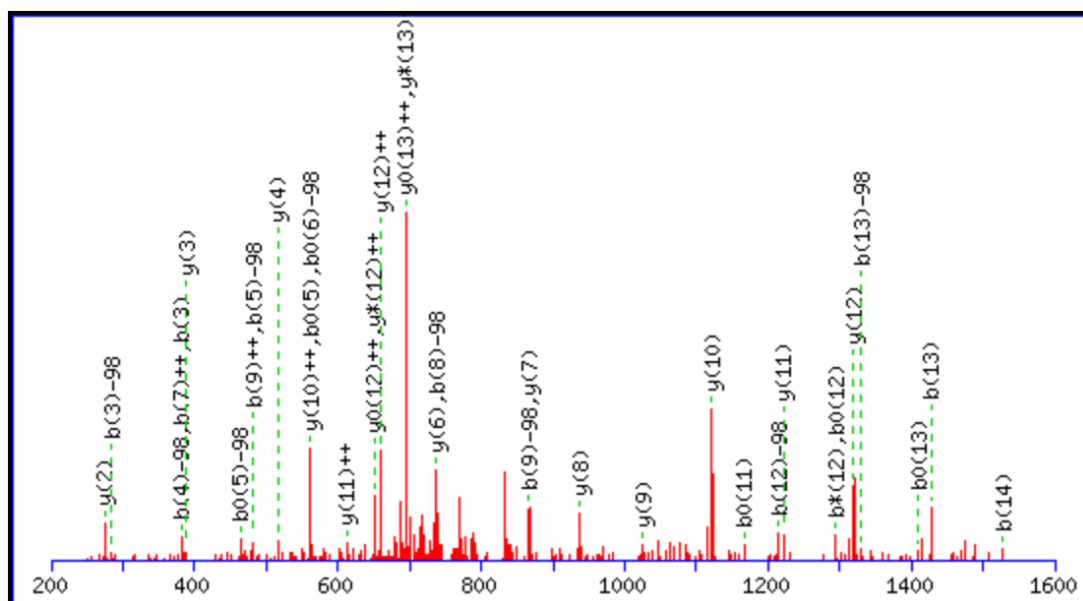
74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	529.3708	y <sub>5</sub>	815.4985	y <sub>8</sub>	1166.5817	y <sub>11</sub>	1567.7363	y <sub>15</sub>
130.6021 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	534.8060 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	832.3505	b <sub>7</sub>	1172.4888	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1598.802	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	540.2785 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	848.8931 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1173.413	b <sub>10</sub>	1655.6619	b <sub>15</sub>
159.1128 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	578.3220 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	873.4224 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1226.6739	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1670.769	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
215.6548 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	583.7945 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	912.5513	y <sub>9</sub>	1253.6137	y <sub>12</sub>	1696.7789	y <sub>16</sub>
242.1499	b <sub>2</sub>	613.8406 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	919.3826	b <sub>8</sub>	1259.5209	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1727.7905	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
260.1969	y <sub>2</sub>	627.3105 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	922.4108 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1270.4657	b <sub>11</sub>	1745.8374	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
265.1890 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	646.2865	b <sub>5</sub>	929.9644 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1324.6508	y <sub>13</sub>	1768.7459	b <sub>16</sub>
317.2183	y <sub>3</sub>	657.4294	y <sub>6</sub>	978.9528 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1330.558	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1825.7674	b <sub>17</sub>
329.2183 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	662.8290 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	981.5728	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1341.7009	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1840.8746	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
364.7369 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	671.3541 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	993.9937 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1357.4978	b <sub>12</sub>	1843.8143	y <sub>17</sub>
389.1853	b <sub>3</sub>	720.3425 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1006.4146	b <sub>9</sub>	1428.5349	b <sub>13</sub>	1858.9215	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
408.2529 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	728.4665	y <sub>7</sub>	1042.9821 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1439.6778	y <sub>14</sub>	1938.8514	b <sub>18</sub>
430.3024	y <sub>4</sub>	735.3834 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1068.6048	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1458.6165	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1956.8984	y <sub>18</sub>
456.7793 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	761.3134	b <sub>6</sub>	1075.4361	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1469.7594	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1986.9801	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
491.2900 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	784.3718 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1079.5497	y <sub>10</sub>	1556.5934	b <sub>14</sub>	2084.957	MH
518.2279	b <sub>4</sub>	799.9047 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1155.6368	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1557.685	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

MS/MS Fragmentation of STsQGSINSPVYSR  
 Found in IPI00515115, Actin binding LIM protein 1



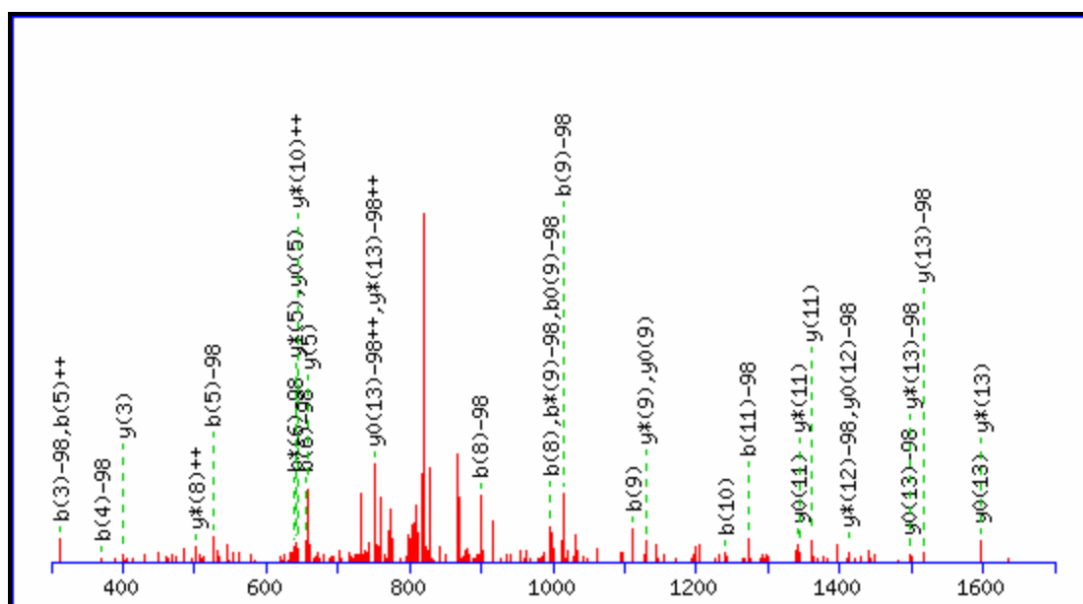
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	411.7089 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	628.1974	b <sub>6</sub>	844.3795	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1276.628	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
131.5791 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	425.2143	y <sub>3</sub>	638.8177 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	855.3244	b <sub>8</sub>	1290.5961	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	443.1885	b <sub>2</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	643.3046	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	935.4945	y <sub>8</sub>	1301.5409	b <sub>12</sub>
189.087	b <sub>2</sub>	468.2509 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	687.8061 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	941.4323	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1374.6049	y <sub>12</sub>
213.1108 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	484.1439	b <sub>4</sub>	689.3415 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	942.3564	b <sub>9</sub>	1377.6757	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
258.1084	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	511.7669 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	708.3675	y <sub>6</sub>	1022.5265	y <sub>9</sub>	1388.573	b <sub>13</sub>
262.151	y <sub>2</sub>	524.2827	y <sub>4</sub>	732.8575 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1039.4092	b <sub>10</sub>	1464.7077	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
262.6450 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	530.2205	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	738.3299 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1040.5007	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1475.6526	y <sub>13</sub>
311.1714 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	540.2776 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	741.2815	b <sub>7</sub>	1079.548	y <sub>10</sub>	1562.6846	MH
354.6874 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	541.1654	b <sub>5</sub>	757.3475	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1138.4776	b <sub>11</sub>		
356.0853	b <sub>3</sub>	604.3069 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	781.8460 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1203.564	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
386.167	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	621.3355	y <sub>5</sub>	822.4104	y <sub>7</sub>	1207.6066	y <sub>11</sub>		

MS/MS Fragmentation of (T)L(S)PTPSAEGYQDVR  
 Found in IPI00515115, Actin binding LIM protein 1



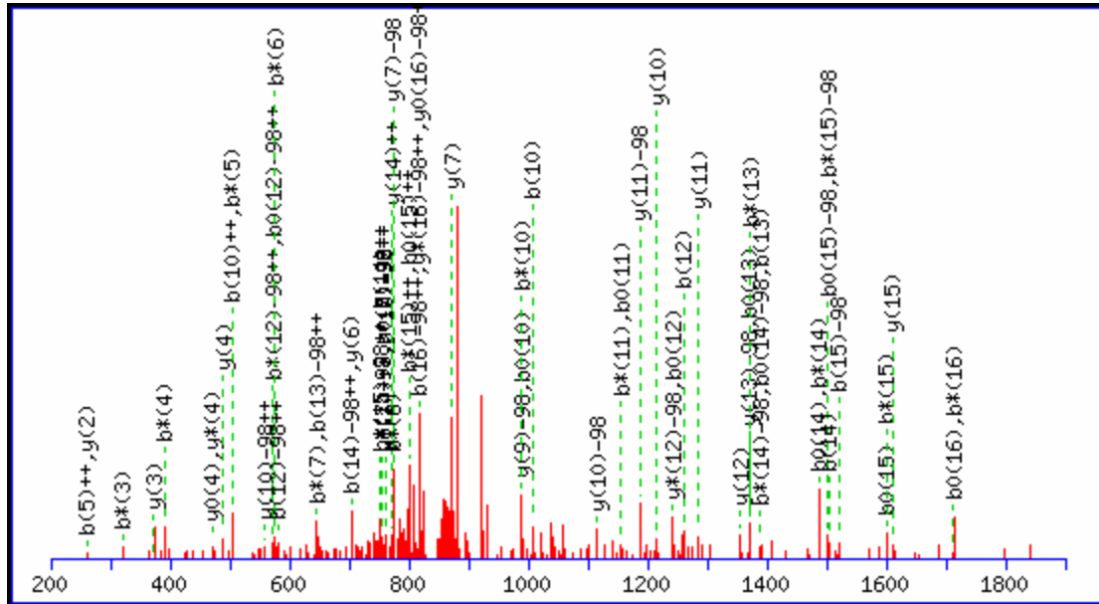
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	382.1374	b <sub>3</sub>	660.3149 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	866.4003	y <sub>7</sub>	1312.5457	b <sub>12</sub>
137.5973 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	389.2143	y <sub>3</sub>	666.3457	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	866.4254	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1319.6226	y <sub>12</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	433.7038 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	677.2906	b <sub>6</sub>	923.4469	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1329.5957	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
195.1108 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	469.2223 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	680.3362	y <sub>5</sub>	937.4374	y <sub>8</sub>	1406.6546	y <sub>13</sub>
197.1285	b <sub>2</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	479.1901	b <sub>4</sub>	703.8310 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	964.4023	b <sub>9</sub>	1427.5726	b <sub>13</sub>
259.1401 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	482.2609	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	737.3577	y <sub>6</sub>	1021.4238	b <sub>10</sub>	1428.6642	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
274.1874	y <sub>2</sub>	512.7383 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	737.3828	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1024.4694	y <sub>9</sub>	1519.7387	y <sub>14</sub>
284.1605	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	517.2729	y <sub>4</sub>	760.3730 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1086.5102	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1526.641	b <sub>14</sub>
295.1053	b <sub>2</sub>	561.2647 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	801.8916 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub>	1121.5222	y <sub>10</sub>	1602.7758	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
340.6717 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	579.3137	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	801.8916 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1184.4871	b <sub>11</sub>	1700.7527	MH
369.1825 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	580.2378	b <sub>5</sub>	835.3597	b <sub>8</sub>	1214.5688	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
381.2132	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	611.7886 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	850.8800 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1222.5699	y <sub>11</sub>		

MS/MS Fragmentation of R(SS)GREEDDEELLR  
 Found in IPI00515115, Actin binding LIM protein 1



88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	330.1898 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	556.7038 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	758.8473 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1147.5113	y <sub>9</sub>
122.5738 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	370.1833	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	572.2367 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	764.3198 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1241.443	b <sub>10</sub>
144.6051 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	377.1556 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	574.2593 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	774.3992	y <sub>6</sub>	1272.5087	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
157.0846 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	387.7032 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	621.2251 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	784.3696	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1303.6124	y <sub>10</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	392.6885 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	624.2613	b <sub>5</sub>	798.8305 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1360.6339	y <sub>11</sub>
185.5953 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	401.2871	y <sub>3</sub>	636.7580 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	807.8358 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1370.4856	b <sub>11</sub>
201.1472 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	411.1388	b <sub>3</sub>	652.3099 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	836.8979 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1385.5928	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
206.0730 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	441.6769 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	655.327	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	882.3465	b <sub>7</sub>	1429.6554	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
234.5838 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	445.2167 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	659.3723	y <sub>5</sub>	885.8863 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1483.5697	b <sub>12</sub>
244.1404	b <sub>2</sub>	450.2019 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	680.8206 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	889.4262	y <sub>7</sub>	1498.6768	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
263.6459 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	468.1602	b <sub>4</sub>	685.7464 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	899.3966	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1516.6874	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
265.6685 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	499.1904 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	693.3000 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	997.3735	b <sub>8</sub>	1527.6323	y <sub>12</sub>
288.203	y <sub>2</sub>	507.7154 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	715.3313 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1014.4235	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1596.6537	b <sub>13</sub>
312.6343 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	509.7380 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	742.2885 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1018.4687	y <sub>8</sub>	1614.6643	y <sub>13</sub>
313.1619	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	526.2845	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	749.8421 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1112.4004	b <sub>9</sub>	1672.7885	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
328.1672 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	530.3297	y <sub>4</sub>	753.3039	b <sub>6</sub>	1143.4661	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1770.7654	MH

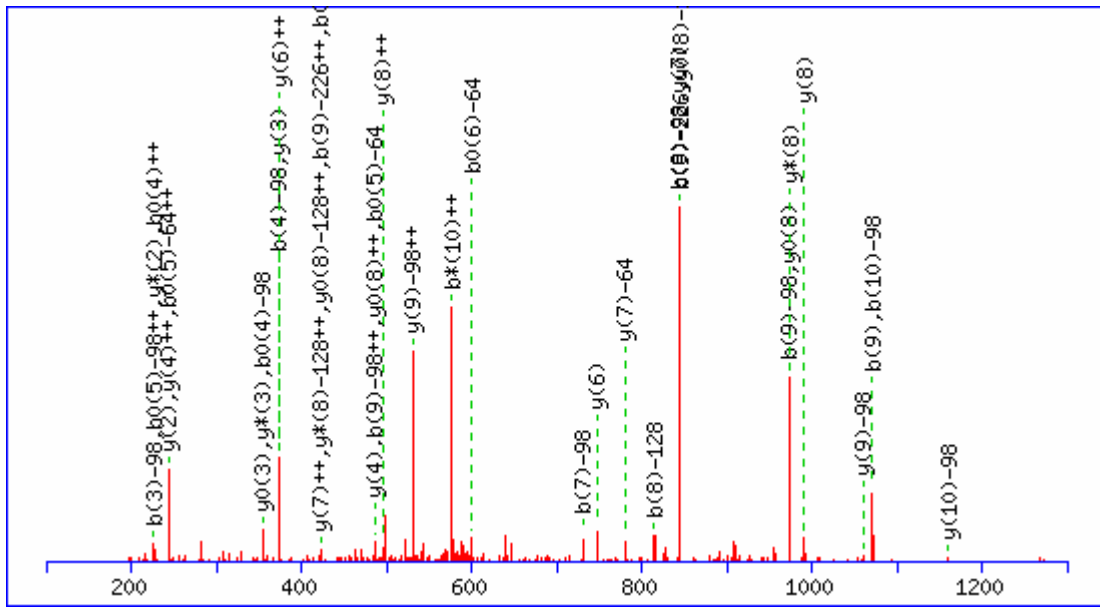
MS/MS Fragmentation of QHAALAAQSKsSEDIK  
Found in IPI00515115, Actin binding LIM protein 1



74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	436.1941 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	646.3231 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	871.3809	y <sub>7</sub>	1356.6407	y <sub>12</sub>
130.6021 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	439.7276 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	663.3573	b <sub>7</sub>	874.9326 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1371.7478	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
133.5660 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	451.2531 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	678.8240 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	878.4479	b <sub>9</sub>	1389.6158	b <sub>13</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	488.3079	y <sub>4</sub>	686.3775 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	889.9734 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1406.6659	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
169.0846 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	494.7691 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	695.3116 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	901.4989	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1442.7849	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
187.1441 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	500.2415 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	703.8366 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	938.9619 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1469.7247	y <sub>13</sub>
204.6031 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	503.7751 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	704.3825	y <sub>6</sub>	988.531	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1504.6428	b <sub>14</sub>
244.6576 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	521.2831	b <sub>5</sub>	721.8961 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	999.4758	y <sub>8</sub>	1513.822	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
260.1969	y <sub>2</sub>	538.2858 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	735.3660 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1006.5429	b <sub>10</sub>	1519.7499	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
261.1452 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	543.7576 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	752.8250 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1075.5643	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1540.7618	y <sub>14</sub>
266.1248	b <sub>2</sub>	558.7984 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	757.4147 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1086.5078	y <sub>9</sub>	1611.7989	y <sub>15</sub>
296.6637 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	581.8018 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	760.3786 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1116.5895	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1617.7268	b <sub>15</sub>
309.1789 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	587.2742 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	770.8846 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1162.5963	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1632.834	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
332.1823 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	592.3202	b <sub>6</sub>	773.404	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1173.5412	b <sub>11</sub>	1650.881	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
337.1619	b <sub>3</sub>	594.3170 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	791.4159	b <sub>8</sub>	1187.6266	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1730.8109	b <sub>16</sub>
352.6949 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	607.7869 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	806.4031 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1214.5664	y <sub>10</sub>	1748.8579	y <sub>16</sub>
373.2809	y <sub>3</sub>	617.3505	y <sub>5</sub>	809.3671 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1258.6638	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1778.9395	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
387.2056 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	629.8355 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	816.9206 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1260.5732	b <sub>12</sub>	1876.9164	MH
396.2116 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	630.7903 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	825.9441 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1285.6035	y <sub>11</sub>		
408.199	b <sub>4</sub>	643.3054 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	865.9091 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1291.6389	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

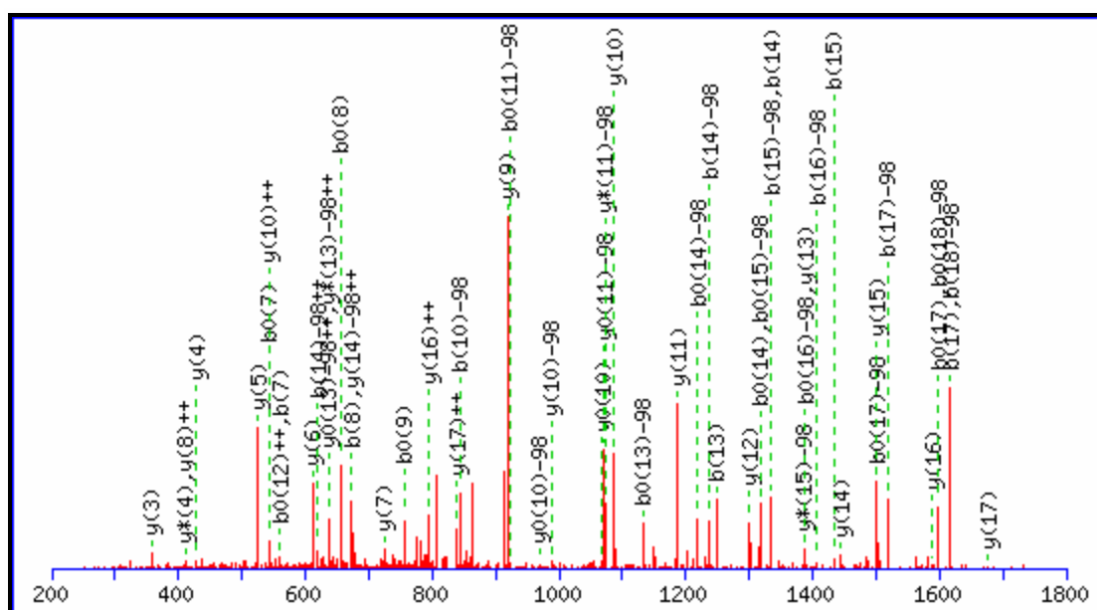


MS/MS Fragmentation of GVsmPNmLEPK  
 Found in IPI00515115, Actin binding LIM protein 1



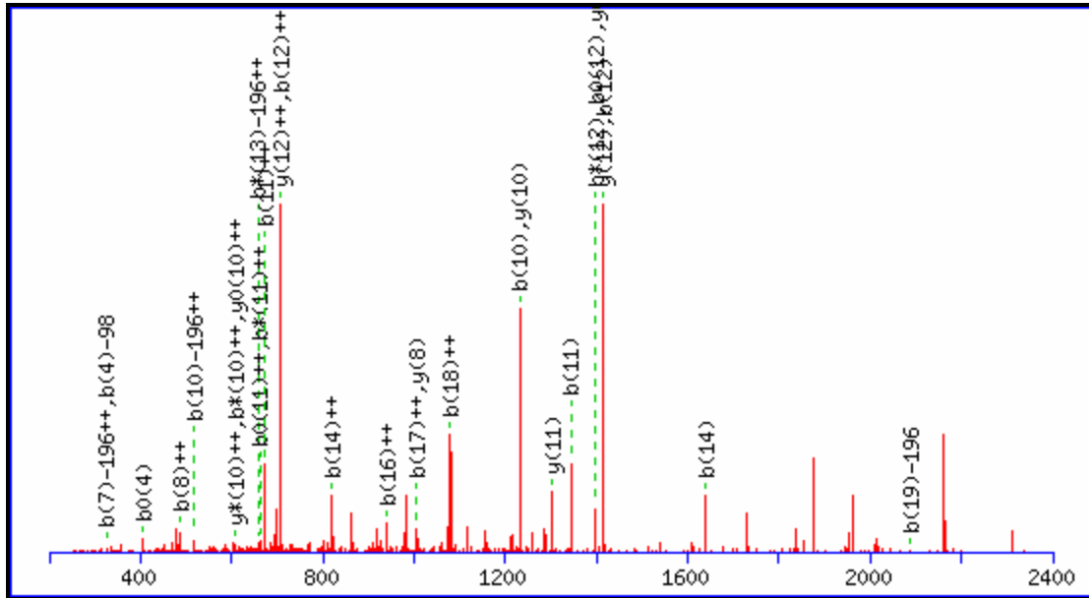
74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	324.0955	b <sub>3</sub>	530.7437 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	682.2266	b <sub>6</sub>	1060.4802	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
122.5864 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	373.154	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	568.1837	b <sub>5</sub>	731.2851	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1070.4645	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	373.2082	y <sub>3</sub>	579.7322 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	747.3706	y <sub>6</sub>	1071.3887	b <sub>9</sub>
157.0972	b <sub>2</sub>	374.1889 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	580.2779 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	829.262	b <sub>7</sub>	1158.4571	y <sub>9</sub>
187.1077 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	422.7153 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	584.2497	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	844.3692	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1159.5486	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
226.1186	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	470.2068	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	608.7887 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	844.4233	y <sub>7</sub>	1168.4414	b <sub>10</sub>
243.6498 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	471.1309	b <sub>4</sub>	629.2664 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	942.3461	b <sub>8</sub>	1216.5701	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
244.1656	y <sub>2</sub>	486.2922	y <sub>4</sub>	633.3276	y <sub>5</sub>	973.4118	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1257.5255	y <sub>10</sub>
317.1675 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	496.2330 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	657.7771 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	991.4587	y <sub>8</sub>	1314.547	MH

MS/MS Fragmentation of ALSSGGSITsPPLSPALPK  
 Found in IPI00169434, Hypothetical protein DKFZp686O20169



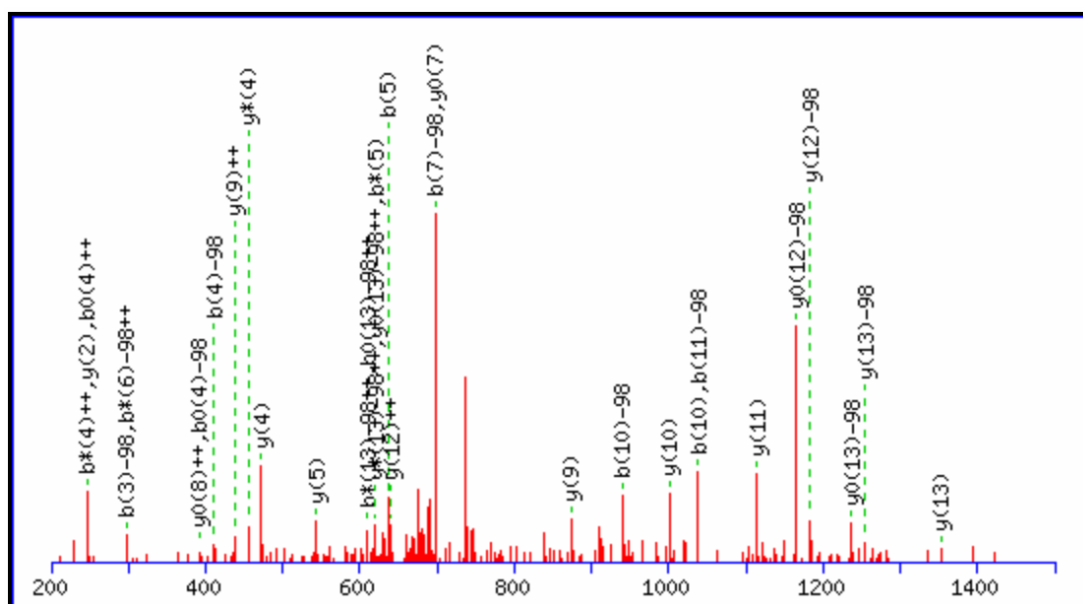
74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	473.2354	b <sub>6</sub>	745.9143 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1038.4503	b <sub>11</sub>	1432.672	b <sub>15</sub>
122.5864 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	494.7949 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	751.3867 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1086.5595	y <sub>10</sub>	1444.7447	y <sub>14</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	525.3395	y <sub>5</sub>	774.3992	b <sub>9</sub>	1089.6303	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1490.8213	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
179.1285 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	543.7834 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	789.4303 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1135.5031	b <sub>12</sub>	1501.7662	y <sub>15</sub>
185.1285	b <sub>2</sub>	545.3188 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	794.9027 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1150.6103	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1503.7091	b <sub>16</sub>
214.6470 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	560.2675	b <sub>7</sub>	822.5084	y <sub>8</sub>	1187.6072	y <sub>11</sub>	1518.8162	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
244.1656	y <sub>2</sub>	594.3072 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	838.4188 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1202.7143	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1577.8533	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
263.1734 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	601.8608 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	843.4207	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1237.6423	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1588.7982	y <sub>16</sub>
272.1605	b <sub>3</sub>	612.3715	y <sub>6</sub>	845.9723 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1248.5872	b <sub>13</sub>	1615.869	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
306.6894 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	645.3768 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	881.4909 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1289.7464	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1616.7931	b <sub>17</sub>
357.2496	y <sub>3</sub>	650.8493 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	894.9608 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1300.6912	y <sub>12</sub>	1675.8302	y <sub>17</sub>
359.1925	b <sub>4</sub>	673.3515	b <sub>8</sub>	919.5611	y <sub>9</sub>	1334.6951	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1690.9374	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
363.2314 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	673.8876 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	930.4793 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1335.6192	b <sub>14</sub>	1713.8459	b <sub>18</sub>
411.7578 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	694.3653 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	940.4734	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1346.7678	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1761.9745	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
416.214	b <sub>5</sub>	702.3983 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	941.3976	b <sub>10</sub>	1387.7233	y <sub>13</sub>	1788.9143	y <sub>18</sub>
428.2867	y <sub>4</sub>	722.8760 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	988.5826	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1403.7893	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1859.9514	MH
460.2842 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	725.4556	y <sub>7</sub>	1037.5262	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1405.7322	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

MS/MS Fragmentation of AALsQQQQQLALLLQQFQTLK  
 Found in IPI00169434, Hypothetical protein DKFZp686O20169



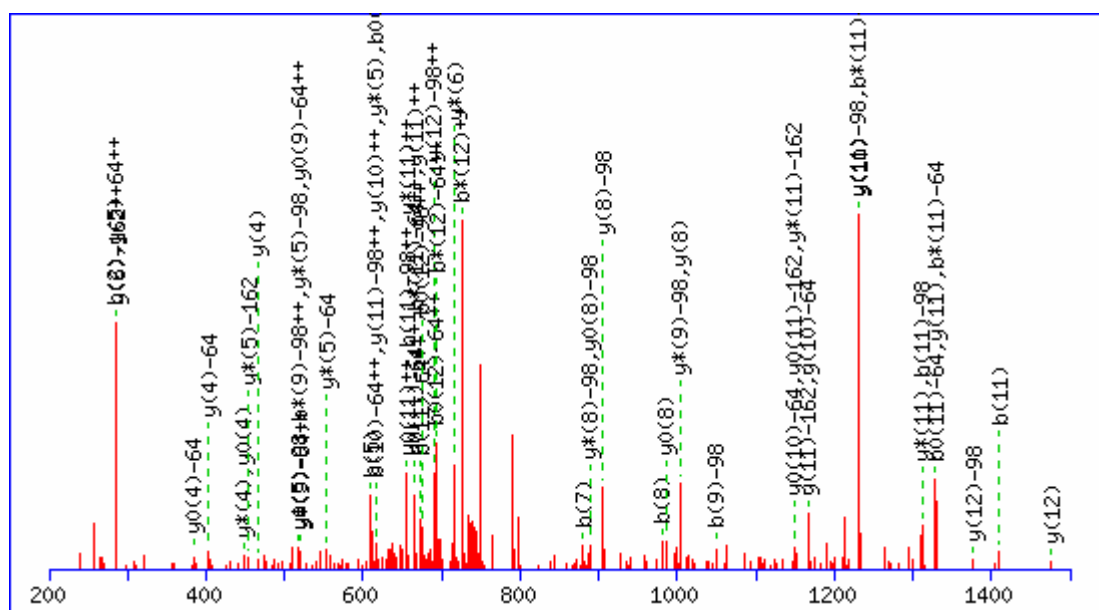
74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	636.3715	y <sub>5</sub>	1102.3966	b <sub>9</sub>	1414.5764	b <sub>12</sub>	2089.1189	b <sub>19</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
130.6021 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	650.3257	b <sub>7</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1112.0803 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1415.8621	y <sub>12</sub>	2125.1764	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
143.0815	b <sub>2</sub>	651.8926 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	1118.6568	y <sub>9</sub>	1429.6835	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2157.0141	b <sub>18</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	708.4347 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1132.4783	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1444.7907	b <sub>14</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2187.0958	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
181.1259 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	718.2209	b <sub>6</sub>	1146.5910 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1527.6604	b <sub>13</sub>	2190.1666	b <sub>20</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
245.1552 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	748.3025	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1147.5854	y <sub>20</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1542.7676	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2194.1979	y <sub>19</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
256.1656	b <sub>3</sub>	764.4301	y <sub>6</sub>	1154.1446 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1543.9206	y <sub>13</sub>	2223.1533	y <sub>18</sub>
260.1969	y <sub>2</sub>	772.4640 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1189.6632 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1557.8748	b <sub>15</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2285.0727	b <sub>19</sub>
318.6894 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	778.3842	b <sub>8</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1195.5795 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1640.7445	b <sub>14</sub>	2288.1435	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
325.187	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	836.4932 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1203.1331 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1655.8516	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2292.1748	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
361.2445	y <sub>3</sub>	846.2794	b <sub>7</sub>	1218.6226	b <sub>12</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1671.9792	y <sub>14</sub>	2303.2506	b <sub>21</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
382.7187 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	876.3611	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1230.4552	b <sub>10</sub>	1685.9333	b <sub>16</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2307.2819	y <sub>20</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
394.2085	b <sub>5</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	892.4887	y <sub>7</sub>	1231.7409	y <sub>10</sub>	1753.8285	b <sub>15</sub>	2378.3191	y <sub>21</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
423.1639	b <sub>4</sub>	900.5225 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1238.6516 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1783.9102	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2386.1204	b <sub>20</sub>
446.7480 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	906.4428	b <sub>9</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1245.5623	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1800.0378	y <sub>15</sub>	2390.1517	y <sub>19</sub>
489.3031	y <sub>4</sub>	964.5518 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1252.1215 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1813.9919	b <sub>17</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2401.2275	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
492.1854	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	974.338	b <sub>8</sub>	1274.1702 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1881.8871	b <sub>16</sub>	2405.2588	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
503.2900 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	1004.4197	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1287.6401 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1911.9688	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2476.296	y <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
522.2671	b <sub>6</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1005.5728	y <sub>8</sub>	1302.778	y <sub>11</sub>	1928.0964	y <sub>16</sub>	2499.2044	b <sub>21</sub>
559.8320 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	1028.5811 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1316.5995	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1961.0603	b <sub>18</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2503.2357	y <sub>20</sub>
590.1623	b <sub>5</sub>	1034.5014	b <sub>10</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1323.1586 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	2009.9457	b <sub>17</sub>	2547.3331	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
616.3741 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	1063.0918 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1331.7066	b <sub>13</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2056.155	y <sub>17</sub>	2574.2728	y <sub>21</sub>
620.244	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1097.6026 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1343.5392	b <sub>11</sub>	2059.0372	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2645.31	MH

MS/MS Fragmentation of RAsLQASTAAPEAR  
 Found in IPI0007722, Adenosine monophosphate deaminase 2



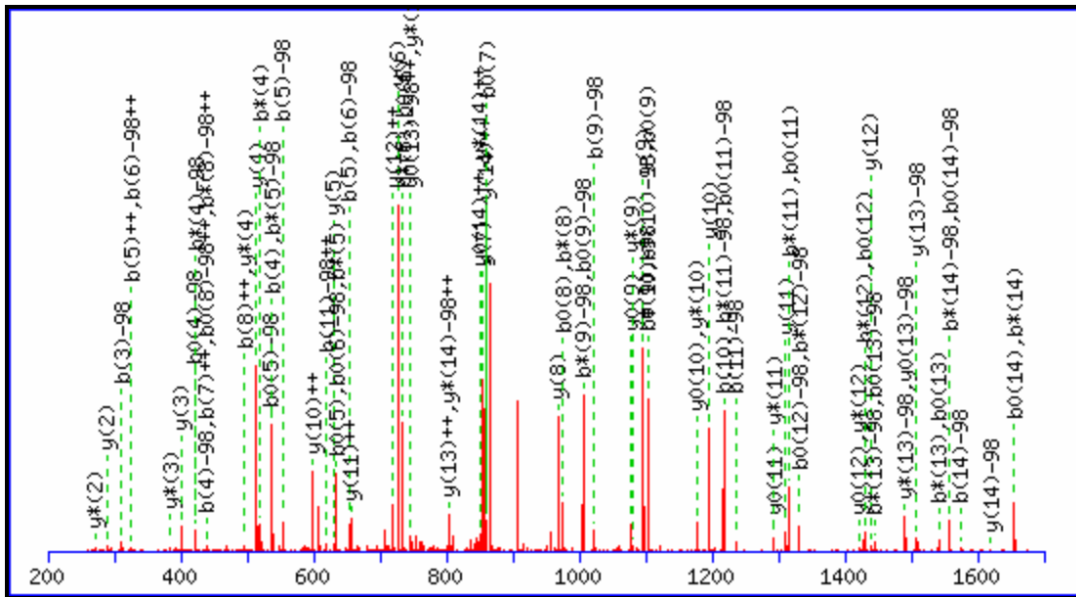
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	307.6665 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	483.7239 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	636.2865	b <sub>5</sub>	966.4404	b <sub>9</sub>
114.5764 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	318.6469 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	501.2542 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	641.2954 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1001.501	y <sub>10</sub>
123.5817 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	348.6930 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	508.2279	b <sub>4</sub>	667.8086 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1036.5534	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
149.0871 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	354.1654 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	518.7803 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	676.8139 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1037.4775	b <sub>10</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	358.1903 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	519.2424 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	696.3787	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1114.5851	y <sub>11</sub>
188.1030 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	375.1987	y <sub>3</sub>	538.3096	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	705.8760 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1134.5303	b <sub>11</sub>
198.0756 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	395.1439	b <sub>3</sub>	543.2885	y <sub>5</sub>	707.3236	b <sub>6</sub>	1165.596	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
205.6292 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	397.6815 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	557.7962 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	715.3733	y <sub>7</sub>	1183.6066	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
228.1455	b <sub>2</sub>	399.2169 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	567.7688 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	754.8645 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1236.6331	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
236.6293 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	401.7063 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	583.3016 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	794.3556	b <sub>7</sub>	1254.6437	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
246.1561	y <sub>2</sub>	410.251	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	592.3069 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	797.4264	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1263.5729	b <sub>12</sub>
254.6176 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	434.7354 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	609.3467	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	802.4054	y <sub>8</sub>	1281.5835	y <sub>12</sub>
269.6584 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	437.2249 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	614.3257	y <sub>6</sub>	868.4635	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1334.61	b <sub>13</sub>
272.1479 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	448.2053 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	618.8202 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	873.4425	y <sub>9</sub>	1352.6206	y <sub>13</sub>
297.167	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	470.2540 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	627.8255 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	895.4033	b <sub>8</sub>	1410.7448	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
305.1770 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	472.2514	y <sub>4</sub>	632.2901 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	939.5007	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1508.7217	MH

MS/MS Fragmentation of HFPLDLRTsmDGK  
 Found in IPI00007722, Adenosine monophosphate deaminase 2



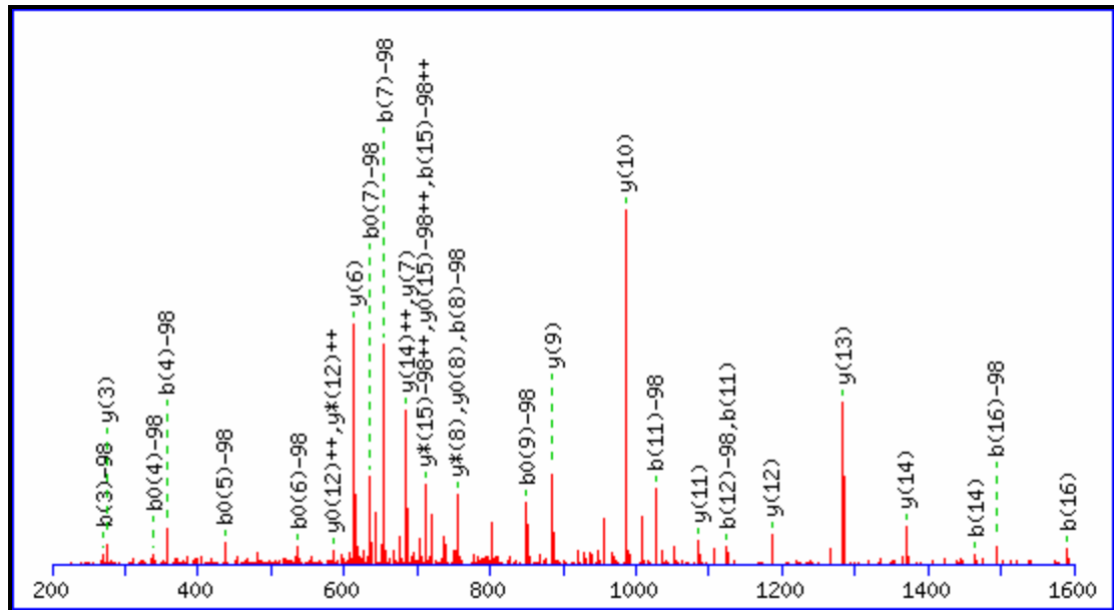
74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	362.1949 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	567.2846 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	733.8103 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1147.5296	b <sub>9</sub>
102.5708 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	367.6250 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	574.2684 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	734.2426	y <sub>6</sub>	1196.5881	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
143.0709 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	382.1874	b <sub>3</sub>	598.7977 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	738.3336 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1230.6147	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	396.6871 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	610.2984	b <sub>5</sub>	757.8747 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1231.5388	y <sub>10</sub>
160.0842 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	440.2454 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	615.8110 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	792.3669	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1294.565	b <sub>10</sub>
191.5973 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	445.6755 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	616.2731 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	806.8631 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1311.615	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
204.1343	y <sub>2</sub>	453.2291 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	633.195	y <sub>5</sub>	879.4835	b <sub>7</sub>	1328.5916	y <sub>11</sub>
233.6019 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	466.1966	y <sub>4</sub>	636.2658	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	890.3438	y <sub>7</sub>	1368.6365	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
248.1394 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	490.7693 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	647.7861 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	905.4509	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1377.6831	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
268.1127 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	495.2714	b <sub>4</sub>	656.3112 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	980.5312	b <sub>8</sub>	1409.5919	b <sub>11</sub>
285.1346	b <sub>2</sub>	502.2175 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	664.7994 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	1003.4278	y <sub>8</sub>	1466.6134	b <sub>12</sub>
305.6528 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	510.7426 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	684.8219 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1020.4779	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1475.66	y <sub>12</sub>
317.1011 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	525.2800 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	689.3452 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1049.5527	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1514.742	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
318.6365 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	535.2181	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	705.2996 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	1118.4548	y <sub>9</sub>	1612.7189	MH
319.1612	y <sub>3</sub>	559.7310 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	723.3824	b <sub>6</sub>	1133.5619	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

MS/MS Fragmentation of QIsQDVKLEPDILLR  
 Found in IPI00007722, Adenosine monophosphate deaminase 2



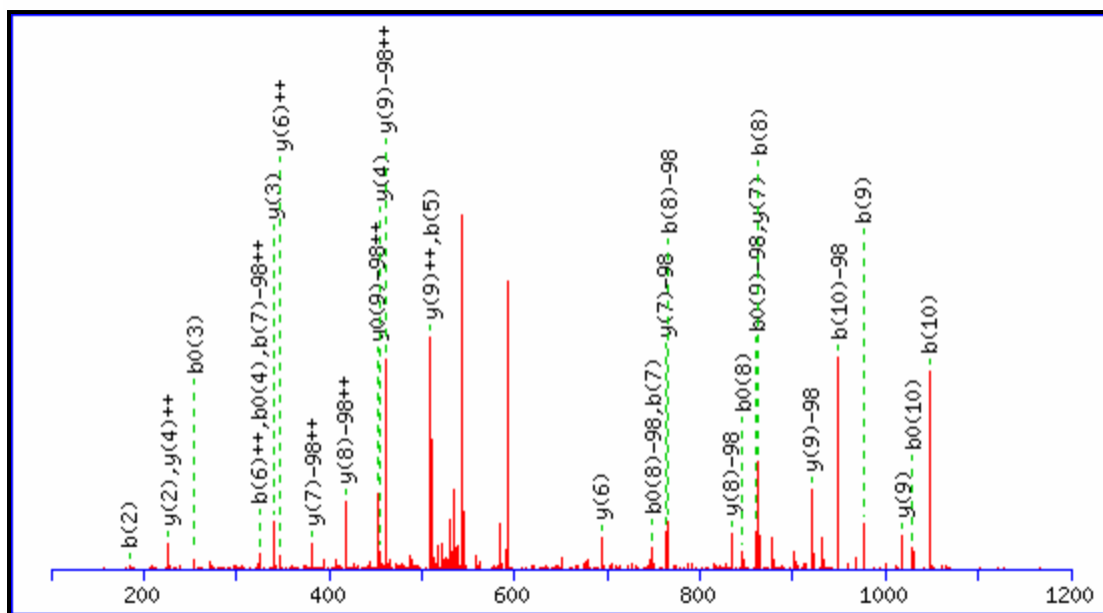
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	447.7558 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	655.8876 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	859.9581 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1348.7107	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
144.6051 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	484.7924 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	667.3054 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	874.9989 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1438.8264	y <sub>12</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	496.7443 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	674.8590 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	879.3972	b <sub>7</sub>	1446.6876	b <sub>12</sub>
201.1472 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	512.2771 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	719.9168 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	894.5043	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1461.7948	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
242.1499	b <sub>2</sub>	514.3711	y <sub>4</sub>	723.8474 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	923.9873 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1507.8479	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
257.6892 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	537.2069	b <sub>4</sub>	726.4509	y <sub>6</sub>	968.5775	y <sub>8</sub>	1559.7717	b <sub>13</sub>
288.203	y <sub>2</sub>	548.8399 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	731.4010 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	992.4812	b <sub>8</sub>	1574.8788	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
311.1714	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	554.2569	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	751.3022	b <sub>6</sub>	1023.5469	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1605.8248	y <sub>13</sub>
315.2027 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	560.8035 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	754.4276 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1096.6725	y <sub>9</sub>	1620.9319	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
363.7291 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	561.2656 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	780.3895 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1120.5997	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1672.8557	b <sub>14</sub>
391.2138 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	598.3741 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	781.4203	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1121.5238	b <sub>9</sub>	1718.9088	y <sub>14</sub>
401.2871	y <sub>3</sub>	609.7919 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	787.9431 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1195.7409	y <sub>10</sub>	1748.9905	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
409.1483	b <sub>3</sub>	618.3170 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	803.4160 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1218.5766	b <sub>10</sub>	1846.9674	MH
428.2504 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	629.3981	y <sub>5</sub>	810.9696 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1235.6266	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
439.23	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	652.2338	b <sub>5</sub>	836.9315 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1310.7678	y <sub>11</sub>		
440.2022 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	653.3253	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	855.4934	y <sub>7</sub>	1333.6035	b <sub>11</sub>		

MS/MS Fragmentation of SLsSPTVTLsAPLEGAK  
 Found in IPI00023287, Isoform 4 of E3 ubiquitin-protein ligase NEDD4-like protein



74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	386.7136 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	654.3457	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	885.504	y <sub>9</sub>	1365.726	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
109.5786 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	404.214	y <sub>4</sub>	685.3879	y <sub>7</sub>	955.5095	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1370.7526	y <sub>14</sub>
138.0893 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	443.2556 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	685.8799 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	966.4544	b <sub>9</sub>	1422.7475	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	454.2296	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	720.3907 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	986.5517	y <sub>10</sub>	1439.774	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
201.1234	b <sub>2</sub>	455.1538	b <sub>4</sub>	752.3226	b <sub>7</sub>	1026.5466	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1463.7029	b <sub>14</sub>
202.6106 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	493.7795 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	755.3934	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1053.4864	b <sub>10</sub>	1493.7846	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
218.1499	y <sub>2</sub>	517.298	y <sub>5</sub>	769.3791 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1085.6201	y <sub>11</sub>	1520.7244	b <sub>15</sub>
259.1527 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	543.3137 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	772.4199	y <sub>8</sub>	1123.5994	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1537.7509	y <sub>15</sub>
270.1448	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	552.2065	b <sub>5</sub>	776.9327 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1124.5235	b <sub>11</sub>	1552.8581	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
275.1714	y <sub>3</sub>	555.2773	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	820.4487 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1186.6678	y <sub>12</sub>	1591.7615	b <sub>16</sub>
307.6790 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	593.8375 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	825.9211 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1221.5763	b <sub>12</sub>	1639.8901	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
343.1976 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	614.3508	y <sub>6</sub>	853.3703	b <sub>8</sub>	1236.6834	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1650.835	y <sub>16</sub>
357.1769	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	642.3639 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	868.4775	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1283.7205	y <sub>13</sub>	1737.867	MH
368.1217	b <sub>3</sub>	653.2542	b <sub>6</sub>	869.4371 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1334.6603	b <sub>13</sub>		

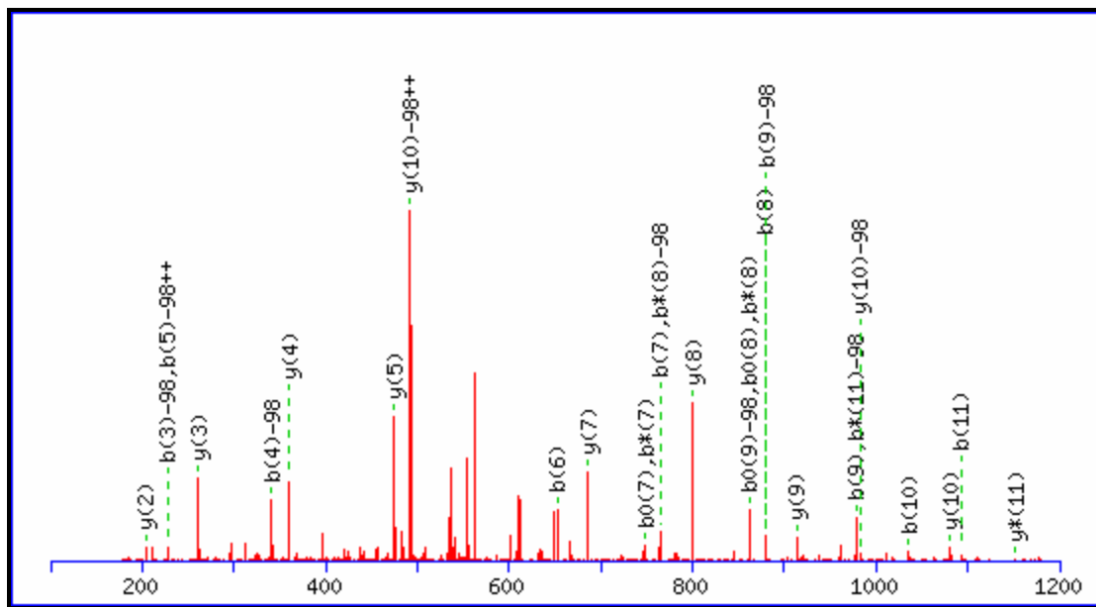
MS/MS Fragmentation of ALSAsHTDLAH  
 Found in IPI00472303, Isoform N of Kinesin light chain 1



78.5420 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	340.1979	y <sub>3</sub>	460.7147 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	601.7637 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	931.3669	y <sub>8</sub>
114.0606 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	343.1976	b <sub>4</sub>	466.1871 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	647.2549	b <sub>6</sub>	949.4738	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
156.0768	y <sub>1</sub>	347.1694 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	475.2405 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	650.3257	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	976.4136	b <sub>9</sub>
170.6026 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	374.6549 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	488.7104 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	693.3315	y <sub>6</sub>	1018.399	y <sub>9</sub>
185.1285	b <sub>2</sub>	381.6801 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	509.7031 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	748.3025	b <sub>7</sub>	1033.5061	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
227.1139	y <sub>2</sub>	383.1799 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	510.196	b <sub>5</sub>	762.3529	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1047.4507	b <sub>10</sub>
228.1161 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	412.2191	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	517.2567 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	765.3526	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1104.5432	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
272.1605	b <sub>3</sub>	417.1987 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	524.2290 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	833.39	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1131.483	y <sub>10</sub>
275.1426 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	430.6685 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	549.278	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	860.3298	y <sub>7</sub>	1202.5201	MH
278.6399 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	432.1684 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	552.7753 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	863.3295	b <sub>8</sub>		
324.1311 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	439.7220 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	556.2726	y <sub>5</sub>	878.4367	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
325.6665 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	455.2249	y <sub>4</sub>	566.2452 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	920.4221	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

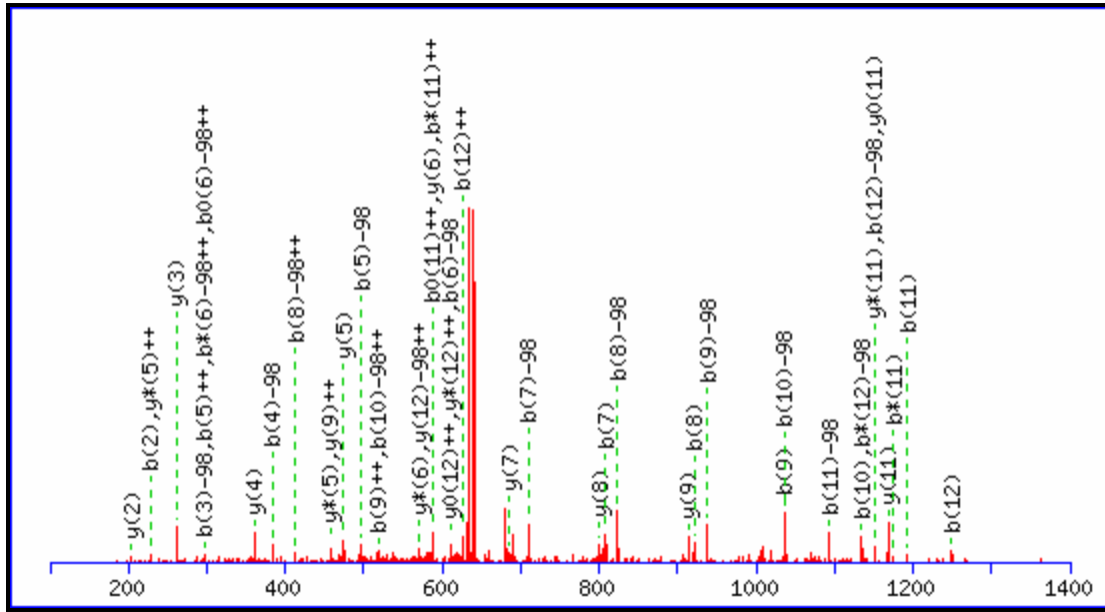


MS/MS Fragmentation of A(SS)LNVLNVGGK  
 Found in IPI00472303, Isoform N of Kinesin light chain 1



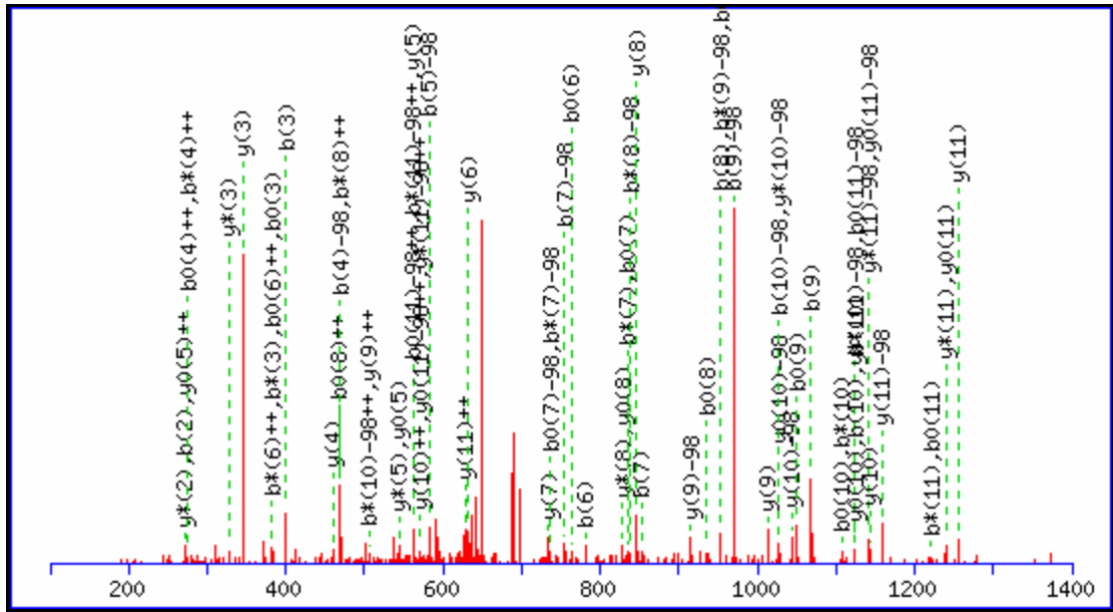
74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	294.1792 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	491.7876 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	667.3774	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	982.568	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
102.5708 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	326.0748	b <sub>3</sub>	535.3037 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	686.4196	y <sub>7</sub>	994.5316	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
131.0815 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	341.1819	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	540.7761 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	765.3542	b <sub>7</sub>	1035.4871	b <sub>10</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	343.7134 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	553.2018	b <sub>5</sub>	781.4203	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1069.6	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
159.0764	b <sub>2</sub>	360.2241	y <sub>4</sub>	554.2933	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	800.4625	y <sub>8</sub>	1080.5449	y <sub>10</sub>
180.6157 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	400.7349 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	570.8222 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	879.3972	b <sub>8</sub>	1092.5085	b <sub>11</sub>
204.1343	y <sub>2</sub>	439.1588	b <sub>4</sub>	584.2921 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	880.4887	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1140.6371	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
228.0979	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	455.2249	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	587.3511	y <sub>6</sub>	913.5465	y <sub>9</sub>	1167.5769	y <sub>11</sub>
237.6372 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	457.2769 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	619.8107 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	937.5102	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1238.614	MH
261.1557	y <sub>3</sub>	474.2671	y <sub>5</sub>	652.2702	b <sub>6</sub>	978.4656	b <sub>9</sub>		

MS/MS Fragmentation of RA(SS)LNVLNVGGK  
 Found in IPI00472303, Isoform N of Kinesin light chain 1



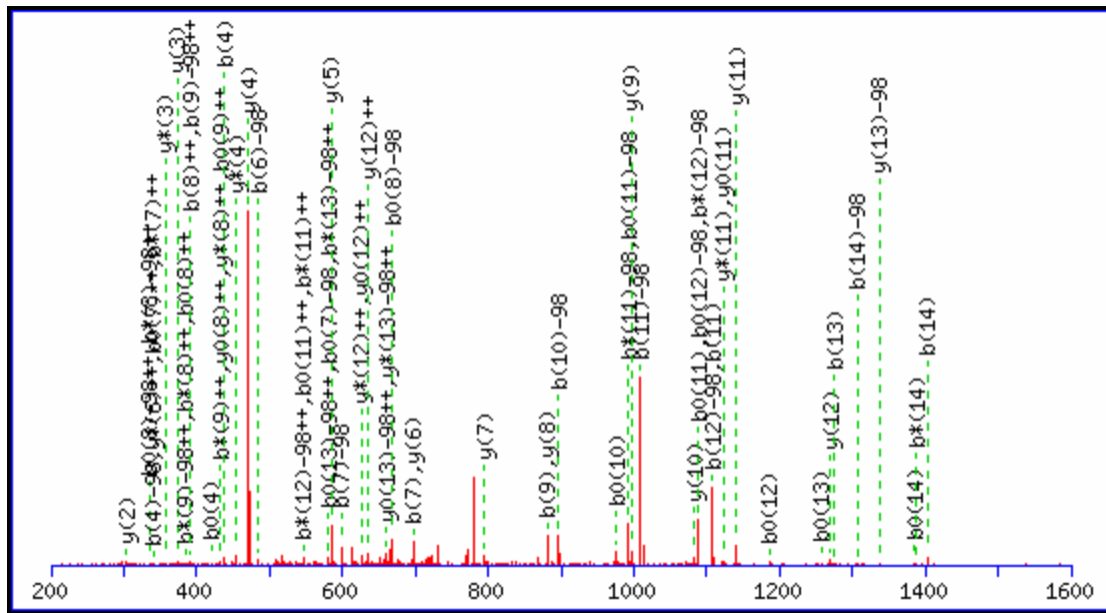
74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	294.1792 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	469.2643 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	596.2977 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	1000.5786	y <sub>10</sub>
102.5708 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	297.167	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	474.2671	y <sub>5</sub>	611.326	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1035.4983	b <sub>9</sub>
114.5764 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	298.1336 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	482.1759	b <sub>4</sub>	619.8107 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1036.5898	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
131.0815 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	306.1666 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	497.2831	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	624.8085 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1069.6	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	343.7134 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	500.7929 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	648.8728 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1093.6113	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
149.0871 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	355.1551 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	518.2528 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	686.4196	y <sub>7</sub>	1134.5667	b <sub>10</sub>
180.6157 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	355.7008 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	518.7985 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	697.8612 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1140.6371	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
192.6031 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	360.2241	y <sub>4</sub>	535.3037 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	709.3029	b <sub>6</sub>	1150.6327	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
198.0756 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	384.199	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	547.3093 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	710.3944	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1167.5769	y <sub>11</sub>
204.1343	y <sub>2</sub>	395.1439	b <sub>3</sub>	567.7870 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	800.4625	y <sub>8</sub>	1191.5882	b <sub>11</sub>
228.1455	b <sub>2</sub>	400.7349 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	570.8222 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	808.3713	b <sub>7</sub>	1238.614	y <sub>12</sub>
237.6372 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	404.6893 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	575.8200 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	823.4785	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1248.6096	b <sub>12</sub>
241.5916 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	412.2429 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	584.2921 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	913.5465	y <sub>9</sub>	1296.7383	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
249.1452 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	457.2769 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	587.3511	y <sub>6</sub>	921.4554	b <sub>8</sub>	1394.7152	MH
261.1557	y <sub>3</sub>	461.2313 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	595.26	b <sub>5</sub>	937.5214	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

MS/MS Fragmentation of RNEsLTATDGLR  
 Found in IPI00400923, SH3 multiple domains 1



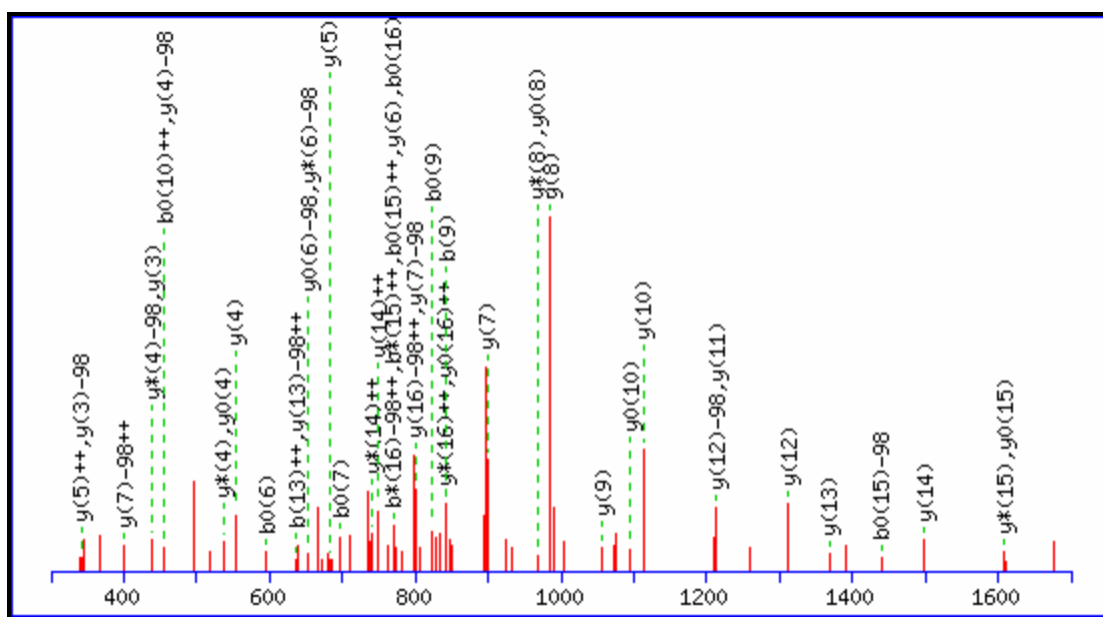
88.0631 <sup>+2</sup>	$y_1^{+2}$	340.6418 <sup>+2</sup>	$b_5^{+2}$	485.7331 <sup>+2</sup>	$b_9\text{-H}_3\text{PO}_4^{+2}$	632.3362	$y_6$	1013.4663	$y_9$
136.0793 <sup>+2</sup>	$b_2^{+2}$	342.1772 <sup>+2</sup>	$b_6\text{-H}_3\text{PO}_4^{+2}$	507.2368 <sup>+2</sup>	$y_9^{+2}$	657.8417 <sup>+2</sup>	$\text{MH-H}_3\text{PO}_4^{+2}$	1027.4803	$b_{10}\text{-H}_3\text{PO}_4$
144.6051 <sup>+2</sup>	$y_2^{+2}$	345.2245	$y_3$	514.2438 <sup>+2</sup>	$b_{10}\text{-H}_3\text{PO}_4^{+2}$	680.2763	$b_5$	1044.532	$y_{10}\text{-H}_3\text{PO}_4$
173.1159 <sup>+2</sup>	$y_3^{+2}$	367.1956 <sup>+2</sup>	$y_7^{+2}$	522.7696 <sup>+2</sup>	$y_{10}\text{-H}_3\text{PO}_4^{+2}$	683.3471	$b_6\text{-H}_3\text{PO}_4$	1068.4357	$b_9$
175.119	$y_1$	377.6958 <sup>+2</sup>	$b_7\text{-H}_3\text{PO}_4^{+2}$	534.7215 <sup>+2</sup>	$b_9^{+2}$	706.8301 <sup>+2</sup>	$\text{MH}^{+2}$	1125.4572	$b_{10}$
200.6006 <sup>+2</sup>	$b_3^{+2}$	391.1656 <sup>+2</sup>	$b_6^{+2}$	561.2991	$y_5$	733.3839	$y_7$	1140.5644	$b_{11}\text{-H}_3\text{PO}_4$
230.6293 <sup>+2</sup>	$y_4^{+2}$	400.1939	$b_3$	563.2322 <sup>+2</sup>	$b_{10}^{+2}$	754.3842	$b_7\text{-H}_3\text{PO}_4$	1142.5089	$y_{10}$
235.1113 <sup>+2</sup>	$b_4\text{-H}_3\text{PO}_4^{+2}$	423.7376 <sup>+2</sup>	$y_8^{+2}$	567.1923	$b_4$	781.324	$b_6$	1158.5749	$y_{11}\text{-H}_3\text{PO}_4$
271.1513	$b_2$	426.6842 <sup>+2</sup>	$b_7^{+2}$	570.7858 <sup>+2</sup>	$b_{11}\text{-H}_3\text{PO}_4^{+2}$	846.468	$y_8$	1238.5413	$b_{11}$
281.1532 <sup>+2</sup>	$y_5^{+2}$	428.2196 <sup>+2</sup>	$b_8\text{-H}_3\text{PO}_4^{+2}$	571.7581 <sup>+2</sup>	$y_{10}^{+2}$	852.3611	$b_7$	1256.5518	$y_{11}$
284.0998 <sup>+2</sup>	$b_4^{+2}$	458.2483 <sup>+2</sup>	$y_9\text{-H}_3\text{PO}_4^{+2}$	579.7911 <sup>+2</sup>	$y_{11}\text{-H}_3\text{PO}_4^{+2}$	855.4319	$b_8\text{-H}_3\text{PO}_4$	1314.6761	$\text{MH-H}_3\text{PO}_4$
288.203	$y_2$	460.2514	$y_4$	582.2994	$b_5\text{-H}_3\text{PO}_4$	915.4894	$y_9\text{-H}_3\text{PO}_4$	1412.6529	$\text{MH}$
291.6534 <sup>+2</sup>	$b_5\text{-H}_3\text{PO}_4^{+2}$	469.2154	$b_4\text{-H}_3\text{PO}_4$	619.7743 <sup>+2</sup>	$b_{11}^{+2}$	953.4088	$b_8$		
316.6717 <sup>+2</sup>	$y_6^{+2}$	477.2080 <sup>+2</sup>	$b_8^{+2}$	628.7796 <sup>+2</sup>	$y_{11}^{+2}$	970.4588	$b_9\text{-H}_3\text{PO}_4$		

MS/MS Fragmentation of AAsQGSDSPLPAQR  
 Found in IPI00400923, SH3 multiple domains 1



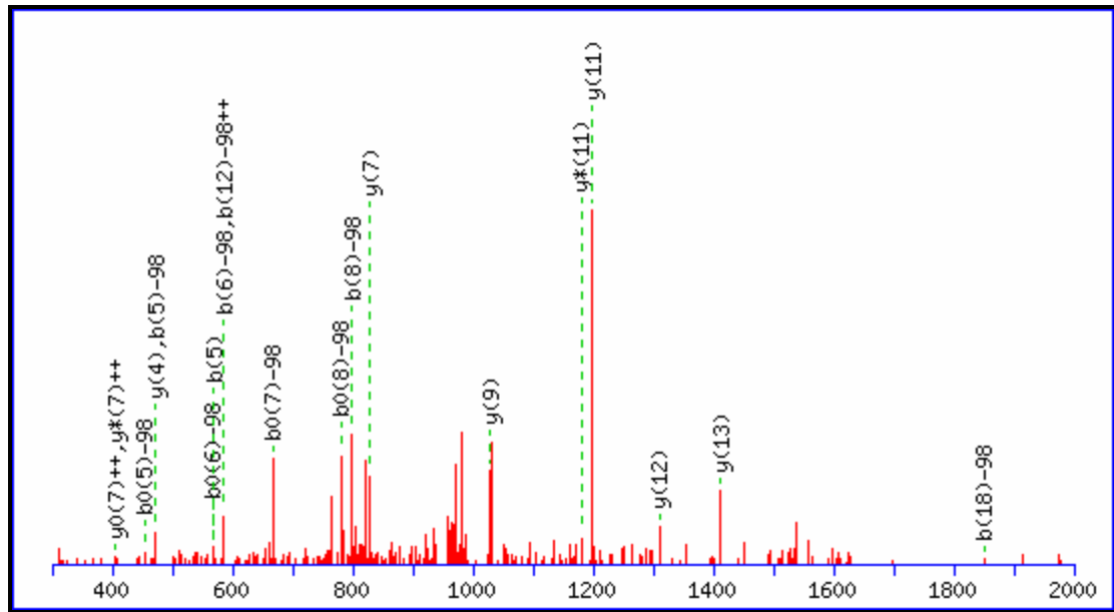
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	397.183	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	634.8333 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	881.3037	b <sub>9</sub>	1275.5617	b <sub>13</sub>
143.0815	b <sub>2</sub>	397.7478 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	669.3440 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	881.5203	y <sub>8</sub>	1305.6434	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
152.0924 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	438.1384	b <sub>4</sub>	686.274	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	896.4108	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1337.6808	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	441.2638 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	697.2189	b <sub>7</sub>	994.3877	b <sub>10</sub>	1403.6203	b <sub>14</sub>
187.6110 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	471.2674	y <sub>4</sub>	697.4355	y <sub>6</sub>	996.5473	y <sub>9</sub>	1408.7179	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
212.103	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	484.215	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	704.8626 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1009.4949	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1435.6577	y <sub>13</sub>
236.1373 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	495.1599	b <sub>5</sub>	718.3325 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1083.5793	y <sub>10</sub>	1479.755	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
292.6794 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	498.7773 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	740.3812 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1106.5477	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1506.6948	y <sub>14</sub>
303.1775	y <sub>2</sub>	542.2933 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	753.8510 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1107.4718	b <sub>11</sub>	1577.7319	MH
310.0799	b <sub>3</sub>	570.8040 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	783.3268	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1140.6008	y <sub>11</sub>		
340.1615	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	582.1919	b <sub>6</sub>	784.2509	b <sub>8</sub>	1177.5848	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
349.2214 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	584.3515	y <sub>5</sub>	789.3696 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1204.5246	b <sub>12</sub>		
374.2146	y <sub>3</sub>	599.242	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	794.4883	y <sub>7</sub>	1268.6593	y <sub>12</sub>		

MS/MS Fragmentation of EAEEGPTGASESQDsMS/MS Fragmentation of EAEEGPTGASESQDsPR  
 Found in IPI00400923, SH3 multiple domains 1 PR  
 Found in IPI00400923, SH3 multiple domains 1



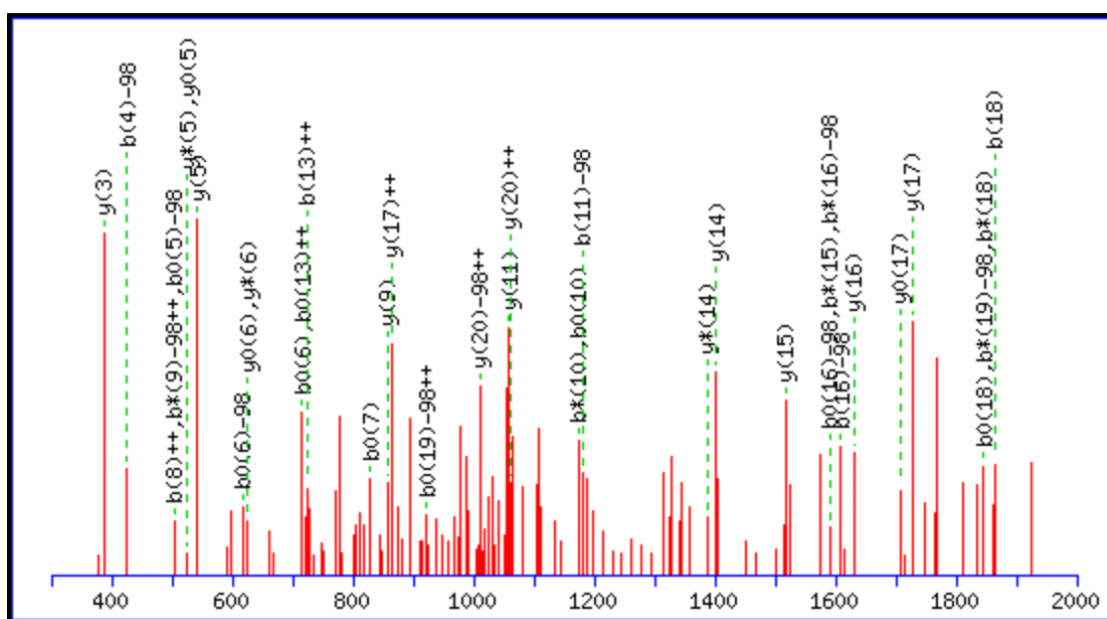
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	444.1963 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	656.2643 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	898.3302	y <sub>7</sub>	1388.5448	b <sub>14</sub>
136.5895 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	449.6687 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	671.3107	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	913.8574 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1399.6084	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
171.1002 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	456.2201	y <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	682.2556	y <sub>5</sub>	929.3847	b <sub>10</sub>	1457.5663	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	459.1722	b <sub>4</sub>	684.7750 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	958.4225	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1497.5853	y <sub>14</sub>
201.087	b <sub>2</sub>	479.7149 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	700.3079 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	985.3622	y <sub>8</sub>	1528.651	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
220.0887 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	493.1848 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	714.2941	b <sub>7</sub>	1015.4439	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1554.6191	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
228.6137 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	508.2256 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	749.2963 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1056.3994	y <sub>9</sub>	1555.5432	b <sub>15</sub>
272.1717	y <sub>2</sub>	516.1936	b <sub>5</sub>	764.8291 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1058.4273	b <sub>11</sub>	1599.6881	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
277.6021 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	528.7033 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	769.2876	y <sub>6</sub>	1113.4208	y <sub>10</sub>	1626.6279	y <sub>15</sub>
292.6430 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	554.197	y <sub>4</sub>	771.3155	b <sub>8</sub>	1116.4916	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1652.5959	b <sub>16</sub>
330.1296	b <sub>3</sub>	557.2140 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	800.3477 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1145.4593	b <sub>12</sub>	1697.665	y <sub>16</sub>
336.1590 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	558.7494 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	800.3533	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1213.5444	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1728.7307	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
341.1932	y <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	584.2787	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	813.8176 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1214.4685	y <sub>11</sub>	1826.7076	MH
341.6314 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	607.2758 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	842.3527	b <sub>9</sub>	1270.5658	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
385.1475 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	607.7379 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	849.3362 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1273.5179	b <sub>13</sub>		
400.6803 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	613.2464	b <sub>6</sub>	864.8690 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1311.5213	y <sub>12</sub>		
439.1701	y <sub>3</sub>	635.7866 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	887.3854	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1368.5427	y <sub>13</sub>		

MS/MS Fragmentation of SSs MS/MS Fragmentation of (SSS)DLITLPATTPPCPTKK  
 Found in IPI00400923, SH3 multiple domains 1 DLITLPATTPPCPTKK  
 Found in IPI00400923, SH3 multiple domains 1



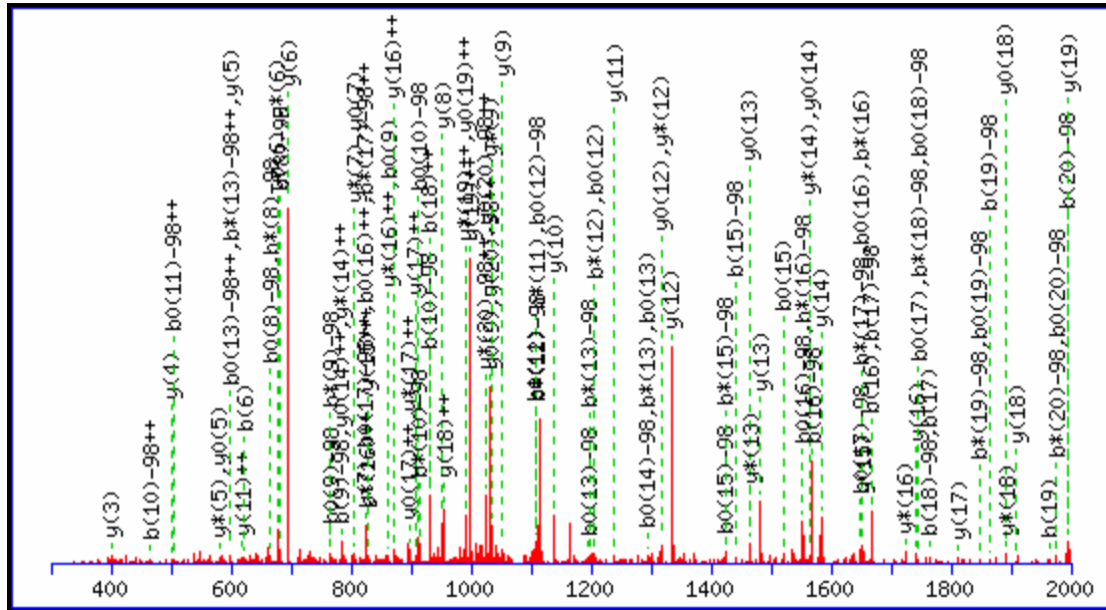
74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	472.2038	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	790.9577 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1019.0023 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1563.7723	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
138.1075 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	473.3082	y <sub>4</sub>	799.4196	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1043.5554	y <sub>10</sub>	1564.6965	b <sub>15</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	486.7628 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	848.4711 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1065.4864	b <sub>10</sub>	1580.908	y <sub>15</sub>
175.0713	b <sub>2</sub>	522.2813 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	871.4706	y <sub>8</sub>	1068.5572	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1661.7492	b <sub>16</sub>
188.6314 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	570.1807	b <sub>5</sub>	882.9819 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1140.6082	y <sub>11</sub>	1664.82	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
237.1577 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	570.8077 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	896.4724	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1166.5341	b <sub>11</sub>	1695.935	y <sub>16</sub>
244.0928	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	576.3174	y <sub>5</sub>	896.9611 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1169.6048	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1762.7969	b <sub>17</sub>
275.2078	y <sub>2</sub>	585.2879	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	897.3965	b <sub>8</sub>	1253.6922	y <sub>12</sub>	1764.9564	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
288.6623 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	627.3497 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	926.4979 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1266.6576	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1792.915	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
337.1887 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	673.3702	y <sub>6</sub>	931.9703 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1267.5817	b <sub>12</sub>	1851.9885	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
342.0697	b <sub>3</sub>	677.8736 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	945.9496 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1354.7399	y <sub>13</sub>	1862.9333	y <sub>17</sub>
359.1197	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	683.2648	b <sub>6</sub>	967.5095	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1363.7104	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1890.8919	b <sub>18</sub>
376.2554	y <sub>3</sub>	686.3355	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	970.0139 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1364.6345	b <sub>13</sub>	1939.0205	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
385.7151 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	734.4156 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	972.5183	y <sub>9</sub>	1461.6873	b <sub>14</sub>	1949.9654	y <sub>18</sub>
436.2389 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	770.4229	y <sub>7</sub>	975.4863 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1466.7196	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2036.9974	MH
457.0966	b <sub>4</sub>	784.3124	b <sub>7</sub>	994.4493	b <sub>9</sub>	1467.824	y <sub>14</sub>		

MS/MS Fragmentation of EIsLPILCNASNGSAVGVPDR  
 Found in IPI00400923, SH3 multiple domains 1



88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	486.2671	y <sub>4</sub>	835.4200 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1123.5816	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1608.805	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
145.5766 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	522.2922	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	846.4372	b <sub>7</sub>	1129.5596	y <sub>12</sub>	1649.7604	b <sub>16</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	523.2164	b <sub>4</sub>	851.4695	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1134.5265	b <sub>10</sub>	1669.8326	y <sub>17</sub>
194.1030 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	529.7649 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	857.4476	y <sub>9</sub>	1221.5585	b <sub>11</sub>	1706.7819	b <sub>17</sub>
243.1339	b <sub>2</sub>	543.2885	y <sub>5</sub>	891.9620 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1237.6245	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1707.8734	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
243.6372 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	565.2835 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	926.4727 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1243.6026	y <sub>13</sub>	1782.9167	y <sub>18</sub>
272.1479 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	620.2691	b <sub>5</sub>	949.4464	b <sub>8</sub>	1294.646	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1804.9262	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
290.1459	y <sub>2</sub>	622.3049 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	965.5125	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1335.6014	b <sub>12</sub>	1805.8503	b <sub>18</sub>
312.1554	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	635.3763	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	971.4905	y <sub>10</sub>	1346.6117	y <sub>14</sub>	1851.9382	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
321.6821 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	642.357	y <sub>6</sub>	975.4612 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1381.678	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1902.9031	b <sub>19</sub>
357.2007 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	673.8095 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	983.0147 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1392.6229	b <sub>13</sub>	1919.9531	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
387.1987	y <sub>3</sub>	713.3941	y <sub>7</sub>	1032.0032 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1452.7151	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1949.9151	y <sub>19</sub>
400.7167 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	730.3515 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1036.5496	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1459.6958	y <sub>15</sub>	1965.0222	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
410.1323	b <sub>3</sub>	733.3532	b <sub>6</sub>	1047.5360 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1479.6549	b <sub>14</sub>	2017.793	b <sub>20</sub>
425.2395	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	748.4604	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1058.5225	y <sub>11</sub>	1550.692	b <sub>15</sub>	2062.9991	y <sub>20</sub>
429.2274 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	786.8936 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1063.4894	b <sub>9</sub>	1551.7836	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2094.0648	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
486.2489 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	800.4261	y <sub>8</sub>	1096.5245 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1572.7799	y <sub>16</sub>	2192.0417	MH

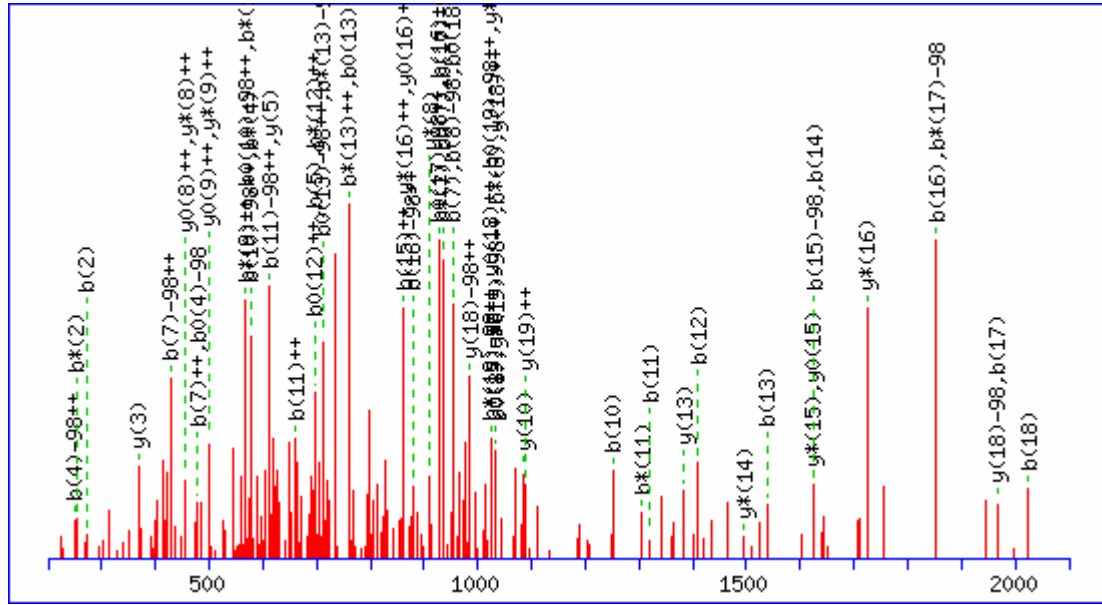
MS/MS Fragmentation of AQ(SS)PASATFPVSVQEPPTKPR  
 Found in IPI00010088, Histone deacetylase 4



88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	526.2984 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	906.4862 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1146.0570 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1764.784	b <sub>17</sub>
136.5895 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	551.1861	b <sub>5</sub>	930.4316	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1181.5756 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1811.965	y <sub>17</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	569.8144 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	952.5211	y <sub>8</sub>	1213.5848	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1861.8368	b <sub>18</sub>
200.103	b <sub>2</sub>	598.3671	y <sub>5</sub>	955.0125 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1224.5296	b <sub>12</sub>	1864.9076	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
200.6370 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	611.2784	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	997.0049 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1237.6899	y <sub>11</sub>	1909.0178	y <sub>18</sub>
251.1608 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	619.3486 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	998.5285 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1311.5617	b <sub>13</sub>	1962.8845	b <sub>19</sub>
269.1244	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	622.2232	b <sub>6</sub>	1027.4843	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1312.6532	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1993.0025	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
272.1717	y <sub>2</sub>	667.8750 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1028.4085	b <sub>10</sub>	1334.7427	y <sub>12</sub>	1996.0498	y <sub>19</sub>
299.6872 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	682.3155	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1033.0393 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1410.6301	b <sub>14</sub>	2065.0713	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
348.2136 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	695.4199	y <sub>6</sub>	1045.5313 <sup>+2</sup>	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1440.7118	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2090.0553	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
356.1565	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	709.2553	b <sub>7</sub>	1045.9934 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1481.8111	y <sub>13</sub>	2090.9794	b <sub>20</sub>
367.1013	b <sub>3</sub>	741.4092 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1051.5895	y <sub>9</sub>	1538.6887	b <sub>15</sub>	2163.0482	y <sub>20</sub>
400.2667	y <sub>3</sub>	780.2924	b <sub>8</sub>	1082.0277 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1569.7544	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2188.0322	b <sub>21</sub>
412.7349 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	783.3632	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1094.5197 <sup>+2</sup>	b <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1582.8588	y <sub>14</sub>	2193.1299	y <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
453.2092	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	791.9330 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1097.0686 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1653.8959	y <sub>15</sub>	2264.167	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
454.1334	b <sub>4</sub>	824.4625	y <sub>7</sub>	1125.4612	b <sub>11</sub>	1666.8071	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2291.1068	y <sub>21</sub>
476.7642 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	827.4516 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1126.5527	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1667.7313	b <sub>16</sub>	2362.1439	MH
501.3144	y <sub>4</sub>	870.9676 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1132.5871 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1740.9279	y <sub>16</sub>		
524.2463	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	881.3401	b <sub>9</sub>	1138.6215	y <sub>10</sub>	1763.8599	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

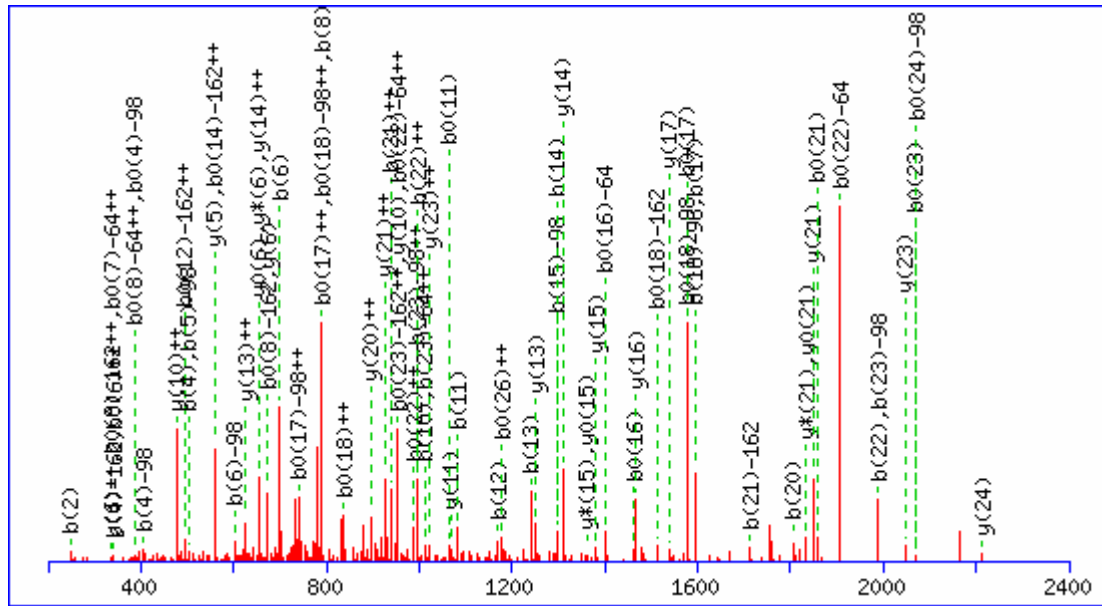


MS/MS Fragmentation of RNsRTEEPTVAESVENGHR  
 Found in IPI00179071, Nuclear receptor coactivator 6



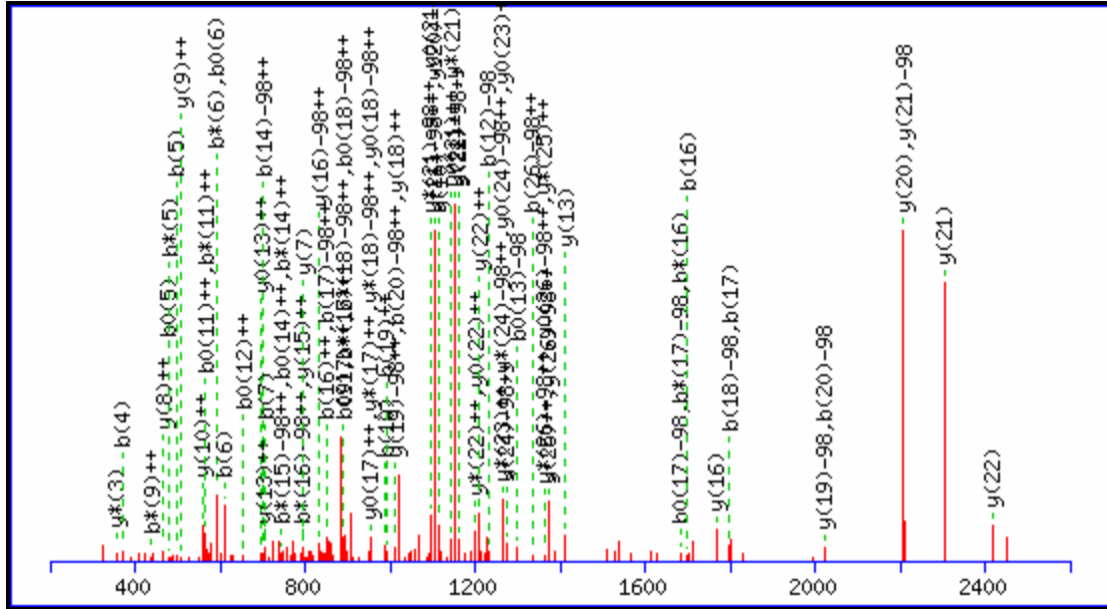
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	476.7334 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	726.3642	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1031.9805 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1624.6963	b <sub>14</sub>
136.0793 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	477.1955 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	756.3579 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1032.9527 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1625.7878	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
156.5926 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	483.2423	y <sub>4</sub>	763.8633 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1040.9858 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1640.7511	y <sub>15</sub>
170.5900 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	496.2739	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	769.3358 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1050.4364	b <sub>8</sub>	1723.7647	b <sub>15</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	507.7336 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	798.3853	y <sub>7</sub>	1053.5072	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1741.7987	y <sub>16</sub>
185.1033 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	525.7218 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	812.8518 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1080.9689 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1754.8304	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
219.5785 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	527.2572 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	813.3975 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1085.497	y <sub>10</sub>	1852.8073	b <sub>16</sub>
242.1248 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	543.2522 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	820.8792 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1089.9742 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1868.8733	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
248.6406 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	576.2457 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	824.3411	b <sub>6</sub>	1119.0363 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1897.8999	y <sub>17</sub>
271.1513	b <sub>2</sub>	576.7914 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	855.4068	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1151.4841	b <sub>9</sub>	1925.8948	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
297.6290 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	592.7864 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	862.3860 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1152.5756	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1966.8502	b <sub>17</sub>
299.1644 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	594.2508	b <sub>4</sub>	871.4030 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1168.0248 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1966.9213	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
306.6461 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	597.3216	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	877.9188 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1184.5654	y <sub>11</sub>	2023.8717	b <sub>18</sub>
312.1779	y <sub>2</sub>	612.2848	y <sub>5</sub>	926.9073 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1223.6127	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2062.9537	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
340.1728	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	612.3100 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	927.4279	y <sub>8</sub>	1250.5525	b <sub>10</sub>	2064.8982	y <sub>18</sub>
348.1529 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	625.7799 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	934.9403 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1285.6131	y <sub>12</sub>	2080.9642	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
356.1803 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	643.3102 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	949.4536 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1310.6448	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2160.9306	b <sub>19</sub>
363.6857 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	655.8260 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	952.4595	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1321.5896	b <sub>11</sub>	2178.9411	y <sub>19</sub>
369.1993	y <sub>3</sub>	661.2984 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	953.3836	b <sub>7</sub>	1382.6659	y <sub>13</sub>	2237.0654	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
399.6963 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	691.8366 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	963.4510 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1408.6216	b <sub>12</sub>	2335.0423	MH
412.6742 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	695.2985	b <sub>5</sub>	983.9287 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1439.6873	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
428.2070 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	704.8145 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	983.9643 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1511.7085	y <sub>14</sub>		
438.1497	b <sub>3</sub>	711.3533	y <sub>6</sub>	1012.4395 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1526.7194	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
464.2176 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	720.3473 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1014.4599	y <sub>9</sub>	1537.6642	b <sub>13</sub>		

MS/MS Fragmentation of mTsSPVGPGTASAGPSLPGGALPTSVR  
 Found in IPI00179071, Nuclear receptor coactivator 6



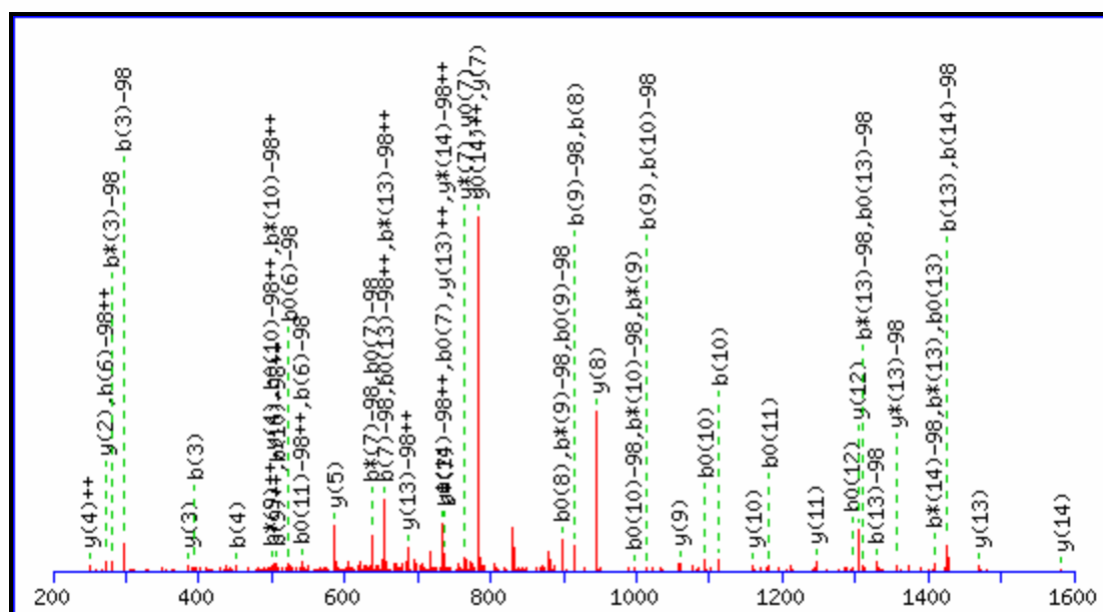
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	600.1735	b <sub>5</sub>	925.4920 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1274.6093 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1849.9767	y <sub>21</sub>
137.5973 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	601.265	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	954.5367	y <sub>10</sub>	1296.5889	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1876.8147	b <sub>21</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	626.3564 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	975.0262 <sup>+2</sup>	y <sub>22</sub> <sup>+2</sup>	1297.513	b <sub>14</sub>	1891.9218	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
181.1133 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	654.8672 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	984.4455	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1308.727	y <sub>14</sub>	1949.0451	y <sub>22</sub>
231.6372 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	658.2865	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1011.3853	b <sub>10</sub>	1379.7641	y <sub>15</sub>	1988.9746	b <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
249.0904	b <sub>2</sub>	672.4039	y <sub>6</sub>	1023.5526 <sup>+2</sup>	y <sub>23</sub> <sup>+2</sup>	1383.6209	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1989.8987	b <sub>22</sub>
274.1874	y <sub>2</sub>	690.3857 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1058.0633 <sup>+2</sup>	y <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1394.5658	b <sub>15</sub>	2046.0978	y <sub>23</sub>
280.1636 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	699.2419	b <sub>6</sub>	1067.6208	y <sub>11</sub>	1466.7962	y <sub>16</sub>	2086.9515	b <sub>23</sub>
336.1224	b <sub>3</sub>	733.9017 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1071.4775	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1481.5978	b <sub>16</sub>	2090.0223	b <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
336.7056 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	743.441	y <sub>7</sub>	1082.4224	b <sub>11</sub>	1496.705	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2115.1193	y <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
361.2194	y <sub>3</sub>	755.3393	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1101.5793 <sup>+2</sup>	y <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1537.8333	y <sub>17</sub>	2177.0543	b <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
372.2241 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	756.2634	b <sub>7</sub>	1107.0517 <sup>+2</sup>	y <sub>24</sub> <sup>+2</sup>	1593.7577	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2187.9992	b <sub>24</sub>
400.7349 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	769.4203 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1142.5146	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1594.6819	b <sub>17</sub>	2202.1513	y <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
405.1438	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	800.4625	y <sub>8</sub>	1150.5677 <sup>+2</sup>	y <sub>25</sub> <sup>+2</sup>	1638.881	y <sub>18</sub>	2213.0962	y <sub>24</sub>
429.2456 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	812.3607	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1152.1031 <sup>+2</sup>	y <sub>26</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1650.7792	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2275.0312	b <sub>25</sub>
462.2671	y <sub>4</sub>	819.9441 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1154.6528	y <sub>12</sub>	1691.7346	b <sub>18</sub>	2276.1227	b <sub>26</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
477.7720 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	848.4549 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1169.4544	b <sub>12</sub>	1695.9024	y <sub>19</sub>	2300.1282	y <sub>25</sub>
502.1966	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	853.3161	b <sub>8</sub>	1199.5361	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1707.8007	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2303.199	y <sub>26</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
503.1207	b <sub>4</sub>	857.4839	y <sub>9</sub>	1201.0916 <sup>+2</sup>	y <sub>26</sub> <sup>+2</sup>	1748.7561	b <sub>19</sub>	2374.0996	b <sub>26</sub>
534.3140 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	896.9812 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1225.6208 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1778.8378	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2401.1759	y <sub>26</sub>
559.3198	y <sub>5</sub>	910.3376	b <sub>9</sub>	1240.4915	b <sub>13</sub>	1792.9552	y <sub>20</sub>	2450.2344	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
577.8300 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	913.4084	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1251.7056	y <sub>13</sub>	1805.7776	b <sub>20</sub>	2548.2113	MH

MS/MS Fragmentation of ATPVQLSPPCtSSPVVPSHPPVQQVK  
 Found in IPI00179071, Nuclear receptor coactivator 6



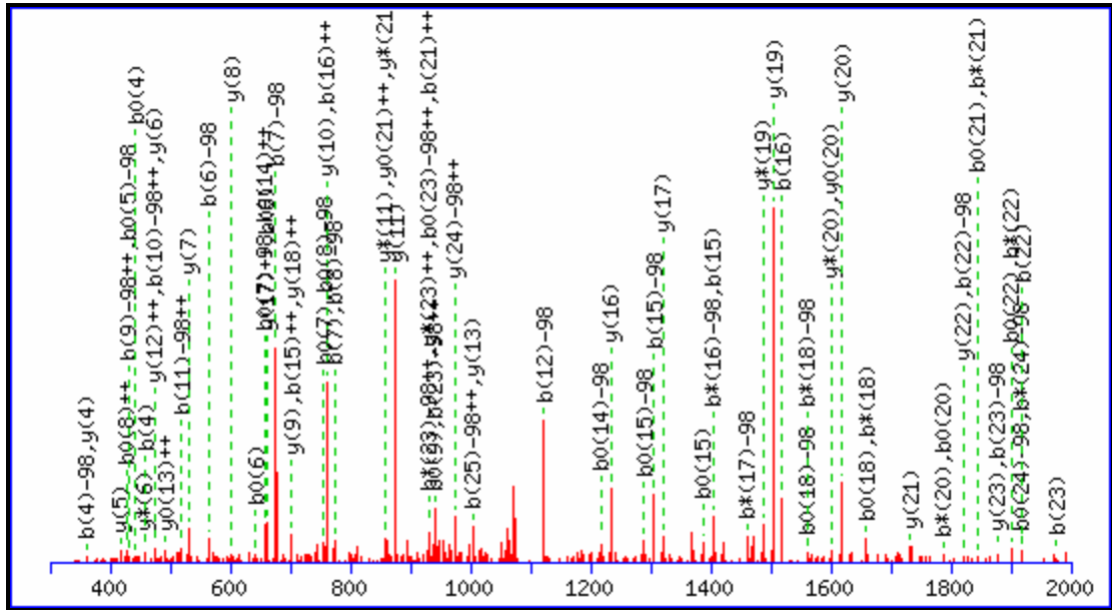
74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	794.4407	b <sub>8</sub>	1132.0988 <sup>+2</sup>	y <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1445.7093	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2159.0954	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
123.5942 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	795.4723	y <sub>7</sub>	1174.5925	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1446.6335	b <sub>14</sub>	2160.0195	b <sub>21</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	834.9570 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1178.5740 <sup>+2</sup>	b <sub>23</sub> <sup>+2</sup>	1498.8376	y <sub>14</sub>	2248.0832	y <sub>21</sub>
173.0921	b <sub>2</sub>	883.9455 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1181.0873 <sup>+2</sup>	y <sub>22</sub> <sup>+2</sup>	1543.6862	b <sub>15</sub>	2257.0723	b <sub>22</sub>
187.6235 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	886.4616 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1193.6148 <sup>+2</sup>	b <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1544.7777	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2258.1638	b <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
246.1812	y <sub>2</sub>	891.4934	b <sub>9</sub>	1196.1281 <sup>+2</sup>	y <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1585.8697	y <sub>15</sub>	2263.1903	y <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
251.6528 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	932.5312	y <sub>8</sub>	1215.6844	y <sub>11</sub>	1642.7546	b <sub>16</sub>	2356.1407	b <sub>23</sub>
270.1448	b <sub>3</sub>	934.9880 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1242.6033 <sup>+2</sup>	b <sub>24</sub> <sup>+2</sup>	1643.8462	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2361.1672	y <sub>22</sub>
301.1870 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	935.4501 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1245.1165 <sup>+2</sup>	y <sub>23</sub> <sup>+2</sup>	1668.9068	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2386.2224	b <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
349.7134 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	982.9986 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1245.6623 <sup>+2</sup>	y <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1740.8989	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2391.2489	y <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
369.2132	b <sub>4</sub>	983.5144 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1257.6441 <sup>+2</sup>	b <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1741.823	b <sub>17</sub>	2484.1993	b <sub>24</sub>
374.2398	y <sub>3</sub>	983.9765 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1261.6245	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1766.8837	y <sub>16</sub>	2489.2258	y <sub>23</sub>
398.2398 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	988.5462	b <sub>10</sub>	1272.5694	b <sub>12</sub>	1771.916	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2490.3173	y <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
466.7693 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	1019.5633	y <sub>9</sub>	1294.1887 <sup>+2</sup>	y <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1827.9309	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2514.281	b <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
497.2718	b <sub>5</sub>	1027.0304 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1294.6508 <sup>+2</sup>	y <sub>24</sub> <sup>+2</sup>	1838.8758	b <sub>18</sub>	2587.3701	y <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
502.2984	y <sub>4</sub>	1031.5249 <sup>+2</sup>	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1306.6326 <sup>+2</sup>	b <sub>25</sub> <sup>+2</sup>	1868.9687	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2588.2942	y <sub>24</sub>
510.2853 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	1031.9870 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1307.1783 <sup>+2</sup>	b <sub>26</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1869.8929	y <sub>17</sub>	2612.2579	b <sub>25</sub>
558.8116 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	1032.5028 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1314.7528	y <sub>12</sub>	1925.9078	b <sub>19</sub>	2613.3494	b <sub>26</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
601.3668	y <sub>5</sub>	1075.5568 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1343.1771 <sup>+2</sup>	y <sub>25</sub> <sup>+2</sup>	1964.9899	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2685.347	y <sub>25</sub>
608.3459 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	1076.0188 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1344.7125 <sup>+2</sup>	y <sub>26</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1966.0215	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2688.4178	y <sub>26</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
610.3559	b <sub>6</sub>	1080.0513 <sup>+2</sup>	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1348.6566	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1966.9456	y <sub>18</sub>	2711.3263	b <sub>26</sub>
657.8801 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1080.5134 <sup>+2</sup>	b <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1356.1668 <sup>+2</sup>	b <sub>26</sub> <sup>+2</sup>	2053.0535	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2759.4549	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
698.4196	y <sub>6</sub>	1091.5554	b <sub>11</sub>	1359.6014	b <sub>13</sub>	2062.0426	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2786.3947	y <sub>26</sub>
706.4064 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1116.616	y <sub>10</sub>	1380.2311 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2062.9668	b <sub>20</sub>	2857.4318	MH
707.4087	b <sub>7</sub>	1124.5452 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1393.7010 <sup>+2</sup>	y <sub>26</sub> <sup>+2</sup>	2063.9984	y <sub>19</sub>		
749.9225 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1129.0398 <sup>+2</sup>	b <sub>22</sub> <sup>+2</sup>	1411.8056	y <sub>13</sub>	2150.1063	y <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
793.4385 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1129.5855 <sup>+2</sup>	b <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1429.2195 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	2151.0304	y <sub>20</sub>		

MS/MS Fragmentation of NLsGSTLYPVSNIPIR  
 Found in IPI00640136, regulatory factor X domain containing 2



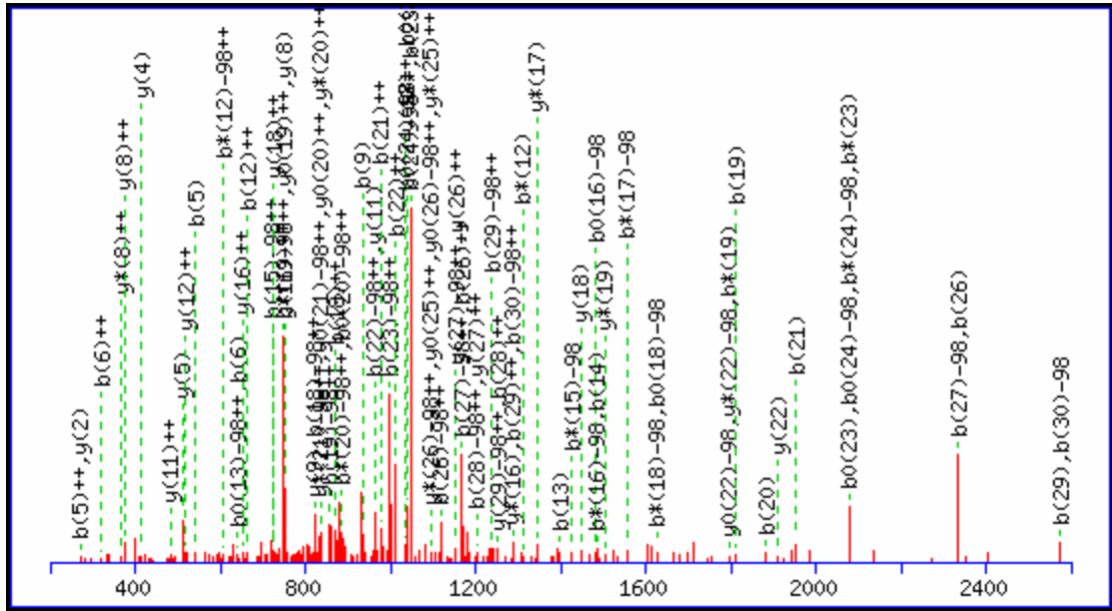
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	395.1326	b <sub>3</sub>	655.341	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	945.5152	y <sub>8</sub>	1372.7219	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
136.5895 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	441.2092	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	685.3991	y <sub>6</sub>	1013.434	b <sub>9</sub>	1425.7373	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	452.1541	b <sub>4</sub>	686.8646 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1014.5255	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1426.6614	b <sub>13</sub>
193.1315 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	473.2613 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	735.8531 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1058.5993	y <sub>9</sub>	1470.6988	y <sub>13</sub>
228.1343	b <sub>2</sub>	499.2987	y <sub>4</sub>	743.4066 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1101.5575	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1485.806	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
250.1530 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	529.8033 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	753.3179	b <sub>7</sub>	1112.5024	b <sub>10</sub>	1523.7142	b <sub>14</sub>
272.1717	y <sub>2</sub>	539.1861	b <sub>5</sub>	782.4519	y <sub>7</sub>	1159.647	y <sub>10</sub>	1583.7829	y <sub>14</sub>
293.6690 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	542.2569	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	792.3951 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1199.5344	b <sub>11</sub>	1599.8489	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
297.1557	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	580.3271 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	800.4281 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1215.6004	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1697.8258	MH
343.2032 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	586.3307	y <sub>5</sub>	818.4043	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1246.679	y <sub>11</sub>		
354.1772	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	623.8431 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	849.4166 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1303.7005	y <sub>12</sub>		
385.2558	y <sub>3</sub>	640.2338	b <sub>6</sub>	915.4571	b <sub>0</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1313.5773	b <sub>12</sub>		
391.7296 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	652.3539 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	916.3812	b <sub>8</sub>	1328.6845	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

MS/MS Fragmentation of AYsGSDLPSSSSGGANGTAGGGGAR  
 Found in IPI00293427, zinc finger/RING finger 2



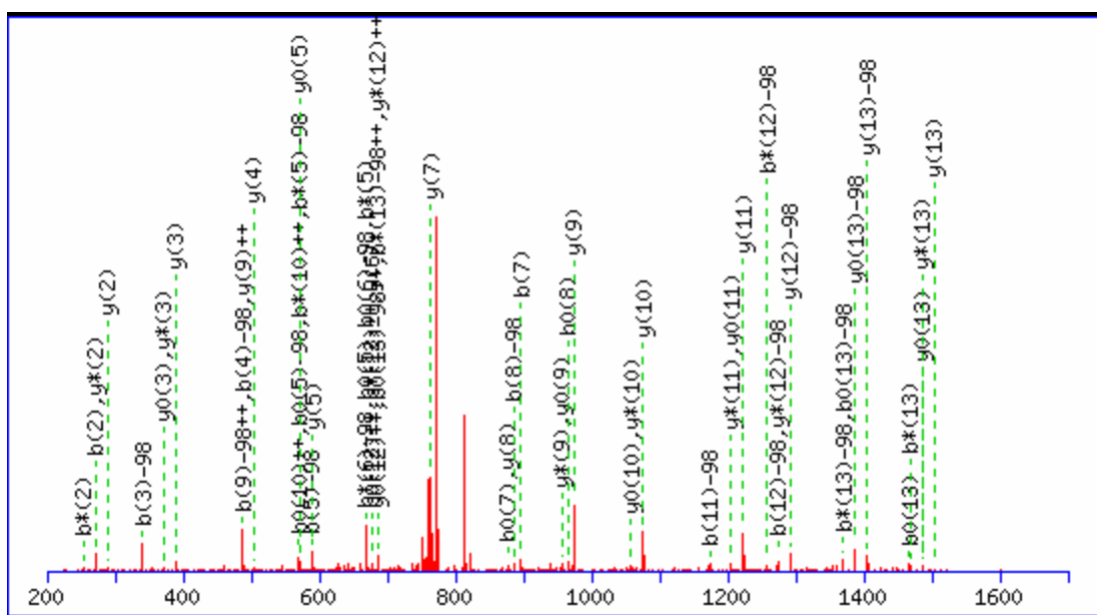
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	459.1275	b <sub>4</sub>	860.3785	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1146.5246	y <sub>15</sub>	1732.7845	y <sub>21</sub>
123.5817 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	473.2285 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	866.8959 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1178.496	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1747.6807	b <sub>19</sub>
152.0924 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	474.2419	y <sub>6</sub>	871.3233	b <sub>8</sub>	1219.4515	b <sub>12</sub>	1763.7467	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	501.7392 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	874.4126	y <sub>11</sub>	1233.5567	y <sub>16</sub>	1804.7021	b <sub>20</sub>
180.6031 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	530.2499 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	910.4119 <sup>+2</sup>	y <sub>22</sub> <sup>+2</sup>	1235.5175	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1819.8165	y <sub>22</sub>
209.1139 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	531.2634	y <sub>7</sub>	938.9226 <sup>+2</sup>	y <sub>23</sub> <sup>+2</sup>	1276.4729	b <sub>13</sub>	1820.7682	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
235.1077	b <sub>2</sub>	546.1596	b <sub>5</sub>	945.4497	y <sub>12</sub>	1306.5546	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1861.7236	b <sub>21</sub>
237.6246 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	563.2096	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	947.4105	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1320.5887	y <sub>17</sub>	1876.838	y <sub>23</sub>
246.1561	y <sub>2</sub>	573.7660 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	958.3554	b <sub>9</sub>	1333.4944	b <sub>14</sub>	1877.7896	b <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
266.1353 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	602.3005	y <sub>8</sub>	973.4334 <sup>+2</sup>	y <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1404.5315	b <sub>15</sub>	1918.7451	b <sub>22</sub>
301.6539 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	617.2820 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1002.4711	y <sub>13</sub>	1407.6207	b <sub>18</sub>	1934.8111	b <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
303.1775	y <sub>3</sub>	660.7980 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1022.4218 <sup>+2</sup>	y <sub>24</sub> <sup>+2</sup>	1420.5975	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1945.8594	y <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
304.1292	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	661.1865	b <sub>6</sub>	1034.4425	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1477.619	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1975.7665	b <sub>23</sub>
352.1777 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	676.2937	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1045.3874	b <sub>10</sub>	1504.6735	y <sub>19</sub>	2005.8482	b <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
360.199	y <sub>4</sub>	703.3482	y <sub>9</sub>	1054.9650 <sup>+2</sup>	y <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1518.5744	b <sub>16</sub>	2032.788	b <sub>24</sub>
361.1506	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	704.3140 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1059.4926	y <sub>14</sub>	1575.5959	b <sub>17</sub>	2043.8363	y <sub>24</sub>
380.6885 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	752.8404 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1090.4836 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1578.6667	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2103.8251	b <sub>25</sub>
402.1061	b <sub>3</sub>	760.3696	y <sub>10</sub>	1103.9535 <sup>+2</sup>	y <sub>25</sub> <sup>+2</sup>	1617.7576	y <sub>20</sub>	2108.9228	y <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
417.2205	y <sub>5</sub>	773.3464	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1121.4746	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1649.7038	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2179.9599	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
437.7099 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	774.2706	b <sub>7</sub>	1132.4194	b <sub>11</sub>	1676.6436	b <sub>18</sub>	2206.8997	y <sub>25</sub>
448.1827	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	809.3824 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1139.4720 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1706.7252	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2277.9368	MH

MS/MS Fragmentation of FPAQVPSAHQPASGGAAAAAAPAAPAPR  
 Found in IPI00293427, zinc finger/RING finger 2



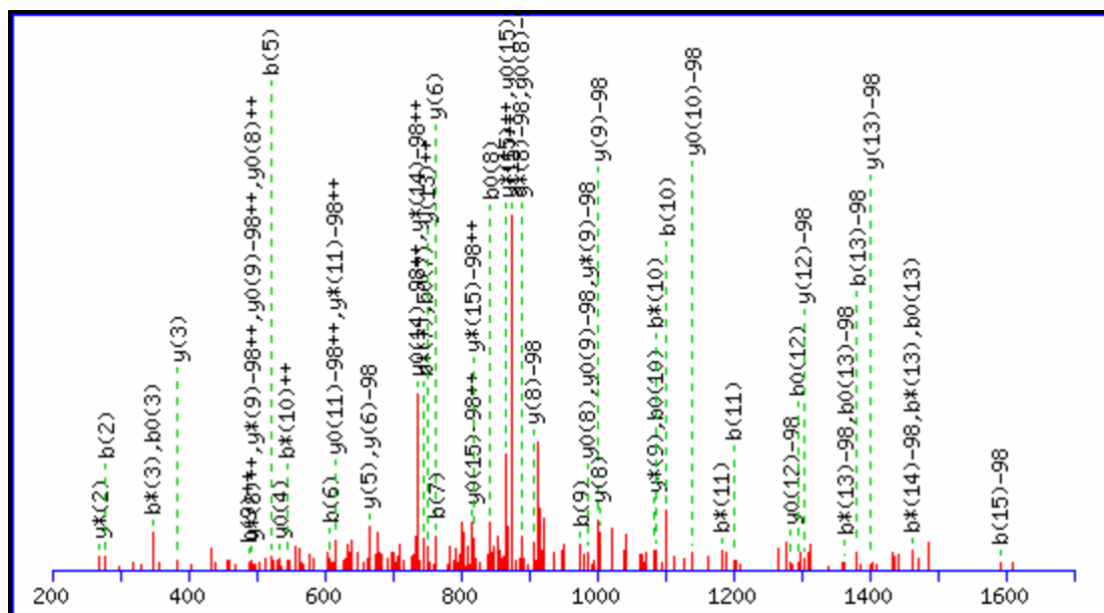
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	694.3413 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1011.5168 <sup>+2</sup>	y <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1301.1677 <sup>+2</sup>	y <sub>30</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1954.8807	b <sub>21</sub>
136.5895 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	699.8137 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1013.4626 <sup>+2</sup>	b <sub>22</sub> <sup>+2</sup>	1301.6297 <sup>+2</sup>	y <sub>29</sub> <sup>+2</sup>	1998.978	b <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
172.1081 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	722.8520 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1024.9867 <sup>+2</sup>	y <sub>23</sub> <sup>+2</sup>	1304.707	y <sub>16</sub>	2022.0264	y <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	724.8839 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1034.5742	y <sub>12</sub>	1327.5831	b <sub>12</sub>	2025.9178	b <sub>22</sub>
207.6266 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	727.3774	b <sub>7</sub>	1048.5190 <sup>+2</sup>	b <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1336.6345 <sup>+2</sup>	b <sub>30</sub> <sup>+2</sup>	2048.9662	y <sub>23</sub>
245.1285	b <sub>2</sub>	743.3297 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1048.9811 <sup>+2</sup>	b <sub>23</sub> <sup>+2</sup>	1350.1561 <sup>+2</sup>	y <sub>30</sub> <sup>+2</sup>	2096.0308	b <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
256.1530 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	750.4257	y <sub>8</sub>	1055.0329 <sup>+2</sup>	y <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1361.7284	y <sub>17</sub>	2096.9549	b <sub>23</sub>
272.1717	y <sub>2</sub>	751.3628 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1060.5053 <sup>+2</sup>	y <sub>24</sub> <sup>+2</sup>	1374.7019 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2109.0584	y <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
291.6715 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	760.4024 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1063.532	b <sub>10</sub>	1387.6753	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2120.0033	y <sub>24</sub>
316.1656	b <sub>3</sub>	771.8405 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1084.0376 <sup>+2</sup>	b <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1398.6202	b <sub>13</sub>	2167.0679	b <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
327.1901 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	786.8813 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1097.5075 <sup>+2</sup>	b <sub>24</sub> <sup>+2</sup>	1423.6903 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	2194.0077	b <sub>24</sub>
343.2088	y <sub>3</sub>	794.9132 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1103.5592 <sup>+2</sup>	y <sub>26</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1444.6968	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2206.1112	y <sub>26</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
375.7165 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	798.4145	b <sub>8</sub>	1104.0213 <sup>+2</sup>	y <sub>25</sub> <sup>+2</sup>	1448.7605	y <sub>18</sub>	2207.0353	y <sub>25</sub>
411.2350 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	800.3512 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1105.6113	y <sub>13</sub>	1485.6522	b <sub>14</sub>	2238.105	b <sub>26</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
414.2459	y <sub>4</sub>	821.4628	y <sub>9</sub>	1119.5562 <sup>+2</sup>	b <sub>26</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1501.7183	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2265.0448	b <sub>25</sub>
444.2241	b <sub>4</sub>	822.3999 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1133.0260 <sup>+2</sup>	b <sub>25</sub> <sup>+2</sup>	1519.7976	y <sub>19</sub>	2304.0881	y <sub>26</sub>
446.7536 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	835.8698 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1152.5477 <sup>+2</sup>	y <sub>26</sub> <sup>+2</sup>	1542.6737	b <sub>15</sub>	2305.1796	y <sub>27</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
468.2403 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	843.4395 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1153.0934 <sup>+2</sup>	y <sub>27</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1572.7554	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2335.1578	b <sub>27</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
482.2722 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	843.9016 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1160.5847	b <sub>11</sub>	1588.819	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2336.0819	b <sub>26</sub>
511.2987	y <sub>5</sub>	857.9184 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1168.0825 <sup>+2</sup>	b <sub>27</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1599.6951	b <sub>16</sub>	2403.1565	y <sub>27</sub>
517.7907 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	871.3883 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1168.5446 <sup>+2</sup>	b <sub>26</sub> <sup>+2</sup>	1643.7925	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2406.1949	b <sub>28</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
532.2696 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	892.4280 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1176.6484	y <sub>14</sub>	1670.7323	b <sub>17</sub>	2433.1347	b <sub>27</sub>
543.2926	b <sub>5</sub>	892.4999	y <sub>10</sub>	1202.0819 <sup>+2</sup>	y <sub>27</sub> <sup>+2</sup>	1685.8718	y <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2433.2382	y <sub>28</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
553.3093 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	893.4370 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1203.6011 <sup>+2</sup>	b <sub>28</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1686.7959	y <sub>20</sub>	2477.232	b <sub>29</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
580.7960 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	906.9069 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1217.0710 <sup>+2</sup>	b <sub>27</sub> <sup>+2</sup>	1714.8296	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2504.1718	b <sub>28</sub>
582.3358	y <sub>6</sub>	907.4688 <sup>+2</sup>	y <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1217.1227 <sup>+2</sup>	y <sub>28</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1741.7694	b <sub>18</sub>	2504.2753	y <sub>29</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
588.8278 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	928.9555 <sup>+2</sup>	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1229.6062	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1783.8487	y <sub>21</sub>	2531.2151	y <sub>28</sub>
615.3067 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	935.4734	b <sub>9</sub>	1239.1197 <sup>+2</sup>	b <sub>29</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1785.8667	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2574.2848	b <sub>30</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
624.3464 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	942.4254 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1247.6855	y <sub>15</sub>	1812.8065	b <sub>19</sub>	2575.2089	b <sub>29</sub>
640.3453	b <sub>6</sub>	956.4573 <sup>+2</sup>	y <sub>22</sub> <sup>+2</sup>	1252.5895 <sup>+2</sup>	b <sub>28</sub> <sup>+2</sup>	1813.9304	y <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2601.3281	y <sub>30</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
650.8253 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	963.537	y <sub>11</sub>	1252.6413 <sup>+2</sup>	y <sub>29</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1856.9038	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2602.2522	y <sub>29</sub>
652.8571 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	964.4741 <sup>+2</sup>	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1266.1112 <sup>+2</sup>	y <sub>28</sub> <sup>+2</sup>	1883.8436	b <sub>20</sub>	2672.2617	b <sub>30</sub>
653.3729	y <sub>7</sub>	975.9983 <sup>+2</sup>	y <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1287.6460 <sup>+2</sup>	b <sub>30</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1911.9073	y <sub>22</sub>	2699.305	y <sub>30</sub>
664.2952 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	977.9440 <sup>+2</sup>	b <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1288.1081 <sup>+2</sup>	b <sub>29</sub> <sup>+2</sup>	1927.9409	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2748.3965	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
681.3678 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	999.9927 <sup>+2</sup>	b <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1300.6433	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1950.9893	y <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2846.3734	MH

MS/MS Fragmentation of RNsFTPLSSNTIR  
 Found in IPI00305589, Isoform 1 of 6-phosphofructo-2-kinase/fructose-2,6-biphosphatase 2



88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	343.1745 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	535.7370 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	695.3241 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1070.4667	b <sub>9</sub>
136.0793 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	343.6365 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	538.2907 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	703.3571 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1075.5742	y <sub>10</sub>
144.6051 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	382.6985 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	579.2530 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	743.3403 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1157.4987	b <sub>10</sub>
170.5900 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	389.2507	y <sub>3</sub>	585.2181	b <sub>4</sub>	752.3456 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1173.5647	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	392.1629 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	587.2860 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	764.3897	y <sub>7</sub>	1222.6426	y <sub>11</sub>
195.1290 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	399.7165 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	588.2889	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	781.4077 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1271.5416	b <sub>11</sub>
219.5785 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	438.1497	b <sub>3</sub>	590.3257	y <sub>5</sub>	783.3185	b <sub>6</sub>	1274.6124	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
244.1242 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	439.2405 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	611.8250 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	798.4257	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1291.6641	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
252.1504 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	443.2325 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	636.2744 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	830.3962 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1372.5893	b <sub>12</sub>
271.1513	b <sub>2</sub>	448.7049 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	637.8098 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	877.4738	y <sub>8</sub>	1387.6965	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
288.203	y <sub>2</sub>	486.7485 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	646.3357 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	885.4577	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1389.641	y <sub>12</sub>
293.1127 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	487.2412	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	677.3577	y <sub>6</sub>	896.4026	b <sub>7</sub>	1405.707	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
294.6481 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	487.7669 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	685.3416	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	972.4898	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1485.6733	b <sub>13</sub>
295.6665 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	492.2209 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	686.2658	b <sub>5</sub>	974.5265	y <sub>9</sub>	1503.6839	y <sub>13</sub>
339.1825 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	503.2936	y <sub>4</sub>	686.7983 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	983.4346	b <sub>8</sub>	1561.8081	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
340.1728	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	530.2645 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	694.3519 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1059.5218	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1659.785	MH

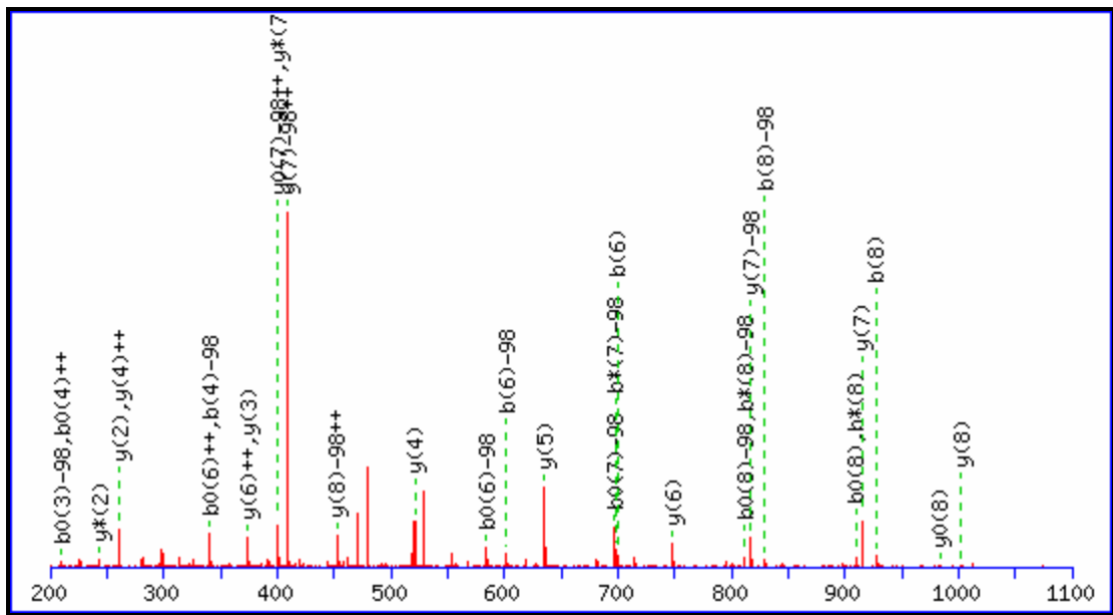
MS/MS Fragmentation of NYSVGSRPLKPLsPLR  
 Found in IPI00305589, Isoform 1 of 6-phosphofructo-2-kinase/fructose-2,6-biphosphatase 2



88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	453.3002 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	664.4141	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	861.4213	b <sub>8</sub>	1381.7587	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
144.6051 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	454.2772	y <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	665.3382	y <sub>5</sub>	875.4742 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1400.7774	y <sub>12</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	464.214	b <sub>4</sub>	672.3816 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	883.5072 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1401.8689	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
193.1315 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	487.7563 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	691.3830 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	890.4859	y <sub>7</sub>	1478.8114	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
227.6423 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	501.8266 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	700.8923 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	905.5931	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1479.7356	b <sub>13</sub>
276.6307 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	502.2886 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	701.4381 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	932.4957 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1488.9009	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
278.1135	b <sub>2</sub>	521.2354	b <sub>5</sub>	739.9094 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	974.5054	b <sub>9</sub>	1499.8458	y <sub>13</sub>
284.1843 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	550.8150 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	740.3714 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1002.6459	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1576.7883	b <sub>14</sub>
288.203	y <sub>2</sub>	551.8038 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	744.9541 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1003.57	y <sub>8</sub>	1586.8778	y <sub>14</sub>
332.7107 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	552.2541	y <sub>4</sub>	750.4265 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1100.6228	y <sub>9</sub>	1591.8955	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
333.1727 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	567.3613	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	762.391	y <sub>6</sub>	1102.6004	b <sub>10</sub>	1651.9642	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
365.1456	b <sub>3</sub>	579.8771 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	764.3686	b <sub>7</sub>	1158.747	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1689.8724	b <sub>15</sub>
381.6991 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	600.3302 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	788.8978 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1199.6531	b <sub>11</sub>	1749.9411	y <sub>15</sub>
382.6879 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	608.2675	b <sub>6</sub>	792.509	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1245.779	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1766.0072	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
385.2558	y <sub>3</sub>	623.3931 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	793.9425 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1256.7239	y <sub>10</sub>	1863.9841	MH
396.7582 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	628.8656 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	796.4514 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1302.8005	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
431.2143 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	651.9039 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	826.4858 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1312.7372	b <sub>12</sub>		
445.7466 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	656.8722 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	845.4398 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1343.7559	y <sub>11</sub>		

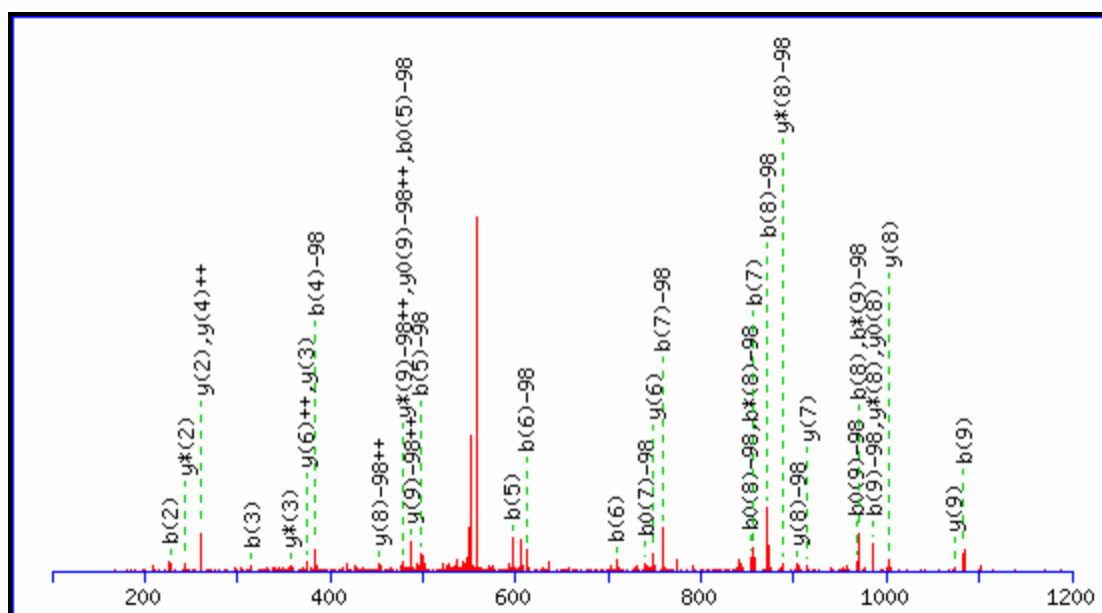


MS/MS Fragmentation of ASsLNFLNK  
 Found in IPI00021634, Kinesin light chain 2



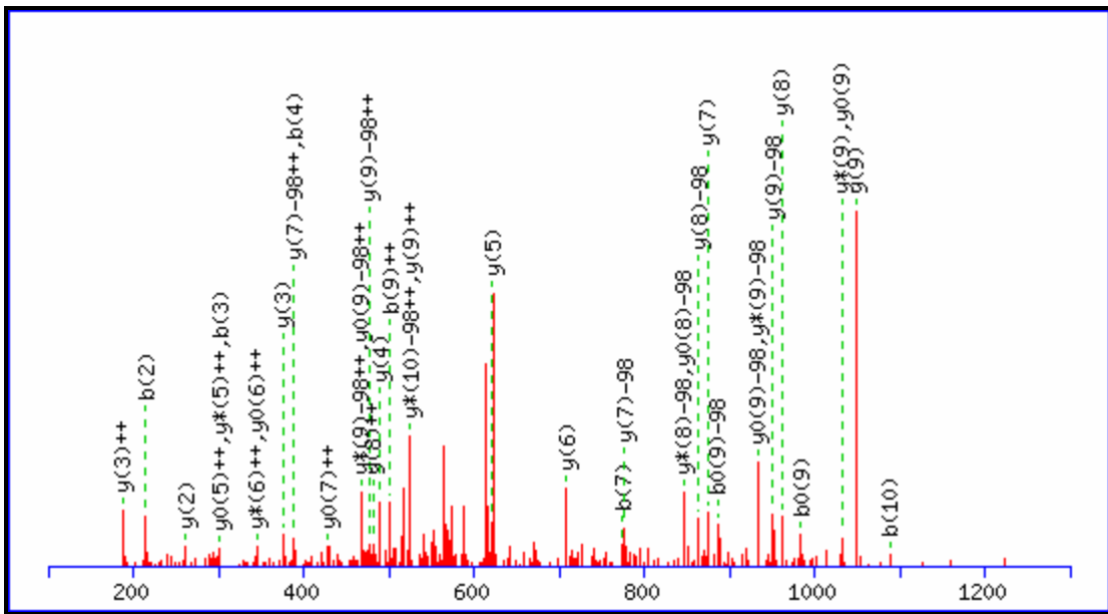
74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	318.1792 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	455.2249	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	635.3511	y <sub>5</sub>	915.4336	y <sub>7</sub>
131.0815 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	326.0748	b <sub>3</sub>	458.2204 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	700.2702	b <sub>6</sub>	927.3972	b <sub>8</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	341.1819	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	488.2665 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	715.3774	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	975.5258	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
159.0764	b <sub>2</sub>	374.2398	y <sub>3</sub>	501.7364 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	748.4352	y <sub>6</sub>	1002.4656	y <sub>8</sub>
187.6235 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	374.7212 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	521.3082	y <sub>4</sub>	813.3542	b <sub>7</sub>	1073.5027	MH
228.0979	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	409.2320 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	537.2550 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	817.4567	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
261.1557	y <sub>2</sub>	439.1588	b <sub>4</sub>	553.2018	b <sub>5</sub>	829.4203	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
261.1577 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	452.7480 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	602.2933	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	904.4887	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

MS/MS Fragmentation of RASsLNFLNK  
 Found in IPI00021634, Kinesin light chain 2



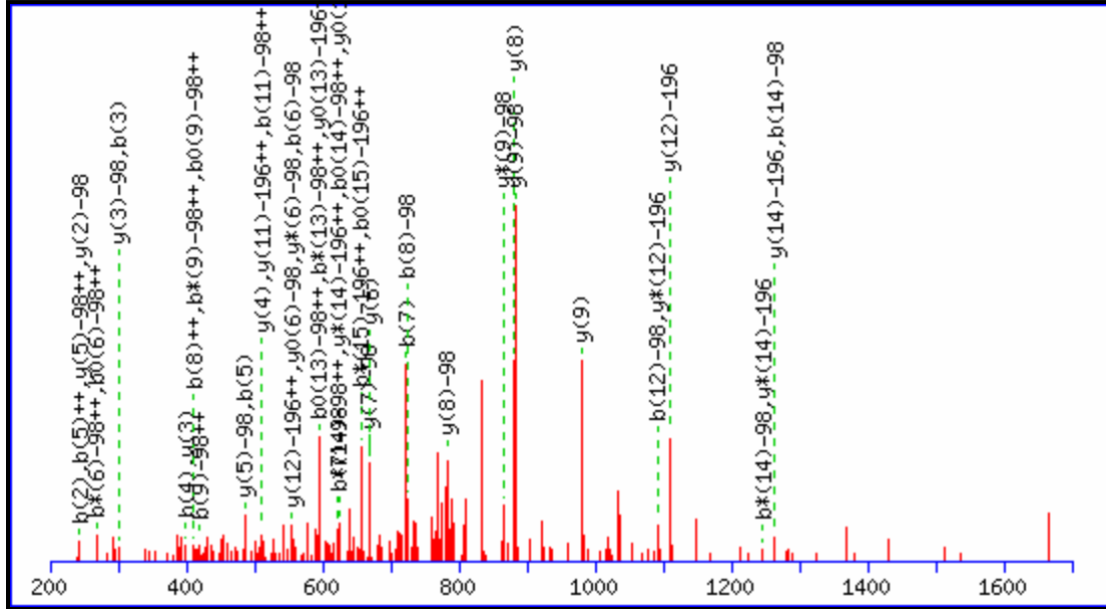
74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	298.1336 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	452.7480 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	595.26	b <sub>5</sub>	969.4554	b <sub>8</sub>
114.5764 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	306.1666 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	458.2204 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	611.326	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	975.5258	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
131.0815 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	315.1775	b <sub>3</sub>	482.1759	b <sub>4</sub>	615.3055 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	985.5214	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	318.1792 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	485.2313 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	635.3511	y <sub>5</sub>	1002.4656	y <sub>8</sub>
158.0924 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	355.1551 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	488.2665 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	709.3029	b <sub>6</sub>	1073.5027	y <sub>9</sub>
187.6235 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	374.2398	y <sub>3</sub>	493.2643 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	748.4352	y <sub>6</sub>	1083.4983	b <sub>9</sub>
192.6031 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	374.7212 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	497.2831	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	758.3944	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1131.6269	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
228.1455	b <sub>2</sub>	379.7008 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	501.7364 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	817.4567	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1229.6038	MH
241.5916 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	384.199	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	521.3082	y <sub>4</sub>	856.3713	b <sub>7</sub>		
249.1452 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	409.2320 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	537.2550 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	871.4785	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
261.1557	y <sub>2</sub>	428.6893 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	542.2528 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	904.4887	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
261.1577 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	436.2429 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	566.3171 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	915.4336	y <sub>7</sub>		

MS/MS Fragmentation of TLS(SS)SMDLSR  
 Found in IPI00021634, Kinesin light chain 2



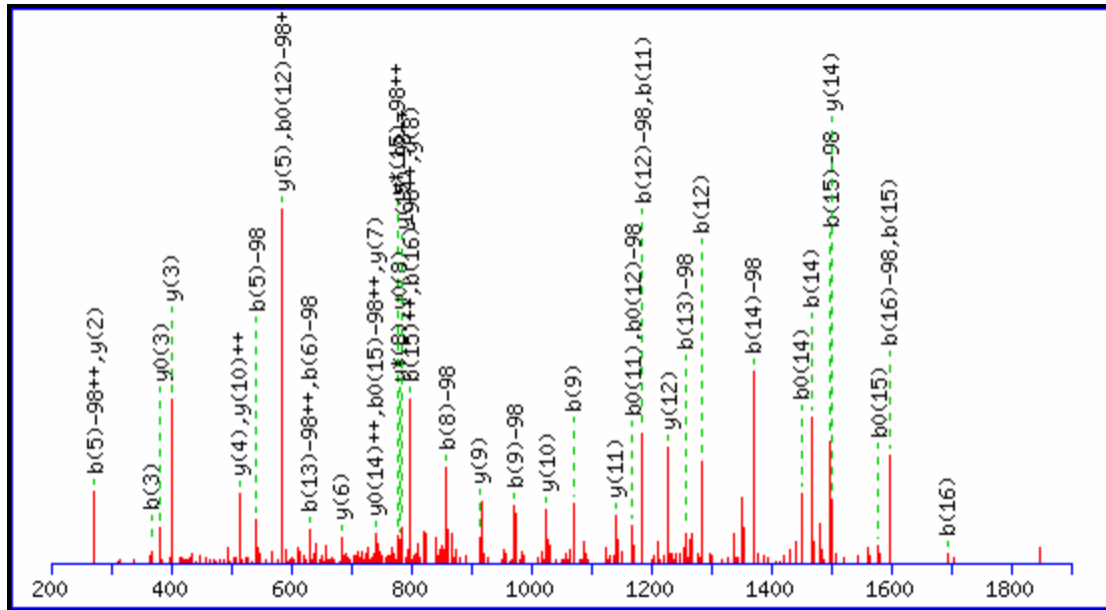
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	375.235	y <sub>3</sub>	532.7557 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	774.2739	b <sub>7</sub>	1002.385	b <sub>9</sub>
131.5791 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	389.1816 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	545.2566	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	777.356	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1049.3969	y <sub>9</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	389.2031	b <sub>4</sub>	556.2014	b <sub>5</sub>	791.324	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1064.5041	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
188.1212 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	432.6976 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	581.7441 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	864.388	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1089.417	b <sub>10</sub>
215.139	b <sub>2</sub>	438.1701 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	583.2795 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	875.3329	y <sub>7</sub>	1162.481	y <sub>10</sub>
245.6346 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	458.2245	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	621.3025	y <sub>5</sub>	889.3009	b <sub>8</sub>	1165.5518	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
262.151	y <sub>2</sub>	476.2136 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	632.2680 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	904.4081	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1263.5287	MH
302.171	b <sub>3</sub>	481.6861 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	643.2335	b <sub>6</sub>	951.42	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
311.1549 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	490.262	y <sub>4</sub>	676.2971	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	962.3649	y <sub>8</sub>		
354.6709 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	525.2021 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	708.3345	y <sub>6</sub>	991.4401	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

MS/MS Fragmentation of SRGPSsAVLPSALGsR  
 Found in IPI00006682, Protein phosphatase 1 regulatory subunit 3D



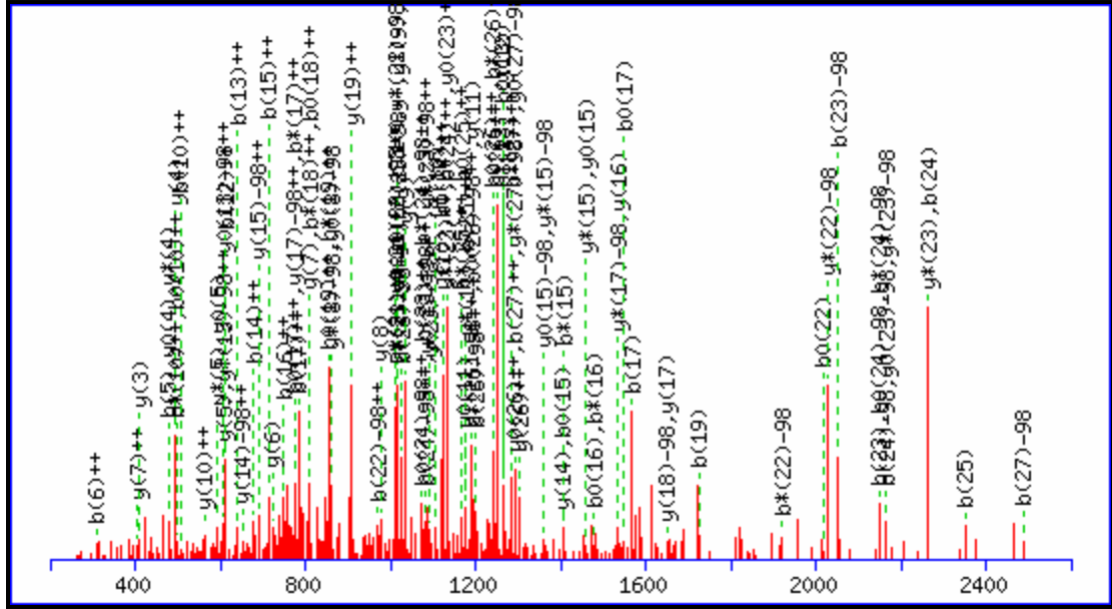
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	362.1447 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	560.2633 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	724.3737	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1190.5565	b <sub>12</sub>
122.5738 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	362.6905 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	560.2815 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	729.8231 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1205.6637	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
122.5738 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	384.1760 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	572.3151	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	758.8852 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1205.6637	y <sub>13</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
151.0846 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	391.7296 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	583.26	y <sub>5</sub>	764.3338 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1206.5878	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
151.0846 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	398.2146	b <sub>4</sub>	595.7819 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	767.3447	y <sub>7</sub>	1217.5327	y <sub>11</sub>
171.5623 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	399.1388	y <sub>3</sub>	603.3355 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	782.4519	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1262.6852	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	411.6789 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	603.3355 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	802.4012 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1262.6852	y <sub>14</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
199.6110 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	414.2459	y <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	603.7976 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	807.8737 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1303.6406	b <sub>13</sub>
200.0730 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	419.2325 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	609.2700 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	822.3506	b <sub>8</sub>	1303.6406	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
207.6266 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	440.7180 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	625.3052	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	837.4577	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1304.5647	y <sub>12</sub>
243.1270 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	441.2638 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	631.8462 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	851.3897 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1331.7066	b <sub>15</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
243.1452 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	467.7589 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	631.8462 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	880.4288	y <sub>8</sub>	1360.6621	b <sub>14</sub>
244.1404	b <sub>2</sub>	468.2209 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	652.245	b <sub>6</sub>	881.5203	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1360.6621	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
244.1404	y <sub>2</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	476.7824 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	652.3239 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	934.5105	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1401.6175	y <sub>13</sub>
256.6151 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	485.2467	b <sub>5</sub>	652.3239 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	935.4346	b <sub>9</sub>	1418.7863	y <sub>15</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
277.6377 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	485.2831	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	652.7860 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	952.5574	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1429.6835	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
286.6612 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	490.2522 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	666.3570 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	979.4972	y <sub>9</sub>	1458.639	y <sub>14</sub>
292.1336 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	511.2749 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	669.3678	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1021.5425	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1516.7632	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
301.1619	y <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	511.2931 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	670.292	y <sub>6</sub>	1021.5789	y <sub>11</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1527.6604	b <sub>15</sub>
301.1619	b <sub>3</sub>	512.2228	y <sub>4</sub>	680.8347 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1032.4874	b <sub>10</sub>	1603.7952	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
313.1563 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	516.7473 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	680.8347 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1050.5343	y <sub>10</sub>	1614.7401	y <sub>15</sub>
326.6262 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	525.7708 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	701.3124 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1092.5796	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1701.7721	MH
335.1876 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	546.7935 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	709.8968 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1108.6109	y <sub>12</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
335.6496 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	554.2681	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	715.3454 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1119.5194	b <sub>11</sub>		
342.1173	y <sub>2</sub>	554.8091 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	723.2821	b <sub>7</sub>	1119.5558	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

MS/MS Fragmentation of SLsCLSDLDGGVALEPR  
 Found in IPI00006682, Protein phosphatase 1 regulatory subunit 3D



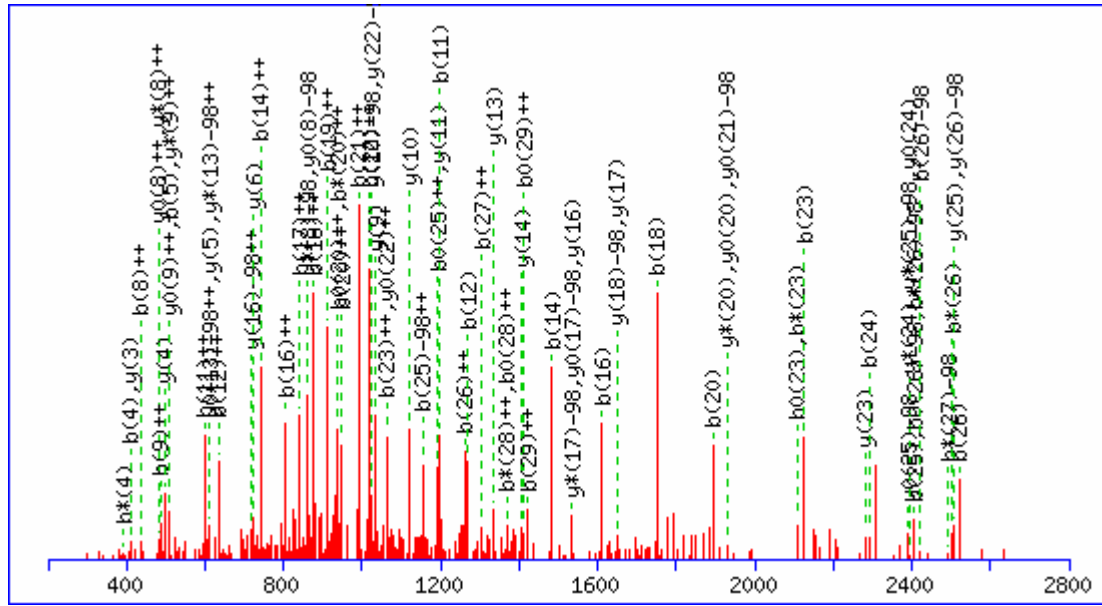
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	401.2143	y <sub>3</sub>	688.2971	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	916.4081	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1341.7009	y <sub>13</sub>
136.5895 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	457.2405 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	722.8587 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	973.4295	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1411.6175	b <sub>14</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	471.1309	b <sub>4</sub>	741.4254	y <sub>7</sub>	1014.385	b <sub>9</sub>	1442.6832	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
201.1108 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	486.2381	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	757.3694 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1026.5578	y <sub>10</sub>	1444.7101	y <sub>14</sub>
201.1234	b <sub>2</sub>	513.7826 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	786.2739	b <sub>7</sub>	1030.451	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1513.7315	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
257.6528 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	514.2984	y <sub>4</sub>	798.4468	y <sub>8</sub>	1071.4064	b <sub>10</sub>	1539.7359	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
270.1448	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	571.2960 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	801.3811	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1128.4279	b <sub>11</sub>	1540.6601	b <sub>15</sub>
272.1717	y <sub>2</sub>	573.2701	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	806.3578 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1129.5194	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1611.7084	y <sub>15</sub>
293.1714 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	584.215	b <sub>5</sub>	813.9114 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1141.5848	y <sub>11</sub>	1626.8156	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
342.7056 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	585.3355	y <sub>5</sub>	857.4274 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1200.5565	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1637.7128	b <sub>16</sub>
368.1217	b <sub>3</sub>	614.8120 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	862.8999 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1227.4963	b <sub>12</sub>	1713.8476	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
371.2163 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	671.247	b <sub>6</sub>	899.358	b <sub>8</sub>	1228.6168	y <sub>12</sub>	1724.7925	y <sub>16</sub>
373.154	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	671.3541 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	906.4159 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1298.5334	b <sub>13</sub>	1811.8245	MH
399.7271 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	684.4039	y <sub>6</sub>	913.4738	y <sub>9</sub>	1313.6406	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

MS/MS Fragmentation of GPVPQHVVEAPDGAAAASGsSLDSFSR  
 Found in IPI00552905, Isoform 1 of Proline-rich transmembrane protein 3



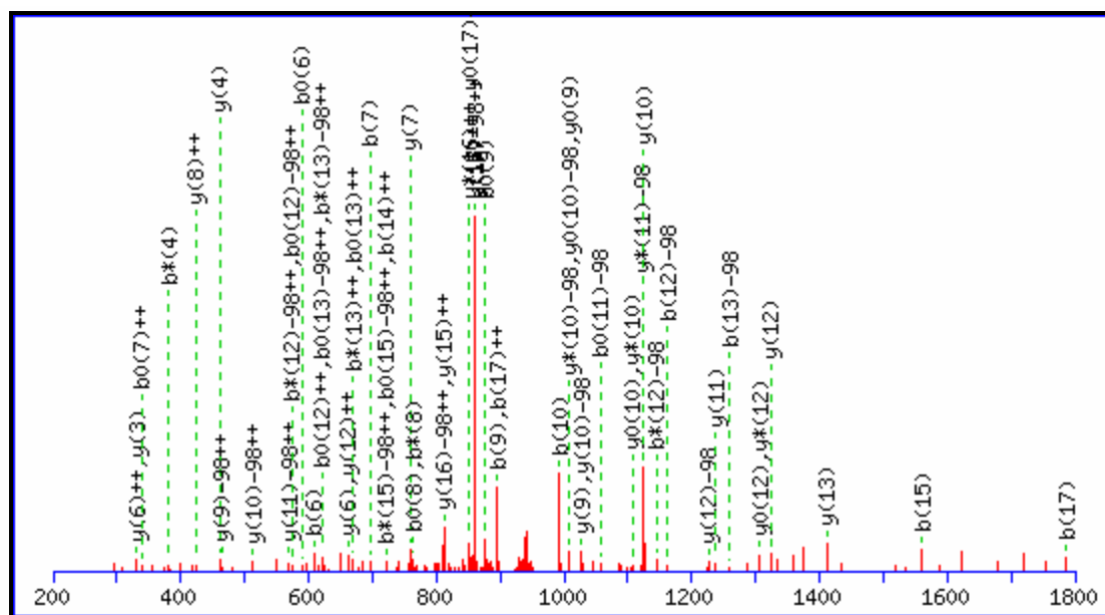
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	616.3202	b <sub>6</sub>	943.4996	b <sub>9</sub>	1244.5906 <sup>+2</sup>	b <sub>27</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1848.8359	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
131.5791 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	619.2940 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	969.9689 <sup>+2</sup>	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1250.0630 <sup>+2</sup>	b <sub>26</sub> <sup>+2</sup>	1851.8984	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
155.0815	b <sub>2</sub>	632.7639 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	973.9100 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1254.0636 <sup>+2</sup>	y <sub>25</sub> <sup>+2</sup>	1938.9304	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	642.3226 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	974.4558 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1254.6093 <sup>+2</sup>	y <sub>26</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1946.8128	y <sub>20</sub>
205.1133 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	654.8126 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	975.4413 <sup>+2</sup>	b <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1264.5205	y <sub>12</sub>	1947.9043	y <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
248.6293 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	668.2825 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	978.3928	y <sub>8</sub>	1283.6379	b <sub>13</sub>	1949.8753	b <sub>21</sub>
254.1499	b <sub>3</sub>	677.8411 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1014.5367	b <sub>10</sub>	1293.5790 <sup>+2</sup>	b <sub>27</sub> <sup>+2</sup>	2036.9073	b <sub>22</sub>
262.151	y <sub>2</sub>	690.3311 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1018.9573 <sup>+2</sup>	b <sub>22</sub> <sup>+2</sup>	1303.1357 <sup>+2</sup>	y <sub>27</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2045.8812	y <sub>21</sub>
306.1428 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	703.8010 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1023.4442 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1303.5978 <sup>+2</sup>	y <sub>26</sub> <sup>+2</sup>	2046.9727	y <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
308.6637 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	713.3597 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1023.9900 <sup>+2</sup>	y <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1308.6179	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2052.0145	b <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
351.2027	b <sub>4</sub>	715.3886	b <sub>7</sub>	1024.4694	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1331.6464 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2144.9496	y <sub>22</sub>
358.1979 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	718.8419 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1026.5109 <sup>+2</sup>	b <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1335.5577	y <sub>13</sub>	2149.9914	b <sub>23</sub>
362.6849 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	724.3624	y <sub>6</sub>	1035.4143	y <sub>9</sub>	1352.1241 <sup>+2</sup>	y <sub>27</sub> <sup>+2</sup>	2167.0414	b <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
406.2009 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	739.3196 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1072.9784 <sup>+2</sup>	y <sub>22</sub> <sup>+2</sup>	1354.675	b <sub>14</sub>	2184.0316	y <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
407.7321 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	748.8782 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1075.4993 <sup>+2</sup>	b <sub>23</sub> <sup>+2</sup>	1379.655	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2254.0735	b <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
409.2194	y <sub>3</sub>	767.8303 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1084.0244 <sup>+2</sup>	b <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1380.6349 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	2265.0183	b <sub>24</sub>
440.7116 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	776.3553 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1092.5194 <sup>+2</sup>	y <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1406.5948	y <sub>14</sub>	2282.0085	y <sub>23</sub>
469.2223 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	784.3968 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1095.5065	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1425.7121	b <sub>15</sub>	2312.0902	y <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
472.2534 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	811.3945	y <sub>7</sub>	1111.5895	b <sub>11</sub>	1436.6764	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2352.0504	b <sub>25</sub>
479.2613	b <sub>5</sub>	814.457	b <sub>8</sub>	1122.4463	y <sub>10</sub>	1477.6319	y <sub>15</sub>	2401.1419	b <sub>26</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
489.7000 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	819.9154 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1127.5404 <sup>+2</sup>	b <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1496.7492	b <sub>16</sub>	2409.1429	y <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
496.2514	y <sub>4</sub>	824.8817 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1133.0128 <sup>+2</sup>	b <sub>24</sub> <sup>+2</sup>	1534.6533	y <sub>16</sub>	2410.0671	y <sub>24</sub>
507.7720 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	825.3438 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1141.5079 <sup>+2</sup>	y <sub>23</sub> <sup>+2</sup>	1551.7034	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2488.1739	b <sub>27</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
512.7383 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	860.4003 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1156.5487 <sup>+2</sup>	y <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1567.7863	b <sub>17</sub>	2499.1188	b <sub>26</sub>
518.2108 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	863.4314 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1166.5436	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1638.8234	b <sub>18</sub>	2507.1198	y <sub>25</sub>
548.2569 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	873.8702 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1176.5288 <sup>+2</sup>	b <sub>25</sub> <sup>+2</sup>	1648.7562	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2508.2114	y <sub>26</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
556.2984 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	880.4159	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1193.4834	y <sub>11</sub>	1649.6803	y <sub>17</sub>	2586.1508	b <sub>27</sub>
561.7268 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	891.9421 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1201.0746 <sup>+2</sup>	b <sub>26</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1719.7933	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2605.2641	y <sub>27</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
583.7755 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	909.3887 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1205.0751 <sup>+2</sup>	y <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1725.8555	b <sub>19</sub>	2606.1883	y <sub>26</sub>
597.2453 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	924.9216 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1205.5372 <sup>+2</sup>	y <sub>24</sub> <sup>+2</sup>	1746.733	y <sub>18</sub>	2662.2856	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
611.2784	y <sub>5</sub>	926.4528 <sup>+2</sup>	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1226.6164	b <sub>12</sub>	1782.8769	b <sub>20</sub>	2703.241	y <sub>27</sub>
613.8118 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	937.4374	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1237.5808	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1817.7702	y <sub>19</sub>	2760.2625	MH

MS/MS Fragmentation of VRGPVPQHVVVEAPDGAAAAASGSsLDSFSR  
 Found in IPI00552905, Isoform 1 of Proline-rich transmembrane protein 3



88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	619.2940 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1019.5269 <sup>+2</sup>	b <sub>22</sub> <sup>+2</sup>	1331.6464 <sup>+2</sup>	y <sub>28</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2046.9727	y <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
128.5920 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	632.7639 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1023.4442 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1335.5577	y <sub>13</sub>	2107.0679	b <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
131.5791 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	635.3568 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1023.9900 <sup>+2</sup>	y <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1352.1241 <sup>+2</sup>	y <sub>27</sub> <sup>+2</sup>	2144.9496	y <sub>22</sub>
157.1028 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	654.8126 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1024.4694	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1366.759	b <sub>13</sub>	2184.0316	y <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	668.2825 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1035.4143	y <sub>9</sub>	1372.1754 <sup>+2</sup>	b <sub>29</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2194.1	b <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
205.1133 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	683.8831 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1054.0376 <sup>+2</sup>	b <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1377.6478 <sup>+2</sup>	b <sub>28</sub> <sup>+2</sup>	2205.0448	b <sub>23</sub>
205.6292 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	690.3311 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1069.6265	b <sub>10</sub>	1379.655	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2282.0085	y <sub>23</sub>
248.6293 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	703.8010 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1072.9784 <sup>+2</sup>	y <sub>22</sub> <sup>+2</sup>	1380.6349 <sup>+2</sup>	y <sub>28</sub> <sup>+2</sup>	2292.0768	b <sub>24</sub>
255.1634 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	718.8419 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1092.5194 <sup>+2</sup>	y <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1406.5948	y <sub>14</sub>	2307.184	b <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
256.1768	b <sub>2</sub>	724.3624	y <sub>6</sub>	1095.5065	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1409.6970 <sup>+2</sup>	y <sub>29</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2312.0902	y <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
262.151	y <sub>2</sub>	734.4308	b <sub>7</sub>	1097.5536 <sup>+2</sup>	b <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1421.1638 <sup>+2</sup>	b <sub>29</sub> <sup>+2</sup>	2405.1609	b <sub>25</sub>
303.6897 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	739.3196 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1103.0260 <sup>+2</sup>	b <sub>23</sub> <sup>+2</sup>	1436.6764	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2409.1429	y <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
306.1428 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	741.3966 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1122.4463	y <sub>10</sub>	1458.6854 <sup>+2</sup>	y <sub>29</sub> <sup>+2</sup>	2410.0671	y <sub>24</sub>
313.1983	b <sub>3</sub>	767.8303 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1141.5079 <sup>+2</sup>	b <sub>23</sub> <sup>+2</sup>	1459.2312 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2422.211	b <sub>26</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
362.6849 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	769.9073 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1146.5421 <sup>+2</sup>	b <sub>24</sub> <sup>+2</sup>	1477.6319	y <sub>15</sub>	2507.1198	y <sub>25</sub>
367.7190 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	776.3553 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1154.0956 <sup>+2</sup>	b <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1481.7859	b <sub>14</sub>	2508.2114	y <sub>26</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
406.2009 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	805.4259 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1156.5487 <sup>+2</sup>	y <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1508.2196 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	2509.243	b <sub>27</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
409.2194	y <sub>3</sub>	811.3945	y <sub>7</sub>	1166.5436	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1534.6533	y <sub>16</sub>	2520.1879	b <sub>26</sub>
410.251	b <sub>4</sub>	824.8817 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1193.4834	y <sub>11</sub>	1538.8074	b <sub>15</sub>	2605.2641	y <sub>27</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
436.2485 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	825.3438 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1198.6691	b <sub>11</sub>	1551.7034	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2606.1883	y <sub>26</sub>
440.7116 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	840.9445 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1203.0841 <sup>+2</sup>	b <sub>25</sub> <sup>+2</sup>	1609.8445	b <sub>16</sub>	2607.2199	b <sub>27</sub>
469.2223 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	860.4003 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1205.0751 <sup>+2</sup>	y <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1648.7562	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2656.3114	b <sub>28</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
485.7827 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	871.4897	b <sub>8</sub>	1205.5372 <sup>+2</sup>	y <sub>24</sub> <sup>+2</sup>	1649.6803	y <sub>17</sub>	2662.2856	y <sub>28</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
489.7000 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	873.8702 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1211.6091 <sup>+2</sup>	b <sub>26</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1680.8816	b <sub>17</sub>	2703.241	y <sub>27</sub>
496.2514	y <sub>4</sub>	876.4630 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1237.5808	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1719.7933	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2743.3434	b <sub>29</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
509.3194	b <sub>5</sub>	880.4159	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1254.0636 <sup>+2</sup>	y <sub>25</sub> <sup>+2</sup>	1746.733	y <sub>18</sub>	2754.2883	b <sub>28</sub>
512.7383 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	909.3887 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1254.6093 <sup>+2</sup>	y <sub>26</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1751.9187	b <sub>18</sub>	2760.2625	y <sub>28</sub>
518.2108 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	911.9816 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1255.1251 <sup>+2</sup>	b <sub>27</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1817.7702	y <sub>19</sub>	2818.3867	y <sub>29</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
535.3169 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	924.9216 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1260.5976 <sup>+2</sup>	b <sub>26</sub> <sup>+2</sup>	1822.9559	b <sub>19</sub>	2841.3203	b <sub>29</sub>
548.2569 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	937.4374	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1264.5205	y <sub>12</sub>	1848.8359	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2916.3636	y <sub>29</sub>
561.7268 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	947.5001 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1269.7062	b <sub>12</sub>	1893.993	b <sub>20</sub>	2917.4551	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
583.7755 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	970.5581	b <sub>9</sub>	1303.1357 <sup>+2</sup>	y <sub>27</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1946.8128	y <sub>20</sub>	3015.432	MH
597.2453 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	973.9100 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1303.5978 <sup>+2</sup>	y <sub>26</sub> <sup>+2</sup>	1947.9043	y <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
599.8382 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	974.4558 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1304.1136 <sup>+2</sup>	b <sub>27</sub> <sup>+2</sup>	1981.025	b <sub>21</sub>		
606.3722	b <sub>6</sub>	978.3928	y <sub>8</sub>	1308.6179	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2038.0465	b <sub>22</sub>		
611.2784	y <sub>5</sub>	991.0161 <sup>+2</sup>	b <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1328.6593 <sup>+2</sup>	b <sub>28</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2045.8812	y <sub>21</sub>		

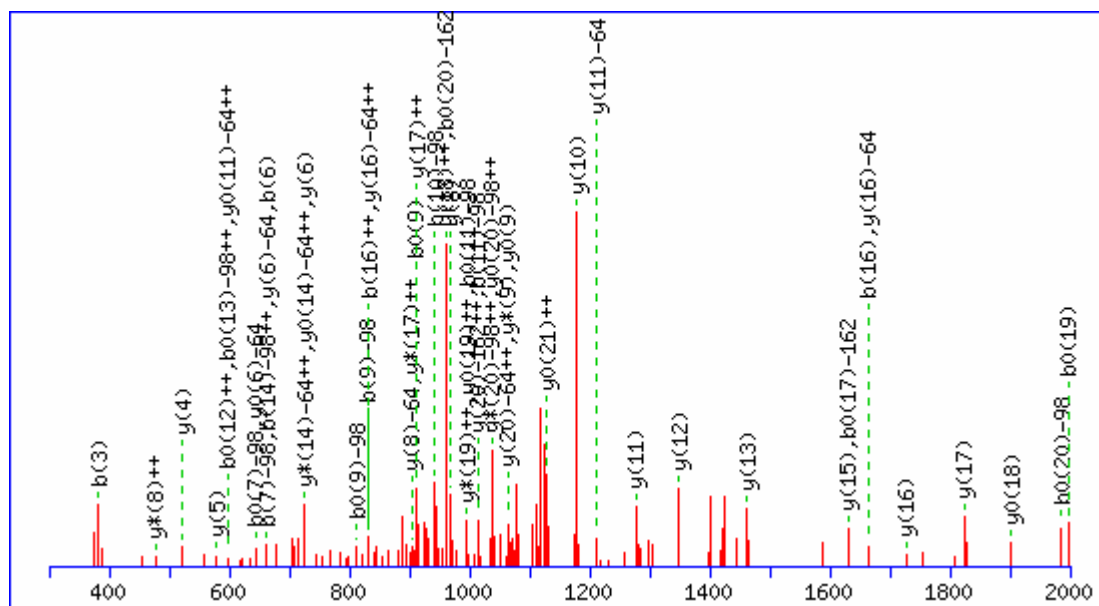
MS/MS Fragmentation of AQTPPISSLPtSPSDEVGR  
 Found in IPI00022479, guanine nucleotide exchange factor p532



88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	513.7462 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	782.4043	b <sub>8</sub>	1124.462	y <sub>10</sub>	1524.6941	y <sub>14</sub>
116.5738 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	514.2082 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	810.9150 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1139.5691	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1559.6989	b <sub>15</sub>
166.1081 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	562.7346 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	811.3771 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1162.6103	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1590.7646	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	570.2882 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	846.3952	y <sub>8</sub>	1173.5551	b <sub>11</sub>	1620.8228	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
200.103	b <sub>2</sub>	575.2784	y <sub>5</sub>	859.9035 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1226.6012	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1621.7469	y <sub>15</sub>
230.6293 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	608.3402	b <sub>6</sub>	861.4389 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1237.546	y <sub>11</sub>	1688.7415	b <sub>16</sub>
232.1404	y <sub>2</sub>	613.8042 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	895.4884	b <sub>9</sub>	1259.663	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1689.833	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
288.1428 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	619.2766 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	910.4273 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1260.5872	b <sub>12</sub>	1718.7997	y <sub>16</sub>
301.1506	b <sub>3</sub>	657.3202 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	925.4682 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1313.6332	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1721.8705	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
331.2088	y <sub>3</sub>	662.3104	y <sub>6</sub>	929.4323	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1324.5781	y <sub>12</sub>	1746.8545	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
331.6588 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	662.7927 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	960.9867 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1346.6951	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1787.8099	b <sub>17</sub>
380.1852 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	695.3723	b <sub>7</sub>	974.4566 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1357.6399	b <sub>13</sub>	1819.8474	y <sub>17</sub>
398.2034	b <sub>4</sub>	706.3087 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	992.5411	b <sub>10</sub>	1411.6101	y <sub>13</sub>	1844.8314	b <sub>18</sub>
423.7012 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	713.8623 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1009.9752 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1426.7172	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1849.929	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
460.2514	y <sub>4</sub>	759.3632	y <sub>7</sub>	1026.4851	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1444.672	b <sub>14</sub>	1920.9661	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
465.2198 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	762.3886 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1027.4092	y <sub>9</sub>	1461.722	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1947.9059	y <sub>18</sub>
495.2562	b <sub>5</sub>	762.8507 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1075.5782	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1523.77	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2018.943	MH

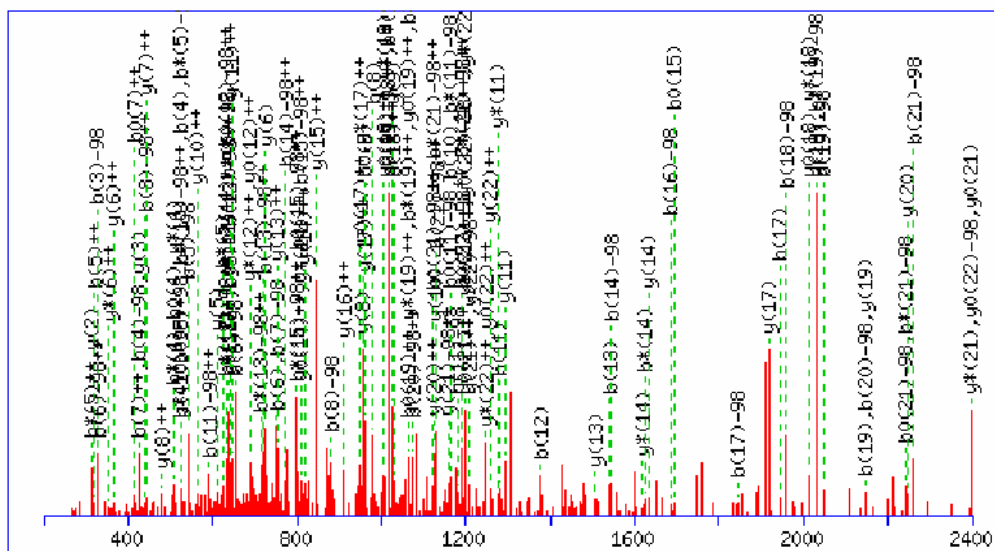


MS/MS Fragmentation of LStSPPPAIAVPLLEmGFSLR  
 Found in IPI00022479, guanine nucleotide exchange factor p532



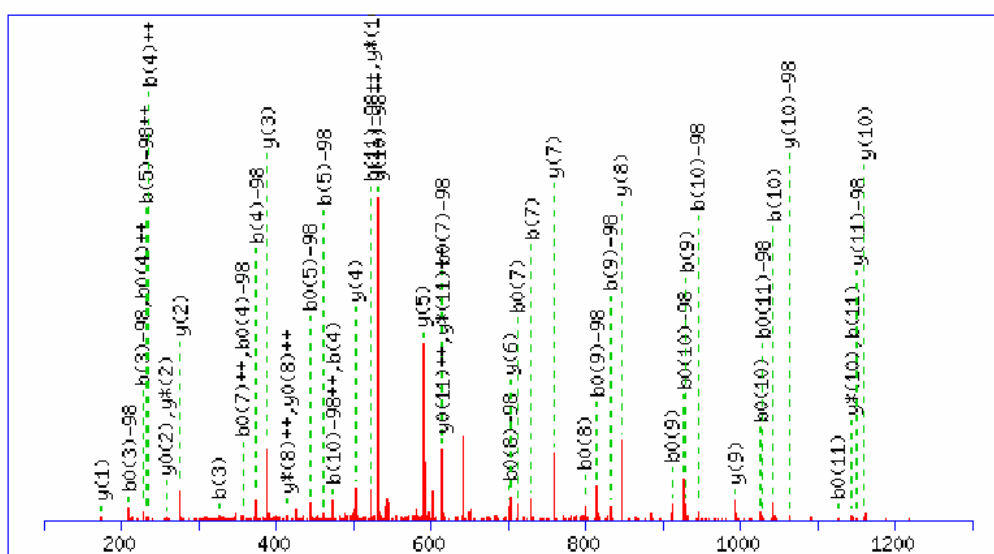
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	541.2892 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	863.9817 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1195.1155 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1810.9061	b <sub>17</sub>
144.6051 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	565.298	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	912.5080 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1210.683	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1824.0088	y <sub>17</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	566.2222	b <sub>5</sub>	928.4176	b <sub>9</sub>	1211.6072	b <sub>12</sub>	1867.9275	b <sub>18</sub>
188.1212 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	579.3249	y <sub>5</sub>	943.5247	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1277.6922	y <sub>11</sub>	1917.019	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
201.1234	b <sub>2</sub>	589.8155 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	961.0344 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1308.6599	b <sub>13</sub>	1921.0616	y <sub>18</sub>
261.6554 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	639.3497 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	968.487	y <sub>8</sub>	1323.7671	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2004.0511	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
284.1605	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	662.3508	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1004.5504 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1348.7293	y <sub>12</sub>	2008.0936	y <sub>19</sub>
288.203	y <sub>2</sub>	663.2749	b <sub>6</sub>	1014.5619	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1421.744	b <sub>14</sub>	2014.9959	b <sub>19</sub>
290.1661 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	674.8683 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1041.5016	b <sub>10</sub>	1436.8512	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2091.1307	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
363.6838 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	726.3603	y <sub>6</sub>	1046.0690 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1461.8134	y <sub>13</sub>	2102.028	b <sub>20</sub>
371.1925	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	731.4103 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1081.571	y <sub>9</sub>	1532.8505	y <sub>14</sub>	2117.1351	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
375.235	y <sub>3</sub>	759.4036	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1089.5850 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1534.8281	b <sub>15</sub>	2178.1627	y <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
382.1374	b <sub>3</sub>	760.3277	b <sub>7</sub>	1095.0574 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1565.8938	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2189.1076	y <sub>20</sub>
428.2051 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	766.9289 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1112.5388	b <sub>11</sub>	1629.9033	y <sub>15</sub>	2215.112	b <sub>21</sub>
468.2453	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	815.4553 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1113.6303	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1663.8707	b <sub>16</sub>	2276.1396	y <sub>21</sub>
469.1694	b <sub>4</sub>	830.4407	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1138.5735 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1712.9292	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2291.2468	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
484.7471 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	855.4029	y <sub>7</sub>	1146.1270 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1726.956	y <sub>16</sub>	2389.2237	MH
522.3035	y <sub>4</sub>	857.3805	b <sub>8</sub>	1178.6238	y <sub>10</sub>	1769.9506	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

MS/MS Fragmentation of RVsTDLPEGQDVYTAACNSVIHR  
 Found in IPI00022479, guanine nucleotide exchange factor p532



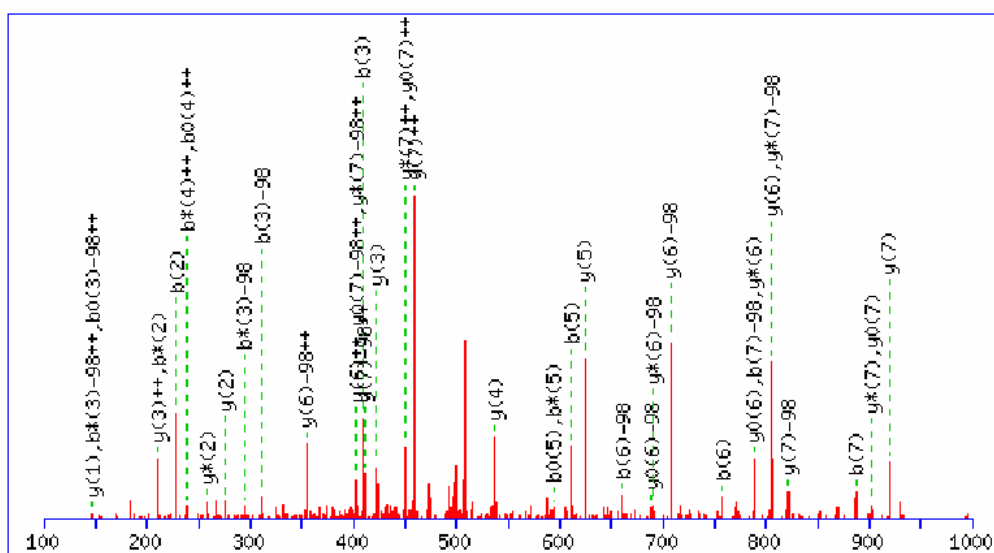
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	469.2405 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	807.8916 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1093.9748 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1685.8129	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
128.5920 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	485.7480 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	817.3912 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1095.0182 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1712.7527	b <sub>15</sub>
156.5926 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	489.7182 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	821.3614 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1101.5284 <sup>+2</sup>	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1762.8177	y <sub>16</sub>
163.1028 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	518.2290 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	828.4145	y <sub>7</sub>	1129.5289 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1783.7898	b <sub>16</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	524.2228	b <sub>4</sub>	843.4101 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1150.5169 <sup>+2</sup>	b <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1788.8221	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
212.0912 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	524.3303	y <sub>4</sub>	849.3866	b <sub>7</sub>	1163.5092	b <sub>10</sub>	1859.8705	y <sub>17</sub>
213.1346 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	533.2698 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	856.8800 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1170.0579 <sup>+2</sup>	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1886.799	b <sub>17</sub>
213.6266 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	536.2718 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	880.4523	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1178.5174 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1902.8651	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
256.1768	b <sub>2</sub>	541.2729	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	881.9125 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1179.0632 <sup>+2</sup>	y <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1972.9545	y <sub>18</sub>
262.6151 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	582.2583 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	892.3986 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1180.5593	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1989.8971	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
262.6688 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	590.7833 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	894.9147 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1219.0463 <sup>+2</sup>	b <sub>22</sub> <sup>+2</sup>	2000.8419	b <sub>18</sub>
271.1401 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	611.3624	y <sub>5</sub>	899.4516	y <sub>8</sub>	1228.0516 <sup>+2</sup>	y <sub>22</sub> <sup>+2</sup>	2087.874	b <sub>19</sub>
306.1848 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	617.8035 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	930.4389 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1234.5997	y <sub>11</sub>	2087.9815	y <sub>19</sub>
312.1779	y <sub>2</sub>	639.2498	b <sub>5</sub>	937.4738	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1257.1137 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2088.9655	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
320.1285 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	639.7717 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	943.9031 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1278.5362	b <sub>11</sub>	2186.9424	b <sub>20</sub>
325.1983	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	640.3175 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	951.9362 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1279.6277	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2189.0292	y <sub>20</sub>
327.6821 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	654.357	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	970.4887	y <sub>9</sub>	1306.1022 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	2202.0496	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
363.2063 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	667.3377 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	978.4292	b <sub>8</sub>	1333.6681	y <sub>12</sub>	2258.0506	y <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
376.2085 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	689.3059 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	986.9809 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1377.6046	b <sub>12</sub>	2300.0265	b <sub>21</sub>
376.6706 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	721.8492 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	995.4522 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1442.691	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2339.1085	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
414.7109 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	724.8512 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1000.9246 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1448.6951	y <sub>13</sub>	2356.0275	y <sub>21</sub>
423.1752	b <sub>3</sub>	725.4053	y <sub>6</sub>	1035.4507	b <sub>9</sub>	1540.6679	b <sub>13</sub>	2357.119	y <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
425.1969 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	751.4097	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1044.4406 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1543.7387	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2437.0854	b <sub>22</sub>
425.2619	y <sub>3</sub>	752.3338	b <sub>6</sub>	1044.4944 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1576.7537	y <sub>14</sub>	2455.0959	y <sub>22</sub>
426.2459	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	770.8376 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1044.9864 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1614.7758	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2513.2201	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
440.7298 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	772.3730 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1065.5323	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1633.7751	y <sub>15</sub>	2611.197	MH
450.2294 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	788.8805 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1071.5364	y <sub>10</sub>	1641.7156	b <sub>14</sub>		

MS/MS Fragmentation of ASsFSGISILTR  
 Found in IPI00007227, R3H domain containing 2



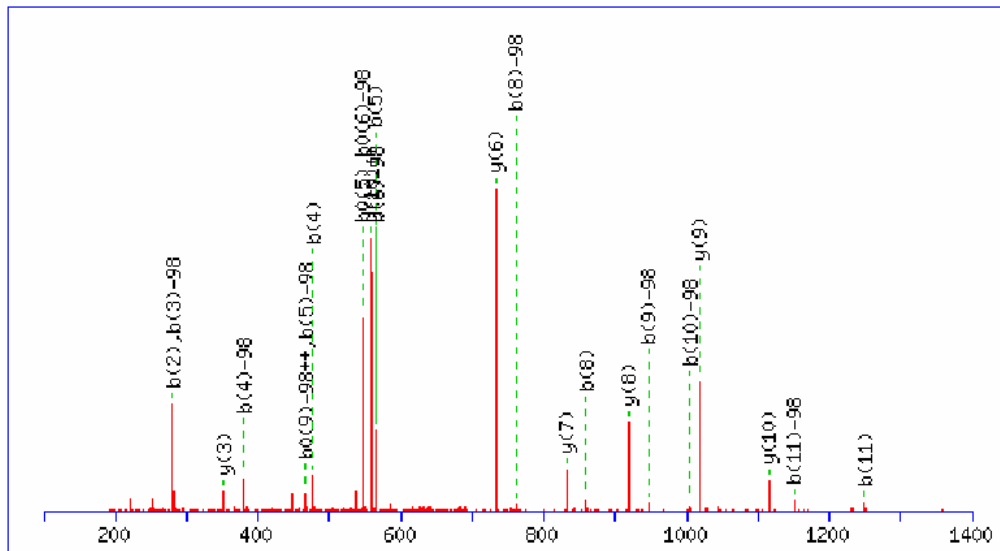
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	351.7291 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	531.8007 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	702.4509	y <sub>6</sub>	1043.4809	b <sub>10</sub>
138.5870 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	375.1663	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	560.1752	b <sub>5</sub>	719.3359	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1046.5517	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
159.0764	b <sub>2</sub>	380.2398 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	575.3168 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	730.2807	b <sub>7</sub>	1062.5942	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	389.2507	y <sub>3</sub>	580.7892 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	759.4723	y <sub>7</sub>	1144.5286	b <sub>11</sub>
195.1290 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	423.7558 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	589.3668	y <sub>5</sub>	817.3128	b <sub>8</sub>	1149.6262	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
228.0979	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	462.1983	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	610.8353 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	832.4199	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1160.5711	y <sub>10</sub>
251.6710 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	473.1432	b <sub>4</sub>	617.1967	b <sub>6</sub>	846.5043	y <sub>8</sub>	1220.6634	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
276.1666	y <sub>2</sub>	497.2900 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	624.3052 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	930.3968	b <sub>9</sub>	1247.6031	y <sub>11</sub>
295.1870 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	502.3348	y <sub>4</sub>	632.3039	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	945.504	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1318.6403	MH
326.0748	b <sub>3</sub>	519.2198	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	659.8238 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	993.5728	y <sub>9</sub>		

MS/MS Fragmentation of LNtSDFQK  
 Found in IPI00306195, CDNA FLJ30949 fis, clone HCASM1000021,  
 weakly similar to Plasmodium berghei strain NYU2 merozoite surface protein-1 mRNA



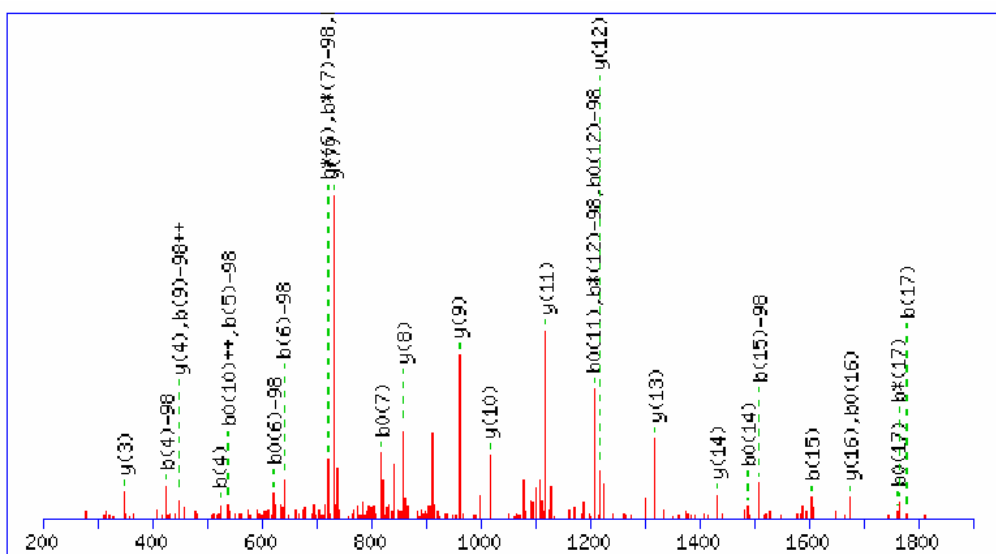
74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	311.1714	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	422.2398	y <sub>3</sub>	611.2072	b <sub>5</sub>	821.3788	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
138.0893 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	312.6530 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	460.1815 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	624.2988	y <sub>5</sub>	886.3342	b <sub>7</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	354.1716 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	467.7351 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	660.2988	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	919.3557	y <sub>7</sub>
211.6235 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	398.2034	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	496.1803	b <sub>4</sub>	707.3359	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	934.4629	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
228.1343	b <sub>2</sub>	403.1600 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	513.2304	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	758.2757	b <sub>6</sub>	1032.4398	MH
269.1370 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	409.1483	b <sub>3</sub>	516.7235 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	788.3573	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
275.1714	y <sub>2</sub>	411.1930 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	537.2667	y <sub>4</sub>	805.3128	y <sub>6</sub>		

MS/MS Fragmentation of sLPVSVPVWGFK  
 Found in IPI00306195, CDNA FLJ30949 fis, clone HCASM1000021,  
 weakly similar to Plasmodium berghei strain NYU2 merozoite surface protein-1 mRNA



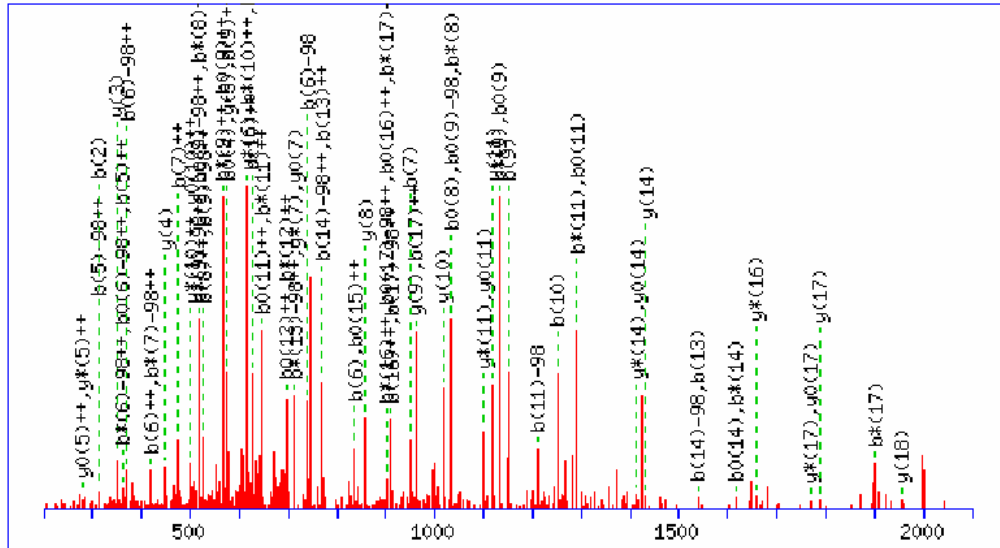
74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	351.2027	y <sub>3</sub>	558.3160 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	760.3641	b <sub>7</sub>	1115.6248	y <sub>10</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	367.2052 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	564.2429	b <sub>5</sub>	761.4556	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1151.6248	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
147.5942 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	378.1425	b <sub>3</sub>	565.3344	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	832.4716	y <sub>7</sub>	1228.7089	y <sub>11</sub>
176.1050 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	379.234	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	614.8581 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	859.4325	b <sub>8</sub>	1249.6017	b <sub>11</sub>
183.1128	b <sub>2</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	416.7394 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	636.3504	y <sub>5</sub>	919.5036	y <sub>8</sub>	1297.7303	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
269.1446 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	460.2554 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	649.3688 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	947.5349	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1395.7072	MH
280.1656	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	466.266	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	662.3872	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1004.5564	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
281.0897	b <sub>2</sub>	477.2109	b <sub>4</sub>	663.3113	b <sub>6</sub>	1018.572	y <sub>9</sub>		
294.1812	y <sub>2</sub>	509.7897 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	698.3572 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1045.5118	b <sub>9</sub>		
318.6788 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	537.282	y <sub>4</sub>	733.4032	y <sub>6</sub>	1102.5333	b <sub>10</sub>		

MS/MS Fragmentation of sIQDLTVTGTEPGQVSSR  
 Found in IPI00218566, Isoform 1A of Mitogen-activated protein kinase kinase 7



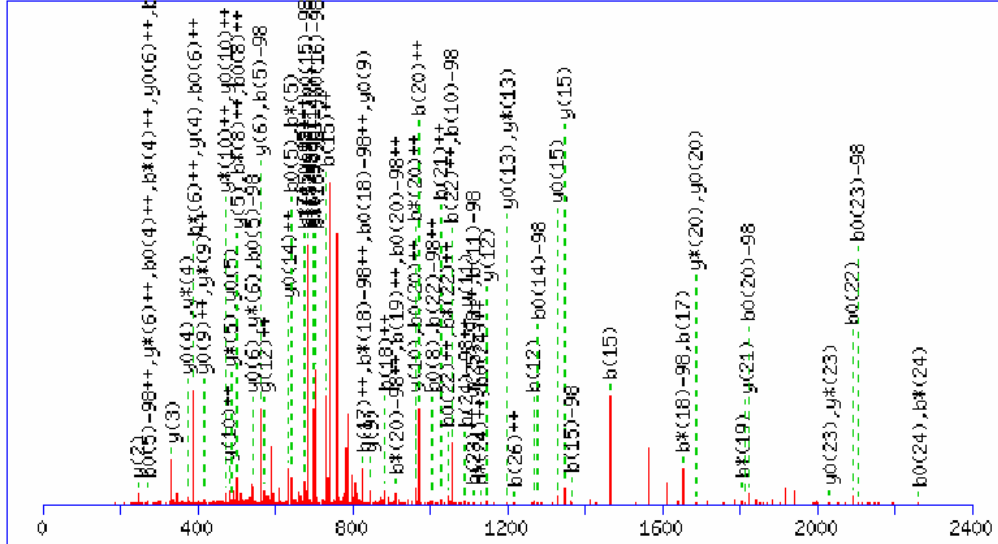
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	426.1983	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	716.3755 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	977.9595 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1409.6907	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
131.5791 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	430.2170 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	730.3842	y <sub>7</sub>	995.4445	b <sub>9</sub>	1431.7438	y <sub>14</sub>
175.0951 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	448.2514	y <sub>4</sub>	738.307	b <sub>6</sub>	998.5153	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1507.6676	b <sub>14</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	480.7409 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	739.3985	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1017.496	y <sub>10</sub>	1508.7591	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
183.1128	b <sub>2</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	509.2516 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	773.8890 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1096.4922	b <sub>10</sub>	1546.7707	y <sub>15</sub>
224.6293 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	524.1752	b <sub>4</sub>	837.3754	b <sub>7</sub>	1118.5436	y <sub>11</sub>	1595.7911	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
262.151	y <sub>2</sub>	539.2824	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	837.9183 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1127.5579	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1606.736	b <sub>15</sub>
281.0897	b <sub>2</sub>	559.7755 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	840.4462	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1217.6121	y <sub>12</sub>	1674.8293	y <sub>16</sub>
288.6586 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	576.31	y <sub>5</sub>	859.4268	y <sub>8</sub>	1224.6107	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1682.8232	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
311.1714	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	609.3097 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	894.4603 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1225.5348	b <sub>11</sub>	1693.768	b <sub>16</sub>
317.1694 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	633.3315	y <sub>6</sub>	897.4676	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1281.6321	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1780.8001	b <sub>17</sub>
349.183	y <sub>3</sub>	637.2593	b <sub>5</sub>	928.9711 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1318.6597	y <sub>13</sub>	1787.9134	y <sub>17</sub>
365.6958 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	640.3301	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	938.4231	b <sub>8</sub>	1322.5876	b <sub>12</sub>	1856.9348	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
409.1483	b <sub>3</sub>	659.8335 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	960.4745	y <sub>9</sub>	1379.609	b <sub>13</sub>	1954.9117	MH

MS/MS Fragmentation of RR*s*IQDLTVTGTEPGQVSSR  
 Found in IPI00218566, Isoform 1A of Mitogen-activated protein kinase kinase kinase 7



88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	475.2344 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	721.3505	b <sub>5</sub>	998.0163 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1546.7707	y <sub>15</sub>
131.5791 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	476.7698 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	730.3842	y <sub>7</sub>	1003.4888 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1593.8343	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
157.1084 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	480.2079	b <sub>3</sub>	738.4005	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1007.0216 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1634.7898	b <sub>14</sub>
175.0951 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	480.7409 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	768.9101 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1017.496	y <sub>10</sub>	1674.8293	y <sub>16</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	495.315	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	769.3721 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1047.0048 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1691.8112	b <sub>15</sub>
191.6191 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	509.2516 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	773.8890 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1050.5092	b <sub>8</sub>	1721.8929	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
224.6293 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	525.7582 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	797.4208 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1051.6007	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1787.9134	y <sub>17</sub>
240.6076 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	526.3040 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	817.8985 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1056.0101 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1819.8698	b <sub>16</sub>
248.1612 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	559.7755 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	836.3774	b <sub>6</sub>	1085.0722 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1820.9613	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
262.151	y <sub>2</sub>	575.2924 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	837.9183 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1118.5436	y <sub>11</sub>	1856.9348	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
288.6586 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	576.31	y <sub>5</sub>	846.4093 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1134.0606 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1907.9934	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
297.1496 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	576.8278 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	851.4846	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1149.5776	b <sub>9</sub>	1918.9382	b <sub>17</sub>
312.1904 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	593.2919	b <sub>4</sub>	859.4268	y <sub>8</sub>	1152.6484	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1954.9117	y <sub>18</sub>
313.2095	b <sub>2</sub>	605.3386 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	861.4501 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1209.6698	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1995.0254	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
317.1694 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	609.3097 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	894.4603 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1217.6121	y <sub>12</sub>	2005.9703	b <sub>18</sub>
349.183	y <sub>3</sub>	623.3736	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	910.4385 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1250.6253	b <sub>10</sub>	2013.036	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
361.1789 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	625.8163 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	910.9843 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1307.6467	b <sub>11</sub>	2093.0023	b <sub>19</sub>
365.6958 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	633.3315	y <sub>6</sub>	928.9711 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1310.7175	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2111.0129	y <sub>19</sub>
369.7039 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	654.3270 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	949.4615	b <sub>7</sub>	1318.6597	y <sub>13</sub>	2169.1371	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
382.231	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	655.8624 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	952.5323	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1408.6944	b <sub>12</sub>	2267.114	MH
418.6924 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	659.8335 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	954.5003 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1431.7438	y <sub>14</sub>		
426.2459 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	704.8508 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	959.9728 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1439.7601	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
430.2170 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	716.3755 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	960.4745	y <sub>9</sub>	1536.8129	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
448.2514	y <sub>4</sub>	720.3837 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	977.9595 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1537.737	b <sub>13</sub>		

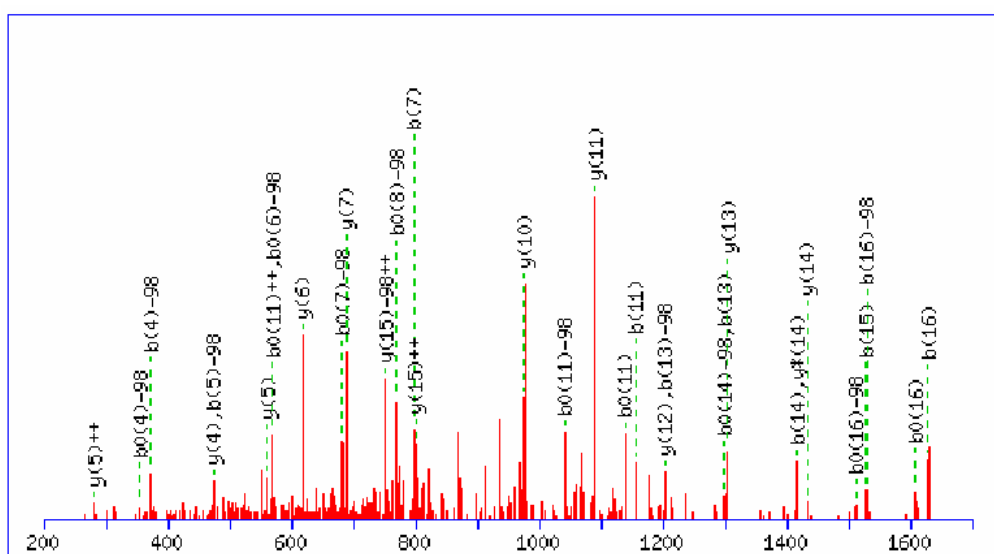
MS/MS Fragmentation of HR(ST)PHLDGAGGGAAGEDGDLGLGSAR  
 Found in IPI00022107, PREDICTED: similar to leucine rich repeat  
 and fibronectin type III domain containing 1



88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	541.2324 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	811.4322	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1134.5230 <sup>+2</sup>	b <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1668.7473	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
123.5817 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	545.2622 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	826.3523 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1139.9955 <sup>+2</sup>	b <sub>24</sub> <sup>+2</sup>	1702.7627	y <sub>20</sub>
147.5873 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	556.2732 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	834.8773 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1146.5386	y <sub>12</sub>	1725.7688	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
167.0977 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	560.3151	y <sub>6</sub>	845.4476	y <sub>9</sub>	1152.4946	b <sub>10</sub>	1766.7242	b <sub>18</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	561.2892	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	851.8850 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1159.5059 <sup>+2</sup>	y <sub>25</sub> <sup>+2</sup>	1815.8468	y <sub>21</sub>
191.1033 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	562.2133	b <sub>4</sub>	863.3880 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1168.5606	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1823.7457	b <sub>19</sub>
195.6084 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	573.7729 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	883.8657 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1170.0416 <sup>+2</sup>	b <sub>26</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1840.7957	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
232.6219 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	576.7509 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	908.4270 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1183.5115 <sup>+2</sup>	b <sub>25</sub> <sup>+2</sup>	1938.7726	b <sub>20</sub>
246.1561	y <sub>2</sub>	584.7840 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	909.4091	b <sub>7</sub>	1188.5680 <sup>+2</sup>	y <sub>26</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1952.9057	y <sub>22</sub>
252.1504 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	605.2617 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	912.3765 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1209.5161	b <sub>11</sub>	1953.8798	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
280.6612 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	609.2915 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	920.9015 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1217.5757	y <sub>13</sub>	2010.9013	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
281.1482 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	613.2947 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	926.4591	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1219.0300 <sup>+2</sup>	b <sub>26</sub> <sup>+2</sup>	2049.9584	y <sub>23</sub>
281.6103 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	633.7724 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	960.4745	y <sub>10</sub>	1225.5821	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2051.8567	b <sub>21</sub>
294.1673	b <sub>2</sub>	644.8100 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	969.8899 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1237.5564 <sup>+2</sup>	y <sub>26</sub> <sup>+2</sup>	2108.8781	b <sub>22</sub>
330.1367 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	648.8132 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	976.9565 <sup>+2</sup>	y <sub>22</sub> <sup>+2</sup>	1257.0974 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2123.9853	b <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
333.1881	y <sub>3</sub>	659.2661	b <sub>5</sub>	977.4435 <sup>+2</sup>	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1266.5375	b <sub>12</sub>	2132.9955	y <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
337.2032 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	662.2831 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	983.4806	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1288.6128	y <sub>14</sub>	2181.0068	b <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
349.6777 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	673.3208 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1005.9543 <sup>+2</sup>	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1296.6192	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2220.0276	y <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
381.1993	b <sub>3</sub>	673.3991	y <sub>7</sub>	1024.436	b <sub>8</sub>	1306.0859 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	2221.9622	b <sub>23</sub>
390.2096	y <sub>4</sub>	684.3318 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1025.4829 <sup>+2</sup>	y <sub>23</sub> <sup>+2</sup>	1323.559	b <sub>13</sub>	2230.9724	y <sub>24</sub>
394.7167 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	697.8017 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1026.4320 <sup>+2</sup>	b <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1345.6342	y <sub>15</sub>	2268.0388	b <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
398.6661 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	698.3481	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1054.5177	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1367.6563	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2278.9837	b <sub>24</sub>
406.2197 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	701.8315 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1054.9427 <sup>+2</sup>	b <sub>22</sub> <sup>+2</sup>	1394.5961	b <sub>14</sub>	2318.0045	y <sub>25</sub>
423.2274 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	712.8425 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1062.4963 <sup>+2</sup>	b <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1402.6557	y <sub>16</sub>	2339.0759	b <sub>26</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
455.2082 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	730.3422 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1067.0014 <sup>+2</sup>	y <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1424.6778	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2366.0157	b <sub>25</sub>
463.7332 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	733.3202 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1081.4575	b <sub>9</sub>	1459.6772	y <sub>17</sub>	2376.1287	y <sub>26</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
464.2364	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	761.8310 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1089.5171	y <sub>11</sub>	1465.6332	b <sub>15</sub>	2437.0528	b <sub>26</sub>
480.7409 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	765.8608 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1091.0070 <sup>+2</sup>	b <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1522.6547	b <sub>16</sub>	2474.1056	y <sub>26</sub>
492.2439 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	777.3638 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1110.5174 <sup>+2</sup>	y <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1530.7143	y <sub>18</sub>	2513.1876	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
503.2936	y <sub>5</sub>	788.4261	y <sub>8</sub>	1111.4847 <sup>+2</sup>	b <sub>23</sub> <sup>+2</sup>	1553.7204	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2611.1645	MH
512.7216 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	794.3715 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1111.5392	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1587.7358	y <sub>19</sub>		
527.7625 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	796.325	b <sub>6</sub>	1115.9899 <sup>+2</sup>	y <sub>24</sub> <sup>+2</sup>	1651.6973	b <sub>17</sub>		

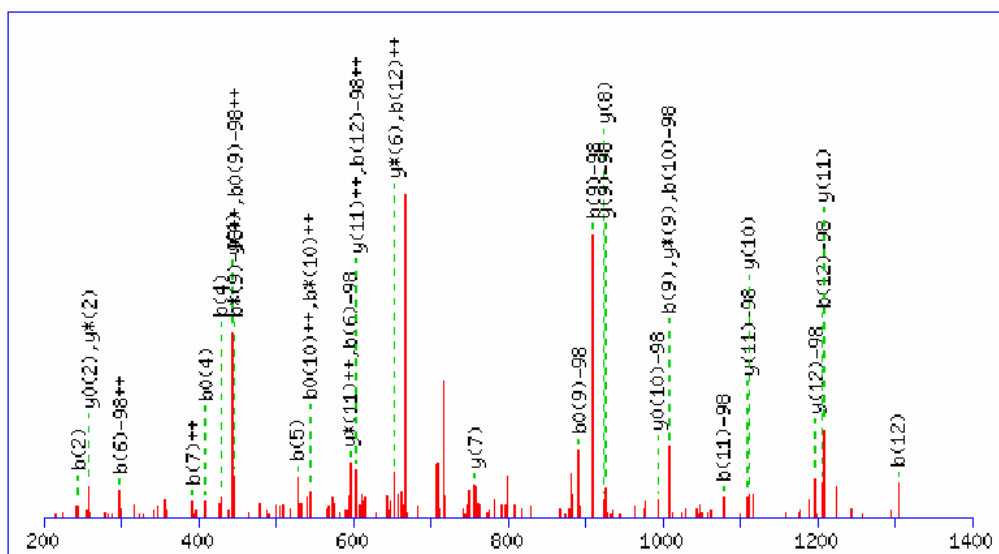


MS/MS Fragmentation of (SSS)ETILSSLAGSDIVK  
 Found in IPI00009862, Cerebellar degeneration-related protein 2



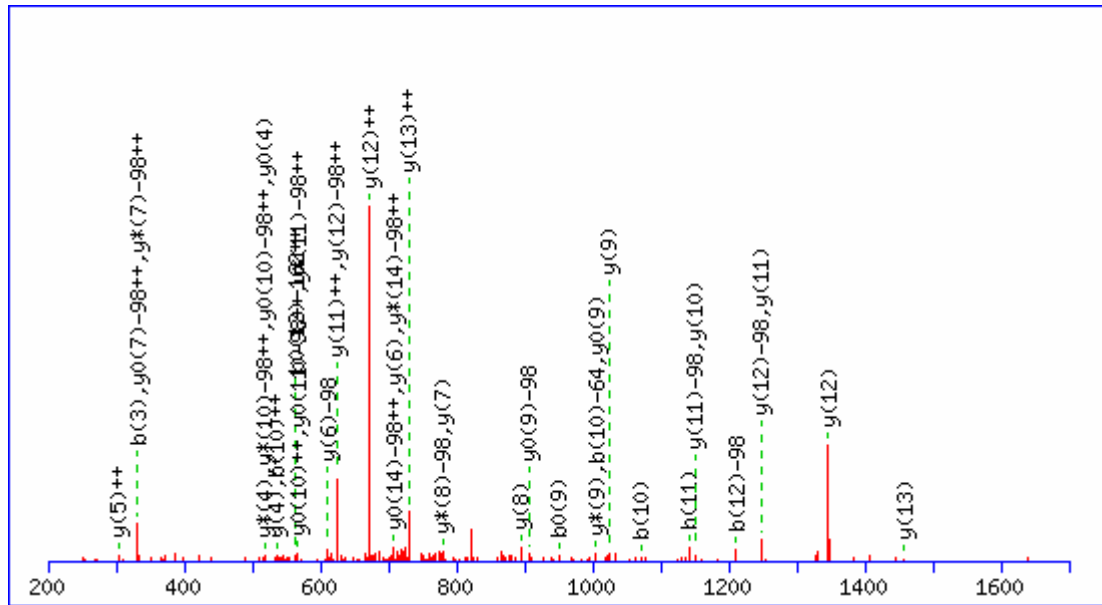
74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	401.7371 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	689.3828	y <sub>7</sub>	889.4989	y <sub>9</sub>	1317.6169	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
123.5942 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	445.2531 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	700.3512	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	972.3921	b <sub>9</sub>	1415.5938	b <sub>14</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	471.1123	b <sub>4</sub>	716.8983 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	976.531	y <sub>10</sub>	1430.7009	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.0713	b <sub>2</sub>	474.1831	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	751.4090 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	987.4993	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1432.7894	y <sub>14</sub>
180.1363 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	474.2922	y <sub>4</sub>	787.3832	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1058.5364	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1501.8108	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
237.6498 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	488.7691 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	794.9251 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1085.4762	b <sub>10</sub>	1528.6778	b <sub>15</sub>
244.0928	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	545.3111 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	798.3281	b <sub>7</sub>	1089.615	y <sub>11</sub>	1529.7693	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
246.1812	y <sub>2</sub>	561.3243	y <sub>5</sub>	800.3975 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1115.5579	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1588.8428	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
281.1658 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	572.16	b <sub>5</sub>	802.4669	y <sub>8</sub>	1156.5133	b <sub>11</sub>	1599.7877	y <sub>15</sub>
309.6765 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	587.2671	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	838.4411 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1202.5899	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1627.7462	b <sub>16</sub>
342.0697	b <sub>3</sub>	601.8532 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	843.9135 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1202.6991	y <sub>12</sub>	1675.8749	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
345.1951 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	618.3457	y <sub>6</sub>	874.4153	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1213.5348	b <sub>12</sub>	1686.8197	y <sub>16</sub>
359.2653	y <sub>3</sub>	652.3770 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	885.3601	b <sub>8</sub>	1300.5668	b <sub>13</sub>	1773.8518	MH
373.1354	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	685.244	b <sub>6</sub>	887.4295 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1303.7468	y <sub>13</sub>		

MS/MS Fragmentation of RSPSV(SS)PEPAEK  
 Found in IPI00782992, Isoform 1 of Serine/arginine repetitive matrix protein 2



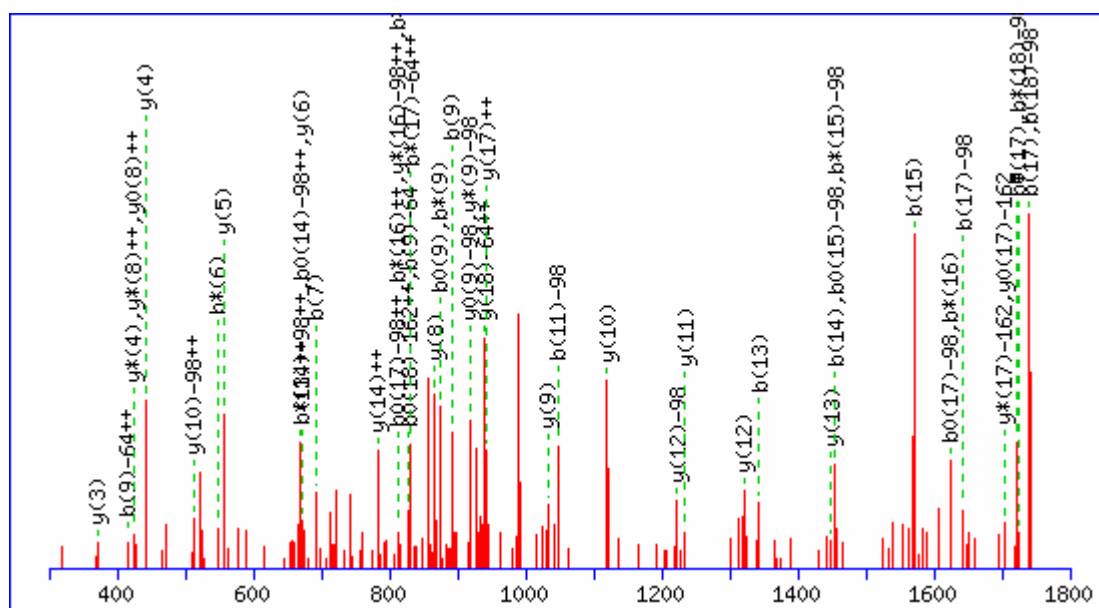
74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	342.1772 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	506.7509 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	670.3406	y <sub>6</sub>	1012.4946	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
122.5738 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	347.1925	y <sub>3</sub>	512.2234 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	676.8439 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1023.4394	y <sub>9</sub>
138.5813 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	347.6496 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	527.2936	b <sub>5</sub>	683.3471	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1077.5323	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	379.1900 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	539.2698 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	694.292	b <sub>6</sub>	1104.4721	b <sub>10</sub>
171.1002 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	390.7036 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	552.7397 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	725.8323 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1109.5473	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
174.0999 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	391.1656 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	555.2773 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	757.3727	y <sub>7</sub>	1110.4715	y <sub>10</sub>
214.6162 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	413.7007 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	555.7394 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	780.3999	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1175.5092	b <sub>11</sub>
222.6263 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	428.2252	b <sub>4</sub>	573.2879	y <sub>5</sub>	781.324	b <sub>7</sub>	1196.5794	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
244.1404	b <sub>2</sub>	439.6920 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	588.2583 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	826.3941	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1206.5749	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
264.1504 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	444.2453	y <sub>4</sub>	596.3151	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	878.3768	b <sub>8</sub>	1207.5242	y <sub>11</sub>
276.1554	y <sub>2</sub>	455.2249 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	598.7933 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	909.4425	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1294.5563	y <sub>12</sub>
287.1476 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	462.6891 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	603.7911 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	924.371	y <sub>8</sub>	1304.5518	b <sub>12</sub>
298.6612 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	463.2349 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	604.2658 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	925.4625	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1352.6805	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
335.6740 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	503.7513 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	647.7818 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1006.4952	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1450.6574	MH
341.1932	b <sub>3</sub>	504.2133 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	652.7796 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1007.4194	b <sub>9</sub>		

MS/MS Fragmentation of mALPPQEDATAsPPR  
 Found in IPI00782992, Isoform 1 of Serine/arginine repetitive matrix protein 2



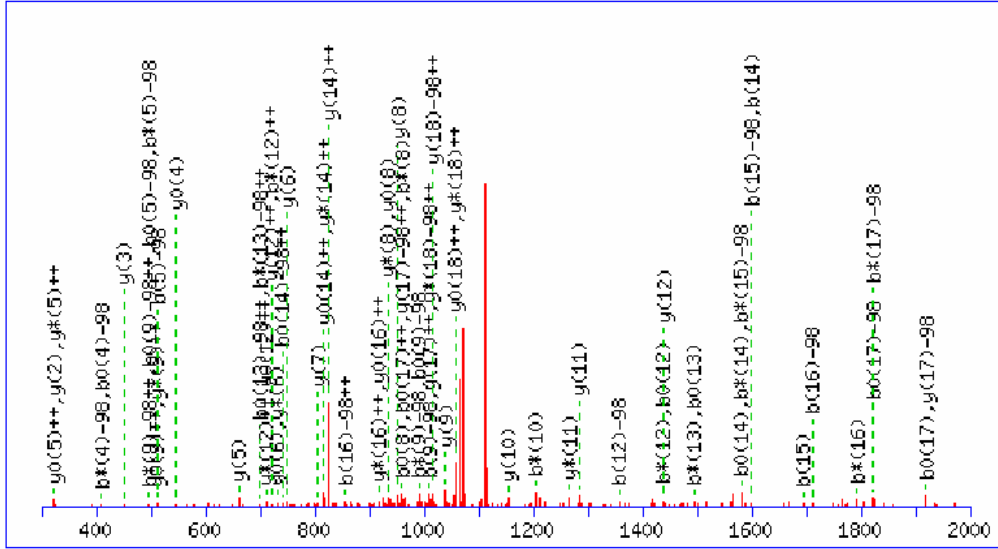
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	369.2245	y <sub>3</sub>	607.26	y <sub>5</sub>	789.8827 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1247.6015	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
136.5895 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	390.1760 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	610.3307	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	796.3948	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1248.5256	y <sub>11</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	398.7010 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	624.3044 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	838.8711 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1307.5936	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
185.1159 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	429.2166	b <sub>4</sub>	624.7664 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	894.3717	y <sub>8</sub>	1308.5178	b <sub>12</sub>
219.0798	b <sub>2</sub>	438.2459	y <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	654.328	b <sub>6</sub>	898.3975	b <sub>8</sub>	1345.5784	y <sub>12</sub>
219.6266 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	447.6895 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	673.2928 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	925.4374	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1360.6856	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
255.1452 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	463.2223 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	680.8464 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	969.4346	b <sub>9</sub>	1404.6464	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
268.6151 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	509.2831	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	681.3678	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1023.4143	y <sub>9</sub>	1405.5705	b <sub>13</sub>
272.1717	y <sub>2</sub>	512.2108 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	708.3076	y <sub>6</sub>	1053.496	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1431.7227	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
304.1336 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	526.2694	b <sub>5</sub>	716.3650 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1070.4823	b <sub>10</sub>	1458.6625	y <sub>13</sub>
305.6690 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	527.2516 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	729.8349 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1141.5194	b <sub>11</sub>	1502.6233	b <sub>14</sub>
332.1639	b <sub>3</sub>	536.2228	y <sub>4</sub>	765.3534 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1150.5487	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1529.6996	y <sub>14</sub>
341.1876 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	575.7780 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	779.3447	y <sub>7</sub>	1151.4729	y <sub>10</sub>	1578.7581	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
354.6575 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	576.2401 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	783.3706	b <sub>7</sub>	1210.5409	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1676.735	MH

MS/MS Fragmentation of AGmSSNQSiSsPVLDAVPR  
 Found in IPI00782992, Isoform 1 of Serine/arginine repetitive matrix protein 2



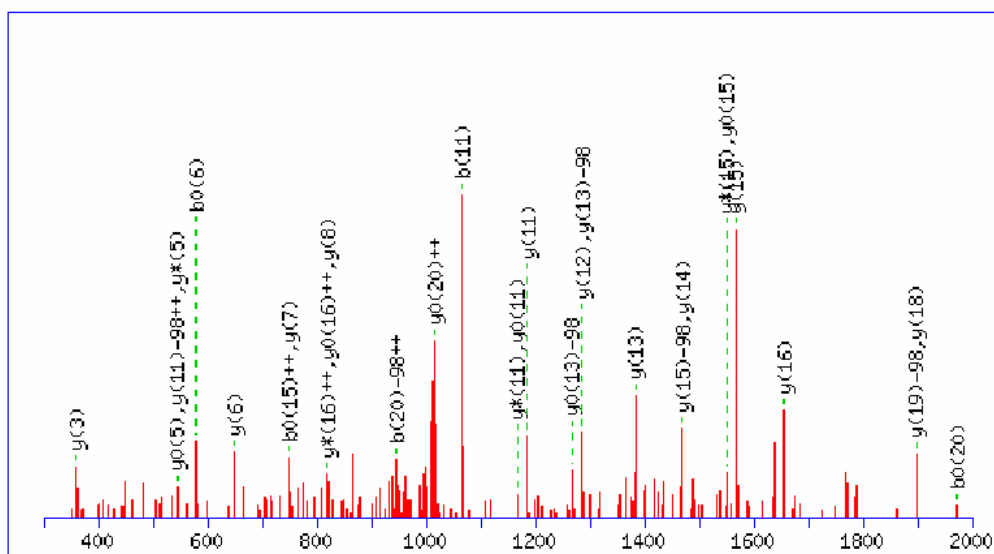
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	511.7851 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	781.8823 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1120.5398	y <sub>10</sub>	1551.8125	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
129.0659	b <sub>2</sub>	517.2575 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	819.9259 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1135.647	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1562.7574	y <sub>14</sub>
136.5895 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	557.3042	y <sub>5</sub>	825.3984 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1145.4892	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1570.6455	b <sub>15</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	560.7735 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	866.5094	y <sub>8</sub>	1146.4133	b <sub>11</sub>	1638.8446	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
186.1237 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	564.2082	b <sub>6</sub>	868.9144 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1222.679	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1641.6826	b <sub>16</sub>
221.6423 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	568.3271 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	892.3829	b <sub>9</sub>	1233.6239	y <sub>11</sub>	1642.7741	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
272.1717	y <sub>2</sub>	611.8431 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	893.4436 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1243.4661	b <sub>12</sub>	1649.7894	y <sub>15</sub>
276.1013	b <sub>3</sub>	617.3156 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	921.9544 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1244.5576	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1736.8215	y <sub>16</sub>
279.1557 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	660.8316 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	935.5309	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1320.6559	y <sub>12</sub>	1739.8269	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
335.6978 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	670.3883	y <sub>6</sub>	942.4321 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1342.5345	b <sub>13</sub>	1740.751	b <sub>17</sub>
363.1333	b <sub>4</sub>	675.8724 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	957.4729 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1350.7376	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1785.88	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
371.2401	y <sub>3</sub>	692.2668	b <sub>7</sub>	970.9428 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1357.6416	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1837.8038	b <sub>18</sub>
385.2320 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	724.8609 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	979.4149	b <sub>10</sub>	1448.7145	y <sub>13</sub>	1842.9014	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
433.7584 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	732.8939 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1006.4614 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1455.6185	b <sub>14</sub>	1883.8569	y <sub>17</sub>
442.2772	y <sub>4</sub>	769.4567	y <sub>7</sub>	1022.5629	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1464.7805	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1913.9386	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
450.1653	b <sub>5</sub>	776.4099 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1033.5078	y <sub>9</sub>	1472.6686	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1940.8783	y <sub>18</sub>
468.2691 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	779.2988	b <sub>8</sub>	1048.4364	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1543.7057	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2011.9154	MH

MS/MS Fragmentation of ELNSPLRENSFGSPLEFR  
 Found in IPI00782992, Isoform 1 of Serine/arginine repetitive matrix protein 2



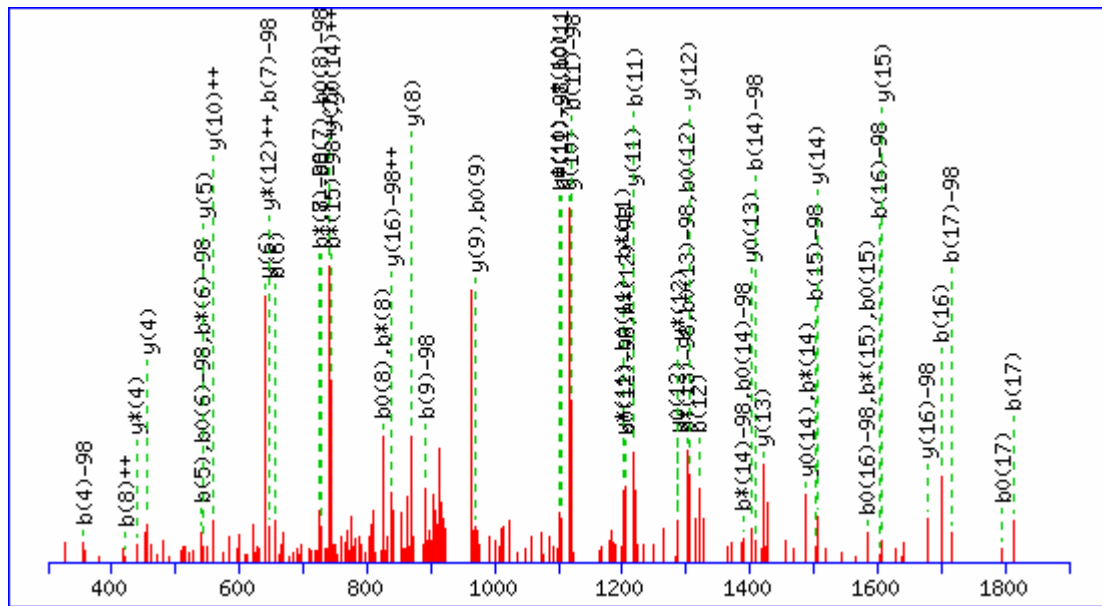
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	524.1752	b <sub>4</sub>	756.3299 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1008.9624 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1551.7914	y <sub>13</sub>
161.5973 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	553.7475 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	776.3993 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1016.5160 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1597.7605	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	561.7805 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	799.3839 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1039.5207	y <sub>9</sub>	1598.6846	b <sub>14</sub>
226.1186 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	564.314	y <sub>4</sub>	799.8460 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1042.9699 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1648.8442	y <sub>14</sub>
243.1339	b <sub>2</sub>	577.2855 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	805.4203	y <sub>7</sub>	1065.5044 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1695.7374	b <sub>15</sub>
282.6606 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	605.2966 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	821.3441	b <sub>7</sub>	1081.0373 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1710.8446	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
312.1554	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	610.2831	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	824.9257 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1106.4878	b <sub>9</sub>	1735.8762	y <sub>15</sub>
322.1874	y <sub>2</sub>	610.7690 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	848.3723 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1122.5538	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1808.8215	b <sub>16</sub>
331.1870 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	611.2072	b <sub>5</sub>	855.9259 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1130.0257 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1839.8872	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
374.7030 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	641.8068 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	868.4417 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1153.5636	y <sub>10</sub>	1849.9191	y <sub>16</sub>
403.2138 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	654.2850 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	879.4683	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1209.5858	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1918.9406	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
410.1323	b <sub>3</sub>	661.3668	y <sub>5</sub>	904.9144 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1220.5307	b <sub>10</sub>	1937.8641	b <sub>17</sub>
426.1983	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	678.8308 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	920.4472 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1282.6062	y <sub>11</sub>	1986.9556	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
440.2378 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	707.3415 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	925.4632 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1307.5627	b <sub>11</sub>	2016.9175	y <sub>17</sub>
451.23	y <sub>3</sub>	708.26	b <sub>6</sub>	952.4887	y <sub>8</sub>	1356.6543	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2032.0247	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
476.7480 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	719.8573 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	959.9739 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1413.6757	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2084.9325	b <sub>18</sub>
489.2262 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	723.3672	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	969.4357 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1438.7074	y <sub>12</sub>	2130.0016	y <sub>18</sub>
504.7591 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	727.8192 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	977.4452	b <sub>8</sub>	1454.6311	b <sub>12</sub>	2161.0673	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
513.2304	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	748.3988	y <sub>6</sub>	993.9814 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1500.7077	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2259.0442	MH
520.2640 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	750.8575 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1008.5109	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1511.6526	b <sub>13</sub>		

MS/MS Fragmentation of LGPELSPSTSPtATSTTPSR  
 Found in IPI00000893, Similar to butyrate response factor 2



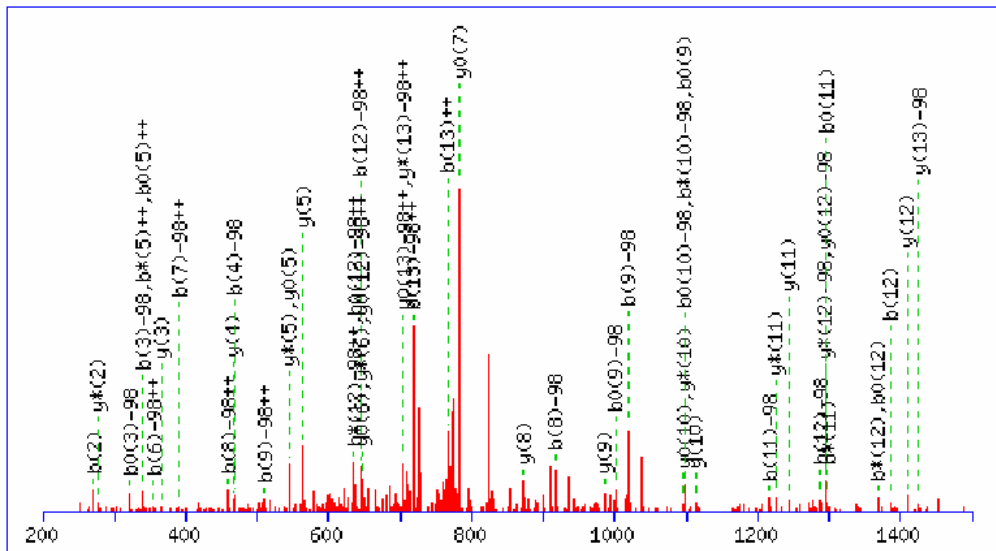
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	544.2726 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	827.8696 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1163.5943	b <sub>12</sub>	1606.7959	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
131.5791 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	549.7450 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	835.4232 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1185.5147	y <sub>11</sub>	1654.732	y <sub>16</sub>
171.1128	b <sub>2</sub>	561.2991	y <sub>5</sub>	878.4618	b <sub>9</sub>	1188.5855	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1669.8392	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	593.2610 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	884.4117 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1246.6314	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1704.7728	b <sub>17</sub>
180.1055 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	594.7964 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	899.9445 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1285.6383	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1707.8436	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
230.6293 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	597.3243	b <sub>6</sub>	903.453	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1286.5624	y <sub>12</sub>	1767.8161	y <sub>17</sub>
262.151	y <sub>2</sub>	643.3228 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	948.4709 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1317.6685	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1798.8817	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
268.1656	b <sub>3</sub>	643.7848 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	948.9330 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1344.6083	b <sub>13</sub>	1804.8963	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
281.1532 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	648.3311	y <sub>6</sub>	976.9816 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1372.6703	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1805.8205	b <sub>18</sub>
324.6692 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	686.8388 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	979.5095	b <sub>10</sub>	1383.6152	y <sub>13</sub>	1891.9284	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
359.2037	y <sub>3</sub>	692.3112 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	997.4593 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1415.6454	b <sub>14</sub>	1895.9345	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
375.1930 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	694.377	b <sub>7</sub>	1000.5058	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1418.7162	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1896.8586	y <sub>18</sub>
397.2082	b <sub>4</sub>	735.3652 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1001.4299	y <sub>9</sub>	1469.7231	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1902.8732	b <sub>19</sub>
410.7116 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	735.8272 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1025.9701 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1470.6472	y <sub>14</sub>	1952.956	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
452.2302 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	749.3788	y <sub>7</sub>	1033.5237 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1505.7482	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1989.9053	b <sub>20</sub>
460.2514	y <sub>4</sub>	778.8812 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1066.5415	b <sub>11</sub>	1516.6931	b <sub>15</sub>	1993.9114	y <sub>19</sub>
500.7565 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	781.409	b <sub>8</sub>	1082.5121 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1556.7551	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2050.9329	y <sub>20</sub>
501.2186 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	784.3536 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1087.5378	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1567.7	y <sub>15</sub>	2066.04	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
510.2922	b <sub>5</sub>	820.4159	y <sub>8</sub>	1098.4827	y <sub>10</sub>	1603.7251	b <sub>16</sub>	2164.0169	MH

MS/MS Fragmentation of ANsTSDSVFTETPSPVLK  
 Found in IPI00294391, Cdc42 effector protein 3



74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	443.1885	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	743.2244	b <sub>7</sub>	992.432	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1506.7686	y <sub>14</sub>
130.6021 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	454.1334	b <sub>4</sub>	744.3159	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1090.4089	b <sub>10</sub>	1601.6367	b <sub>15</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	456.318	y <sub>4</sub>	753.8879 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1118.6092	y <sub>10</sub>	1602.7282	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
180.1363 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	486.2740 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	804.4118 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1121.4746	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1607.8163	y <sub>15</sub>
186.0873	b <sub>2</sub>	541.1654	b <sub>5</sub>	838.9225 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1217.6776	y <sub>11</sub>	1676.8378	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
228.6627 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	543.3501	y <sub>5</sub>	842.2928	b <sub>8</sub>	1219.4515	b <sub>11</sub>	1700.7051	b <sub>16</sub>
255.1088	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	558.2154	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	870.4931	y <sub>8</sub>	1222.5222	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1715.8123	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
260.1969	y <sub>2</sub>	559.8082 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	887.9110 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1304.7096	y <sub>12</sub>	1774.8147	y <sub>16</sub>
272.1787 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	609.3424 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	891.3843	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1319.575	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1790.8807	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
320.7051 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	640.4028	y <sub>6</sub>	895.9440 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1320.4991	b <sub>12</sub>	1813.7892	b <sub>17</sub>
353.0857	b <sub>3</sub>	645.2475	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	931.4625 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1406.607	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1861.9178	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
356.1565	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	652.8585 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	944.9324 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1417.5519	b <sub>13</sub>	1888.8576	y <sub>17</sub>
359.2653	y <sub>3</sub>	656.1923	b <sub>6</sub>	971.5408	y <sub>9</sub>	1419.7366	y <sub>13</sub>	1959.8947	MH
371.2289 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	710.3719 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	980.4510 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1503.6598	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
435.7502 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	741.4505	y <sub>7</sub>	989.3612	b <sub>9</sub>	1504.5839	b <sub>14</sub>		

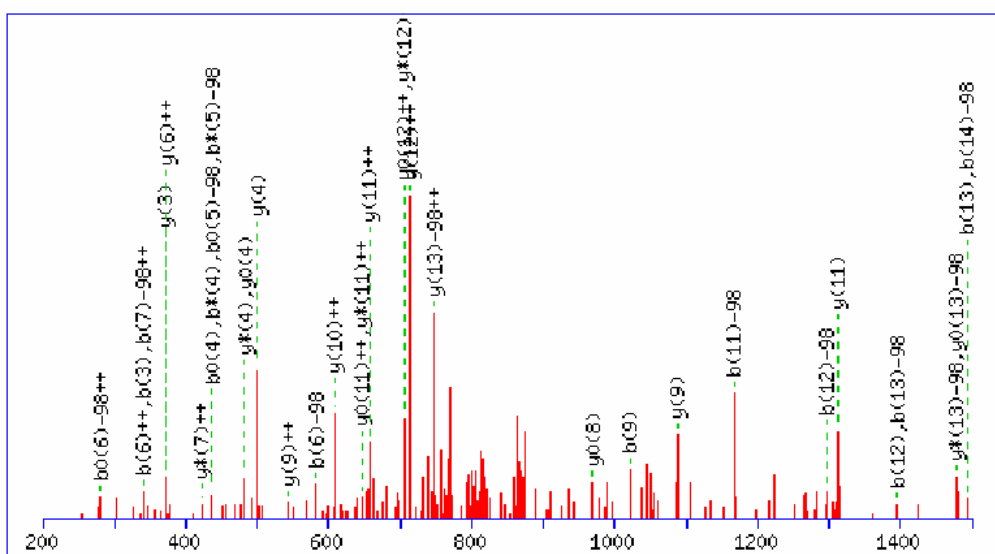
MS/MS Fragmentation of RLsEQLAHTPTAFK  
 Found in IPI00165547, Isoform 2 of Phosphatidylinositol 4-kinase beta



74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	347.6496 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	558.3014 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	712.8803 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1115.5956	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
135.5999 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	355.2032 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	558.7635 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	717.8781 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1116.5197	b <sub>9</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	365.2183	y <sub>3</sub>	563.3188	y <sub>5</sub>	761.8687 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1213.5725	b <sub>10</sub>
147.5942 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	390.7218 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	566.2334	b <sub>4</sub>	766.8665 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1216.6433	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
170.1106 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	401.2163 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	596.3151	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	780.4363	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1242.6477	y <sub>11</sub>
183.1128 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	404.1917 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	607.2899 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	790.9308 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1287.6804	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
219.0990 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	436.7349 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	608.8253 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	801.4254	y <sub>7</sub>	1311.6692	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
233.6366 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	437.1908	b <sub>3</sub>	621.8275 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	807.376	b <sub>6</sub>	1314.6202	b <sub>11</sub>
234.6319 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	439.7102 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	644.3438 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	839.9193 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1385.6573	b <sub>12</sub>
270.1925	b <sub>2</sub>	459.2512 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	656.3382 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	872.4625	y <sub>8</sub>	1409.6461	y <sub>12</sub>
282.1630 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	466.266	y <sub>4</sub>	657.8137 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	878.4132	b <sub>7</sub>	1424.7532	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
283.6203 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	468.2565	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	664.3665	y <sub>6</sub>	917.4952	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1434.7488	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
294.1812	y <sub>2</sub>	493.2769 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	693.3323 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	985.5465	y <sub>9</sub>	1522.7301	y <sub>13</sub>
298.6612 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	508.2397 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	694.292	b <sub>5</sub>	1015.4721	b <sub>8</sub>	1532.7257	b <sub>13</sub>
332.6869 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	509.7751 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	705.3267 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1018.5429	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1580.8544	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
339.2139	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	557.3062 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	709.3991	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1113.6051	y <sub>10</sub>	1678.8312	MH

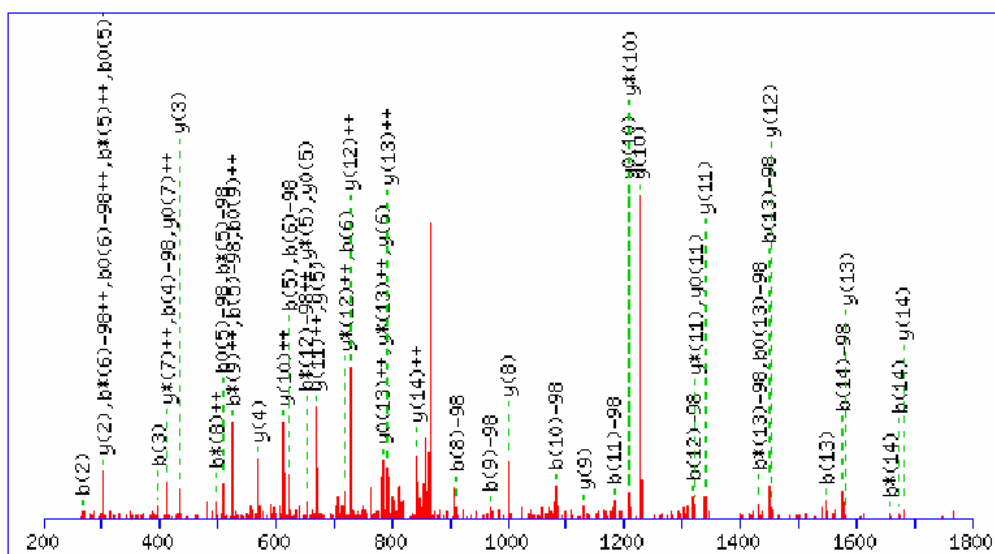


MS/MS Fragmentation of TAsNPKVENEDEPVR  
 Found in IPI00165547, Isoform 2 of Phosphatidylinositol 4-kinase beta



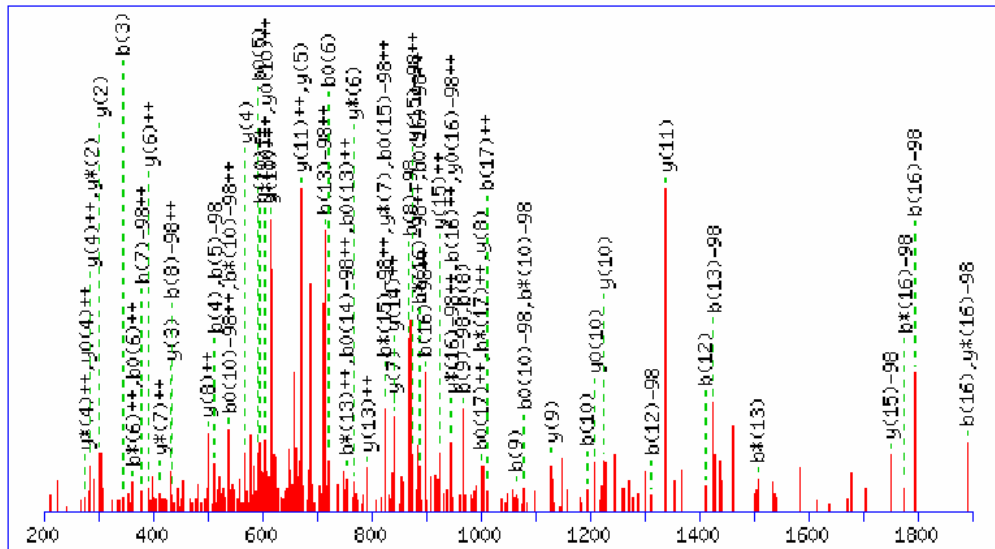
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	389.6784 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	607.8042 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	795.8378 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1265.5046	b <sub>11</sub>
137.5973 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	405.2112 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	615.3097	y <sub>5</sub>	796.8512 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1296.5703	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
173.0921	b <sub>2</sub>	429.7012 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	633.2559 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	809.4152	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1311.6539	y <sub>11</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	453.2092	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	648.7888 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	832.3698 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1393.623	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
186.1237 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	454.1334	b <sub>4</sub>	656.3306 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	833.9052 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1394.5471	b <sub>12</sub>
242.1135	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	454.1997 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	679.2811	b <sub>6</sub>	858.3952	y <sub>7</sub>	1425.6968	y <sub>12</sub>
250.6450 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	462.2327 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	680.3726	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	882.8936 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1491.5999	b <sub>13</sub>
274.1874	y <sub>2</sub>	494.2225 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	697.3151 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	907.3921	b <sub>8</sub>	1492.6914	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
291.1557 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	500.2827	y <sub>4</sub>	697.7772 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	923.4581	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1494.7183	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
308.1585 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	511.2211 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	713.3521 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	987.4378	y <sub>8</sub>	1565.7554	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
340.0904	b <sub>3</sub>	526.7540 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	744.3523	y <sub>6</sub>	1021.435	b <sub>9</sub>	1590.6683	b <sub>14</sub>
340.1442 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	543.7567 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	746.3036 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1052.5007	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1592.6952	y <sub>13</sub>
340.6899 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	551.1861	b <sub>5</sub>	746.8494 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1086.5062	y <sub>9</sub>	1663.7323	y <sub>14</sub>
356.1565	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	575.7424 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	747.8628 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1150.4776	b <sub>10</sub>	1666.8031	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
371.2401	y <sub>3</sub>	581.3042	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	778.3495	b <sub>7</sub>	1167.5277	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1764.78	MH
372.6798 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	584.2675 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	783.3814 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1214.6012	y <sub>10</sub>		

MS/MS Fragmentation of sVENLPECGITHEQR  
 Found in IPI00165547, Isoform 2 of Phosphatidylinositol 4-kinase beta



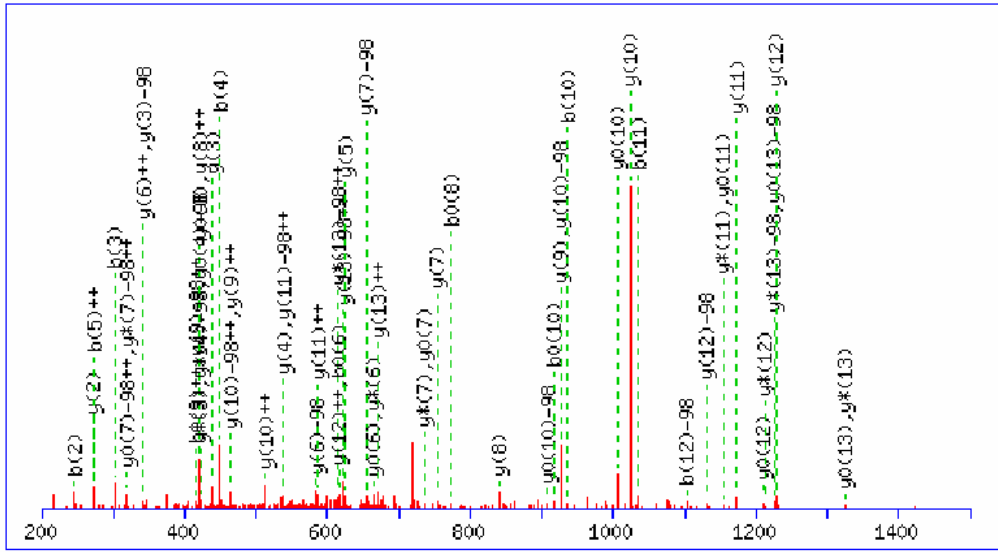
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	420.7198 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	680.7838 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	849.339	b <sub>7</sub>	1262.5834	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
152.0924 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	432.2201	y <sub>3</sub>	696.3166 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	854.3713	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1282.6208	y <sub>11</sub>
169.0972	b <sub>2</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	472.2244 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	698.8355 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	896.3902 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1360.5603	b <sub>12</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	510.1596	b <sub>4</sub>	720.2964	b <sub>6</sub>	911.3927	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1391.626	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
216.6137 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	525.2667	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	745.3051 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	943.4414	y <sub>8</sub>	1396.6638	y <sub>12</sub>
267.074	b <sub>2</sub>	536.7456 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	751.3621	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	952.3482	b <sub>8</sub>	1489.6029	b <sub>13</sub>
285.1432 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	569.279	y <sub>4</sub>	760.3459 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1009.3696	b <sub>9</sub>	1519.6846	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
298.1397	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	585.2720 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	763.3568 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1024.4768	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1525.7064	y <sub>13</sub>
303.1775	y <sub>2</sub>	622.3195	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	783.4108	y <sub>6</sub>	1072.484	y <sub>9</sub>	1617.6615	b <sub>14</sub>
335.6670 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	623.2436	b <sub>5</sub>	809.3344 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1122.4537	b <sub>10</sub>	1624.7748	y <sub>14</sub>
392.2090 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	631.7953 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	812.8910 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1125.5245	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1693.7962	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
396.1166	b <sub>3</sub>	641.8141 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	840.4322	y <sub>7</sub>	1169.5368	y <sub>10</sub>	1791.7731	MH
412.1827	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	670.3267	y <sub>5</sub>	847.4018 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1223.5014	b <sub>11</sub>		

MS/MS Fragmentation of STRsVENLPECGITHEQR  
 Found in IPI00165547, Isoform 2 of Phosphatidylinositol 4-kinase beta



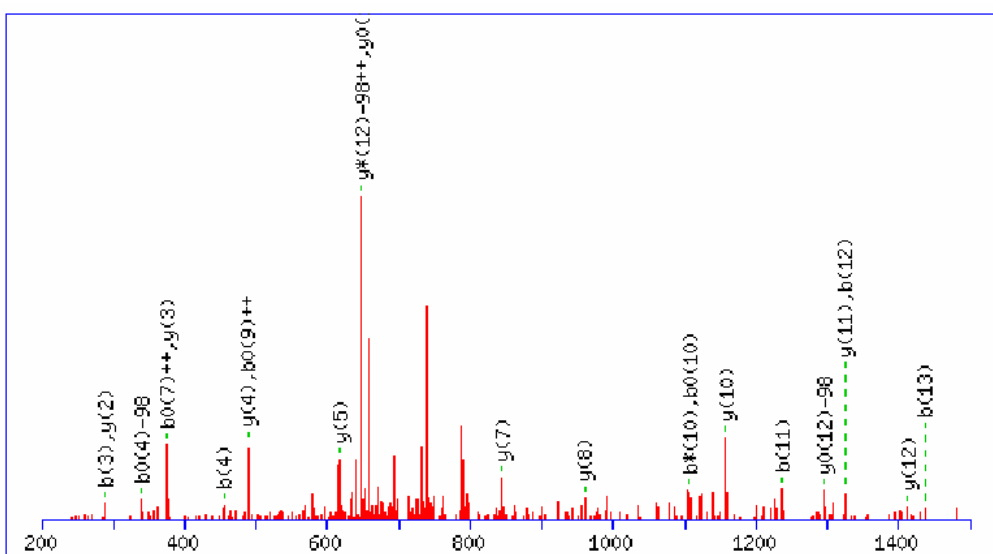
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	432.2201	y <sub>3</sub>	684.8325 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	943.4414	y <sub>8</sub>	1466.6345	b <sub>13</sub>
152.0924 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	435.2274 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	698.8355 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	966.5003	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1469.7053	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
173.0977 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	472.2244 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	733.8209 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	967.4245	b <sub>8</sub>	1525.7064	y <sub>13</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	483.7538 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	735.3563 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	974.4408 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1567.6822	b <sub>14</sub>
189.087	b <sub>2</sub>	484.2159 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	740.2975	b <sub>6</sub>	975.9762 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1606.7642	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
207.6084 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	512.1865	b <sub>4</sub>	756.3635	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	981.4248 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1624.7748	y <sub>14</sub>
216.6137 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	513.278	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	763.3568 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1019.4922 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1693.7962	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
256.5969 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	532.7422 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	783.4108	y <sub>6</sub>	1024.9646 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1704.7411	b <sub>15</sub>
257.1426 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	536.7456 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	784.3447 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1064.4772	b <sub>9</sub>	1735.8068	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
285.1432 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	548.2751 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	803.8857 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1068.4806 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1791.7731	y <sub>15</sub>
303.1775	y <sub>2</sub>	569.279	y <sub>4</sub>	812.8910 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1072.484	y <sub>9</sub>	1833.7837	b <sub>16</sub>
306.1311 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	585.2720 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	840.4322	y <sub>7</sub>	1095.5429	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1849.8974	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
321.6639 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	597.2635 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	847.4018 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1169.5368	y <sub>10</sub>	1863.8654	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
335.6670 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	599.7797 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	852.8742 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1193.5198	b <sub>10</sub>	1947.8743	y <sub>16</sub>
345.1881	b <sub>3</sub>	611.2549	b <sub>5</sub>	854.3404	b <sub>7</sub>	1198.5521	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1950.945	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
370.6524 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	628.2904 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	868.4070 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1255.5736	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1961.8423	b <sub>17</sub>
378.6854 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	641.8141 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	869.4476	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1282.6208	y <sub>11</sub>	2037.9771	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
392.2090 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	642.3206	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	896.3902 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1296.529	b <sub>11</sub>	2048.9219	y <sub>17</sub>
414.2096	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	648.7681 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	917.3955 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1353.5505	b <sub>12</sub>	2135.954	MH
420.7198 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	670.3267	y <sub>5</sub>	925.4523 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1368.6576	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
427.6738 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	677.2789 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	932.4363 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1396.6638	y <sub>12</sub>		

MS/MS Fragmentation of MIGFPSSAGSVsPR  
 Found in IPI00009866, Isoform 1 of Keratin, type I cytoskeletal 13



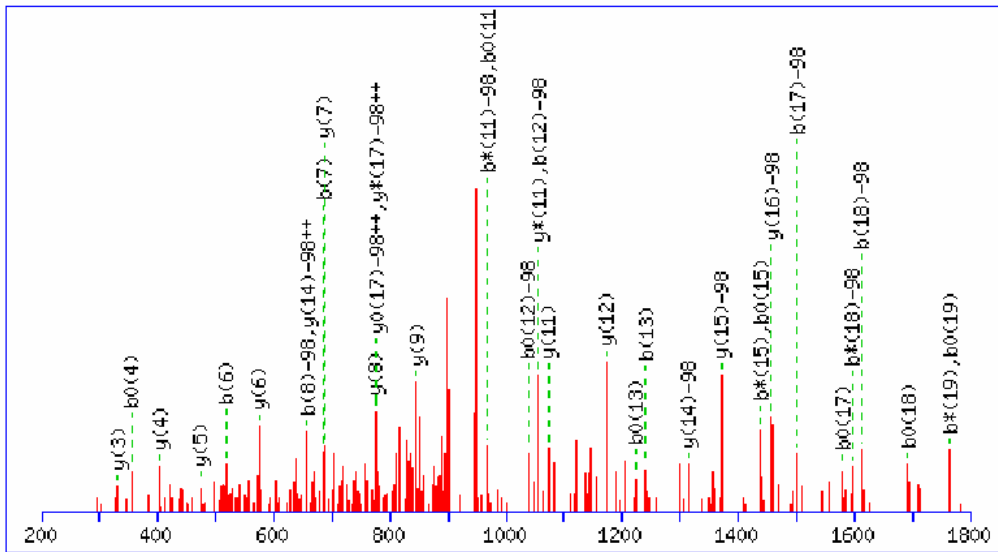
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	341.1932	y <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	538.2385	y <sub>4</sub>	736.8338 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1130.5589	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
136.5895 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	341.6496 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	546.2745	b <sub>5</sub>	742.3842	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1171.5143	y <sub>11</sub>
171.1002 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	371.6958 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	565.7831 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	753.3291	y <sub>7</sub>	1200.5718	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	377.1682 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	584.3151	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	791.3756	b <sub>8</sub>	1201.4959	b <sub>12</sub>
220.0887 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	415.2118 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	586.2608 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	829.4163	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1228.5358	y <sub>12</sub>
220.6344 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	420.6842 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	614.7715 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	840.3611	y <sub>8</sub>	1243.643	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
245.1318	b <sub>2</sub>	439.1701	y <sub>3</sub>	622.3251 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	848.3971	b <sub>9</sub>	1298.5487	b <sub>13</sub>
264.1504 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	440.2616	y <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	625.2705	y <sub>5</sub>	926.469	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1341.6199	y <sub>13</sub>
269.6229 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	449.2217	b <sub>4</sub>	633.3065	b <sub>6</sub>	927.3932	y <sub>9</sub>	1374.6834	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
272.1717	y <sub>2</sub>	463.7381 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	655.3522	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	935.4291	b <sub>10</sub>	1472.6603	MH
292.6612 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	464.2002 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	671.3136 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1024.4459	y <sub>10</sub>		
302.1533	b <sub>3</sub>	512.7266 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	682.292	y <sub>6</sub>	1034.4975	b <sub>11</sub>		
313.1389 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	527.2936	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	687.8454 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1073.5374	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
328.1797 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	537.2724 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	720.3385	b <sub>7</sub>	1103.519	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

MS/MS Fragmentation of SLSsPTDNLELSLR  
 Found in IPI00384861, Isoform 1 of ARF GTPase-activating protein GIT1



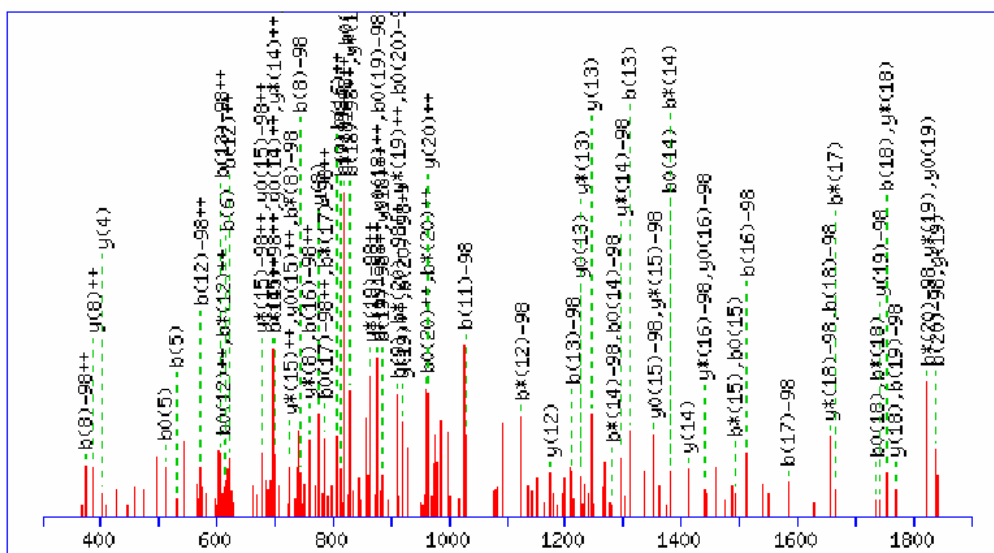
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	422.7480 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	657.3384 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	882.3241	b <sub>8</sub>	1313.6696	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
144.6051 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	454.2296	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	662.8109 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	897.4312	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1324.5668	b <sub>12</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	455.1538	b <sub>4</sub>	670.3042	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	959.5156	y <sub>8</sub>	1324.6144	y <sub>11</sub>
188.1212 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	480.2615 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	706.3269 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	995.4081	b <sub>9</sub>	1339.674	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
201.1234	b <sub>2</sub>	488.3191	y <sub>4</sub>	713.8805 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1026.4738	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1411.6465	y <sub>12</sub>
244.6632 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	530.7853 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	730.4458	y <sub>6</sub>	1060.5633	y <sub>9</sub>	1426.7536	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
288.1554	b <sub>3</sub>	552.2065	b <sub>5</sub>	757.3965 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1124.4507	b <sub>10</sub>	1437.6509	b <sub>13</sub>
288.203	y <sub>2</sub>	555.2773	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	762.8689 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1139.5579	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1513.7857	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
309.1845 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	579.3117 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	768.2811	b <sub>7</sub>	1157.6161	y <sub>10</sub>	1524.7305	y <sub>13</sub>
357.1769	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	613.8224 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	784.3472	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1226.5899	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1611.7626	MH
365.7265 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	617.3617	y <sub>5</sub>	806.3849 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1226.6375	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
375.235	y <sub>3</sub>	653.2542	b <sub>6</sub>	844.4887	y <sub>7</sub>	1237.5348	b <sub>11</sub>		

MS/MS Fragmentation of SATLSGsATNLASLTAALAK  
 Found in IPI00021753, Kinesin-like protein KIF13B



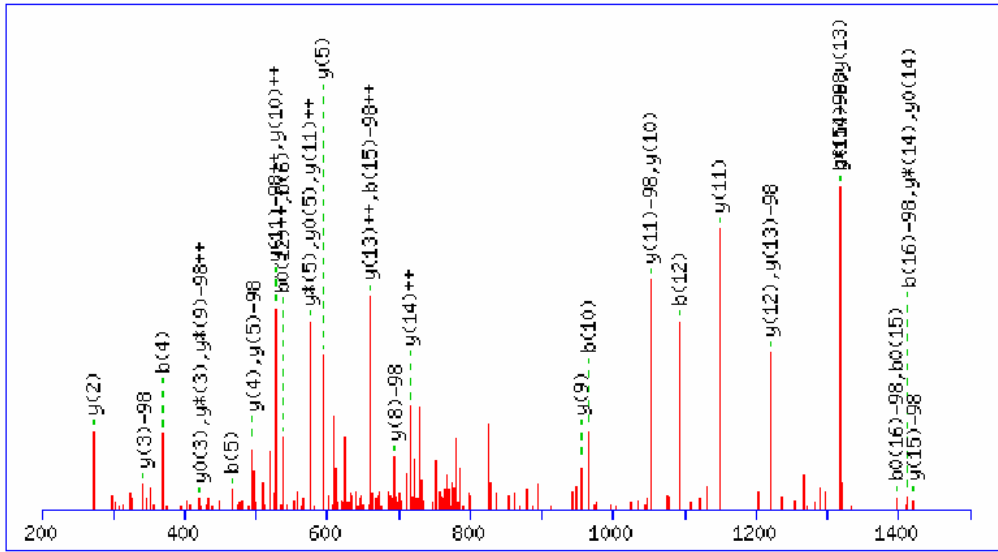
74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	473.3082	y <sub>5</sub>	758.3679	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1056.532	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1468.7407	y <sub>15</sub>
109.5786 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	479.8002 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	774.472	y <sub>8</sub>	1072.6361	y <sub>11</sub>	1499.77	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	517.2617	b <sub>6</sub>	778.3900 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1083.4718	b <sub>11</sub>	1526.7098	b <sub>16</sub>
159.0764	b <sub>2</sub>	536.8217 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	785.9436 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1143.564	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1555.7727	y <sub>16</sub>
166.1206 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	574.3559	y <sub>6</sub>	834.9320 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1154.5089	b <sub>12</sub>	1570.8799	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
201.6392 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	586.2831	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	836.4674 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1173.6838	y <sub>12</sub>	1597.7469	b <sub>17</sub>
218.1499	y <sub>2</sub>	587.3455 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	845.5091	y <sub>9</sub>	1241.5409	b <sub>13</sub>	1612.8541	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
237.1577 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	622.8641 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	856.3448	b <sub>9</sub>	1244.7209	y <sub>13</sub>	1668.8568	y <sub>17</sub>
260.1241	b <sub>3</sub>	657.3202	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	871.9860 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1256.6481	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1671.9276	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
287.6816 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	657.3748 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	872.4108	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1313.7423	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1683.8912	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
331.234	y <sub>3</sub>	684.26	b <sub>7</sub>	885.4559 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1354.625	b <sub>14</sub>	1710.831	b <sub>18</sub>
344.2236 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	685.8855 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	915.5020 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1357.6958	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1742.9647	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
373.2082	b <sub>4</sub>	687.44	y <sub>7</sub>	920.9744 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1370.7638	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1769.9045	y <sub>18</sub>
387.7396 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	706.3633 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	958.5932	MH	1411.7192	y <sub>14</sub>	1781.8681	b <sub>19</sub>
402.2711	y <sub>4</sub>	729.4016 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	964.4904 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1428.7329	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1829.9967	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
423.2582 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	734.8740 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	970.3877	b <sub>10</sub>	1455.6727	b <sub>15</sub>	1840.9416	y <sub>19</sub>
460.2402	b <sub>5</sub>	755.2971	b <sub>8</sub>	985.4949	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1457.7958	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1927.9736	MH

MS/MS Fragmentation of RSATLSGsATNLASLTAALAK  
 Found in IPI00021753, Kinesin-like protein KIF13B



74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	456.2028 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	729.4016 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	920.9744 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1510.7261	b <sub>15</sub>
109.5786 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	457.7381 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	734.8740 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	933.9697 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1513.7969	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
122.5738 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	473.3082	y <sub>5</sub>	742.3842	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	958.5932	y <sub>10</sub>	1555.7727	y <sub>16</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	479.8002 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	755.8667 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	964.4904 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1570.8799	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
158.0924 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	506.7266 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	757.4021 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	969.4882 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1584.834	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
166.1206 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	514.7596 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	774.472	y <sub>8</sub>	993.5526 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1611.7738	b <sub>16</sub>
201.6392 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	529.3093	b <sub>5</sub>	778.3900 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1012.4459	b <sub>10</sub>	1655.8711	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
208.6162 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	536.8217 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	785.9436 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1028.5119	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1668.8568	y <sub>17</sub>
218.1499	y <sub>2</sub>	563.7481 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	792.9206 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1042.5410 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1671.9276	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
237.1577 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	571.3016 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	806.3905 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1072.6361	y <sub>11</sub>	1682.8109	b <sub>17</sub>
244.1404	b <sub>2</sub>	574.3559	y <sub>6</sub>	813.4213	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1126.4888	b <sub>11</sub>	1742.9647	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
265.1583 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	587.3455 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	828.4392 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1141.596	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1753.848	b <sub>18</sub>
287.6816 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	606.8202 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	834.9320 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1173.6838	y <sub>12</sub>	1768.9552	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
308.6743 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	616.3413	b <sub>6</sub>	836.4674 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1212.6331	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1769.9045	y <sub>18</sub>
315.1775	b <sub>3</sub>	620.2901 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	840.3611	b <sub>8</sub>	1239.5729	b <sub>12</sub>	1829.9967	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
331.234	y <sub>3</sub>	622.8641 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	841.9091 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1244.7209	y <sub>13</sub>	1839.9923	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
337.1850 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	650.3362 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	845.5091	y <sub>9</sub>	1299.6652	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1840.9416	y <sub>19</sub>
344.2236 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	655.8086 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	871.9860 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1310.61	b <sub>13</sub>	1866.9321	b <sub>19</sub>
371.6958 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	657.3748 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	877.4276 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1313.7423	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1927.9736	y <sub>20</sub>
387.7396 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	673.3628	b <sub>7</sub>	884.9812 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1370.7638	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1937.9692	b <sub>20</sub>
402.2711	y <sub>4</sub>	685.8855 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	885.4559 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1397.642	b <sub>14</sub>	1986.0978	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
407.2143 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	687.44	y <sub>7</sub>	911.3982	b <sub>9</sub>	1411.7192	y <sub>14</sub>	2084.0747	MH
416.2252	b <sub>4</sub>	699.3247 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	914.469	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1412.7492	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
420.6842 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	706.3633 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	915.5020 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1457.7958	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
423.2582 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	706.8782 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	920.4998 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1468.7407	y <sub>15</sub>		

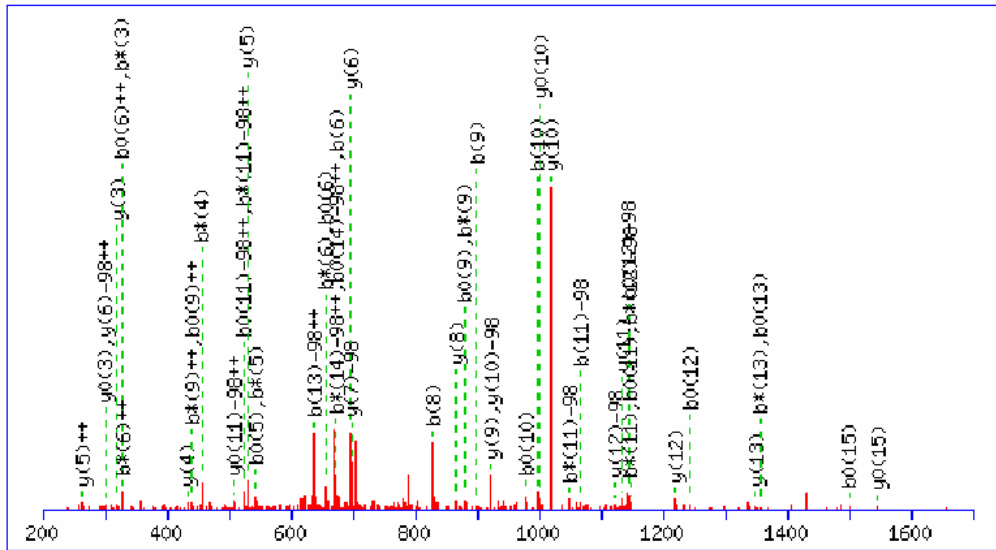
MS/MS Fragmentation of APSLPAPPYAGAPGsPR  
 Found in IPI00465409, ankyrin repeat domain 34



88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	361.1551 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	593.2443	y <sub>5</sub>	807.8874 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1316.6634	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
136.5895 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	369.2132	b <sub>4</sub>	610.3146 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	843.4060 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1317.5987	y <sub>13</sub>
169.0972	b <sub>2</sub>	396.6736 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	610.7766 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	857.4264	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1332.7059	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
171.1002 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	398.2146	y <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	623.326	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	894.472	b <sub>9</sub>	1413.7161	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	429.2169 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	634.3559	b <sub>7</sub>	954.4792	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1414.6403	b <sub>15</sub>
199.6110 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	439.1701	y <sub>3</sub>	659.3030 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	955.4033	y <sub>9</sub>	1419.7379	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
220.0887 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	466.266	b <sub>5</sub>	664.2814	y <sub>6</sub>	965.5091	b <sub>10</sub>	1430.6828	y <sub>14</sub>
248.1373 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	477.7432 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	666.8566 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1022.5306	b <sub>11</sub>	1511.693	b <sub>16</sub>
248.5994 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	478.2053 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	694.3631	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1051.532	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1516.7907	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
256.1292	b <sub>3</sub>	495.2674	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	710.3726 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1052.4561	y <sub>10</sub>	1517.7148	y <sub>15</sub>
272.1717	y <sub>2</sub>	496.1915	y <sub>4</sub>	715.8450 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1093.5677	b <sub>12</sub>	1587.8278	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
283.6559 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	526.2696 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	721.3029	y <sub>7</sub>	1122.5691	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1614.7676	y <sub>16</sub>
297.1258 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	526.7317 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	731.4087	b <sub>8</sub>	1149.5088	y <sub>11</sub>	1685.8047	MH
312.1666 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	537.3031	b <sub>6</sub>	758.8990 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1190.6204	b <sub>13</sub>		
332.6443 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	561.7882 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	759.3610 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1219.6218	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
341.1932	y <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	566.3045	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	792.34	y <sub>8</sub>	1220.546	y <sub>12</sub>		
347.6852 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	575.2581 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	794.4175 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1247.6419	b <sub>14</sub>		

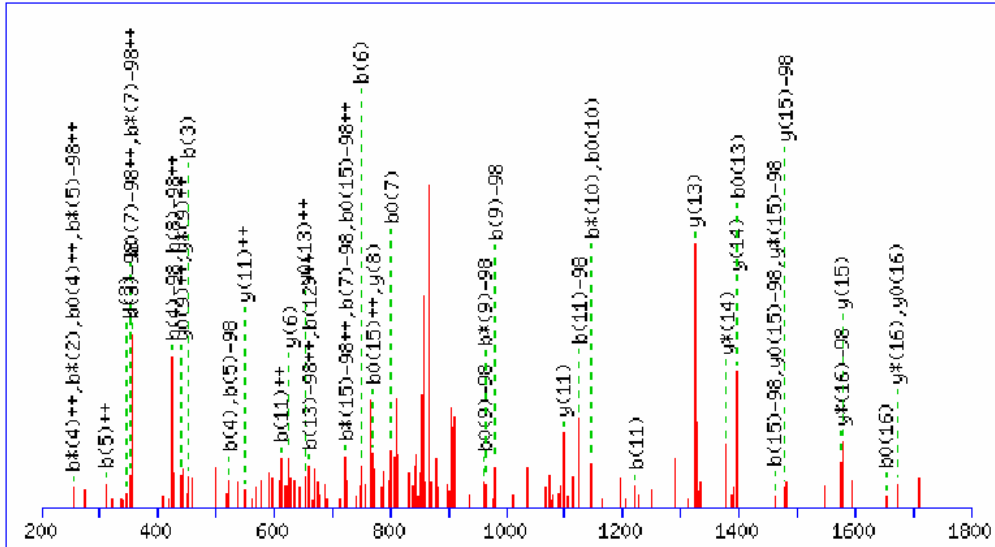


MS/MS Fragmentation of QSQESLPGAVsPLSGR  
 Found in IPI00465409, ankyrin repeat domain 34



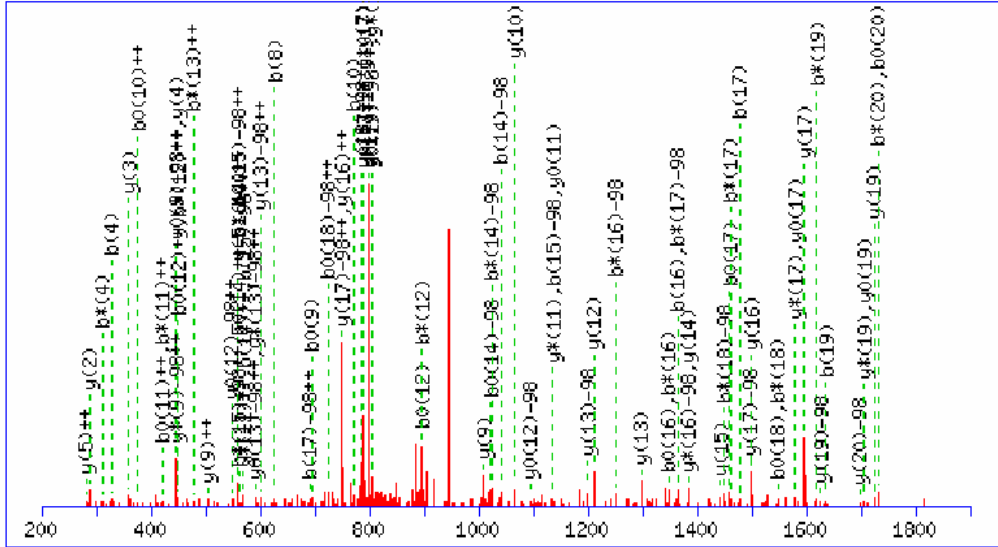
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	413.2325 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	673.3151	b <sub>6</sub>	866.4132	y <sub>8</sub>	1276.6532	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
116.5738 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	432.2565	y <sub>4</sub>	675.3267 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	898.4265	b <sub>9</sub>	1349.6461	y <sub>13</sub>
160.0899 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	433.7102 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	690.3675 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	922.5105	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1363.6852	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	461.7589 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	696.3076	y <sub>6</sub>	923.4346	y <sub>9</sub>	1374.6301	b <sub>13</sub>
216.0979	b <sub>2</sub>	462.2209 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	697.3991	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	997.4949	b <sub>10</sub>	1379.7278	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
216.6319 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	473.1991	b <sub>4</sub>	733.8835 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1020.4874	y <sub>10</sub>	1420.7067	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
232.1404	y <sub>2</sub>	510.7473 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	739.3560 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1035.5946	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1461.6621	b <sub>14</sub>
265.1583 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	518.3009 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	768.4363	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1066.5164	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1466.7598	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
299.6690 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	529.3093	y <sub>5</sub>	770.3679	b <sub>7</sub>	1122.6266	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1477.7046	y <sub>14</sub>
319.1724	y <sub>3</sub>	560.2311	b <sub>5</sub>	782.8720 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1133.5715	y <sub>11</sub>	1518.6836	b <sub>15</sub>
344.1565	b <sub>3</sub>	561.8169 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	795.376	y <sub>7</sub>	1163.5691	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1564.7367	y <sub>15</sub>
348.6575 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	567.2894 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	797.9128 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1164.4933	b <sub>11</sub>	1594.8184	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
349.2032 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	598.3307	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	825.4577	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1220.6035	y <sub>12</sub>	1692.7953	MH
384.7218 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	610.8054 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	827.3894	b <sub>8</sub>	1251.6692	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
398.1917 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	626.3382 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	846.9013 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1261.546	b <sub>12</sub>		

MS/MS Fragmentation of RNtAPEAQESGPPSGLR  
 Found in IPI00465409, ankyrin repeat domain 34



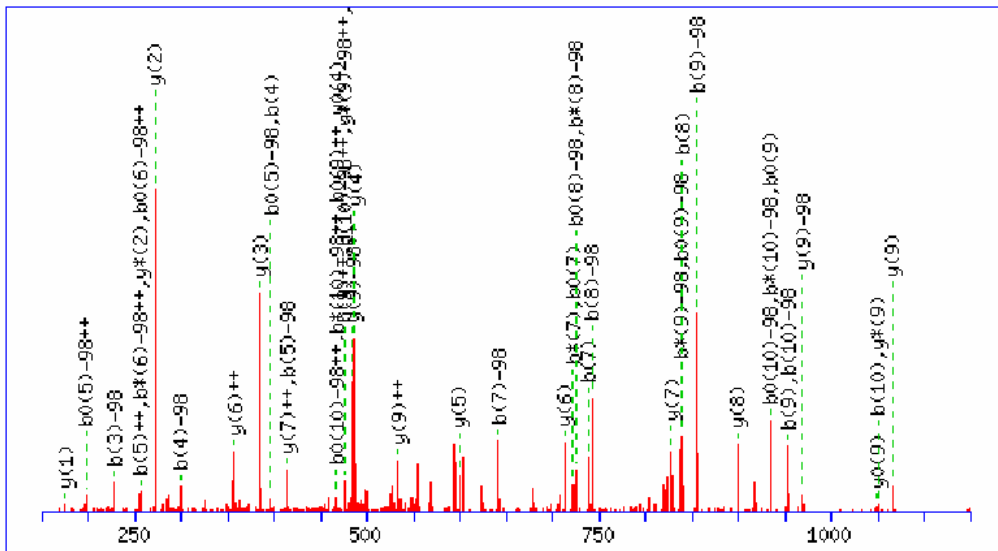
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	361.6826 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	610.7864 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	787.8815 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1227.5964	y <sub>12</sub>
136.0793 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	375.1525 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	611.2484 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	788.8538 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1317.6182	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
144.6051 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	385.7114 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	614.3018 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	796.8868 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1318.5423	b <sub>12</sub>
173.1159 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	410.6711 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	620.2552	b <sub>5</sub>	820.3349	b <sub>7</sub>	1324.6492	y <sub>13</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	425.2255	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	626.362	y <sub>6</sub>	836.8700 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1395.6863	y <sub>14</sub>
177.5979 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	425.7119 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	651.3209	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	845.8752 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1404.6502	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
213.1164 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	432.2565	y <sub>4</sub>	659.3127 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	850.4166	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1415.5951	b <sub>13</sub>
216.6319 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	450.2327 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	659.7748 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	874.9374 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1461.6717	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
226.5863 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	452.1653	b <sub>3</sub>	662.8282 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	899.4581	y <sub>9</sub>	1478.7234	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
261.6428 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	474.7004 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	683.3835	y <sub>7</sub>	923.9258 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1502.6271	b <sub>14</sub>
262.1049 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	490.2332 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	698.3468 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	948.3935	b <sub>8</sub>	1559.6486	b <sub>15</sub>
265.1583 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	514.2620 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	702.8288 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	979.4592	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1574.7558	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
271.1513	b <sub>2</sub>	522.2783	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	708.3012 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1027.5167	y <sub>10</sub>	1576.7003	y <sub>15</sub>
288.203	y <sub>2</sub>	523.2024	b <sub>4</sub>	722.358	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1066.4912	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1592.7663	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
310.6312 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	529.3093	y <sub>5</sub>	731.3395 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1077.4361	b <sub>9</sub>	1672.7327	b <sub>16</sub>
313.6847 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	533.7492 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	739.8653 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1098.5538	y <sub>11</sub>	1690.7432	y <sub>16</sub>
326.1641 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	539.2217 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	749.2978	b <sub>6</sub>	1123.5127	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1748.8674	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
342.1954 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	549.7805 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	751.8172 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1164.4681	b <sub>10</sub>	1846.8443	MH
345.2245	y <sub>3</sub>	562.2600 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	770.4155	y <sub>8</sub>	1220.5654	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
354.1884	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	582.7377 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	780.3279 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1221.4896	b <sub>11</sub>		

MS/MS Fragmentation of QAGAPGGSSSGSGsPELSALR  
 Found in IPI00032236, Isoform 2 of Angiotensin-like protein 2



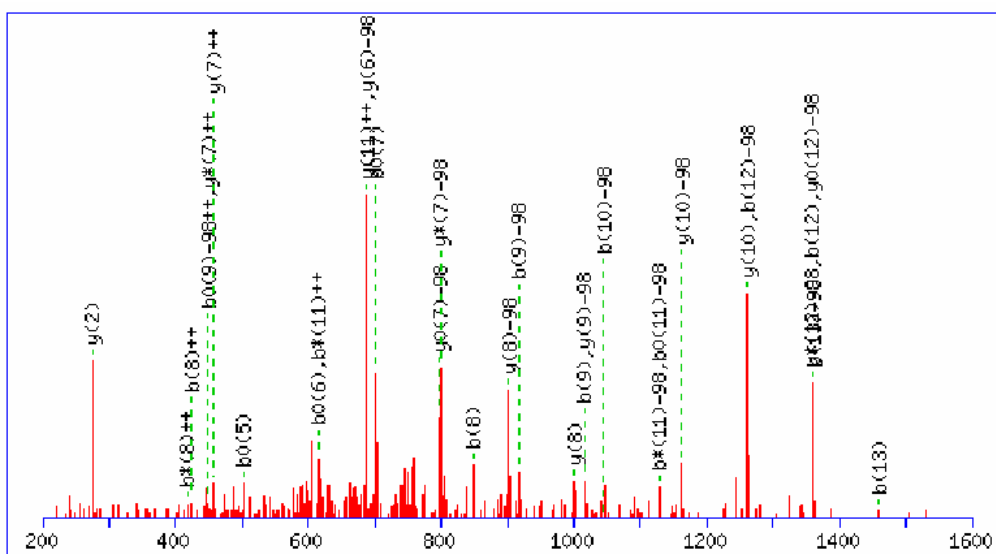
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	505.2393 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	770.3428	b <sub>10</sub>	1055.548	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1497.7292	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
144.6051 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	528.2776 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	784.8868 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1066.4929	y <sub>10</sub>	1498.6533	y <sub>16</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	533.7501 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	785.4516	y <sub>7</sub>	1112.5695	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1537.6877	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
180.1237 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	539.2572	b <sub>7</sub>	798.3567 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1137.4919	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1564.6275	b <sub>18</sub>
200.103	b <sub>2</sub>	556.7884 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	813.3975 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1138.4161	b <sub>14</sub>	1568.7663	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
223.6397 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	559.3562	y <sub>5</sub>	833.8752 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1153.5249	y <sub>11</sub>	1595.7061	y <sub>17</sub>
257.1244	b <sub>3</sub>	577.2661 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	848.9161 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1199.6015	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1625.7878	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
280.1817 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	600.3044 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	854.473	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1210.5464	y <sub>12</sub>	1635.6646	b <sub>19</sub>
288.203	y <sub>2</sub>	605.7768 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	857.3748	b <sub>11</sub>	1235.4688	b <sub>15</sub>	1650.7718	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
328.1615	b <sub>4</sub>	626.2893	b <sub>8</sub>	862.3860 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1266.5345	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1666.7432	y <sub>18</sub>
344.7030 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	643.8204 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	897.9045 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1286.6335	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1696.8249	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
359.2401	y <sub>3</sub>	649.2928 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	911.4945	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1297.5784	y <sub>13</sub>	1723.7647	y <sub>19</sub>
393.2294 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	672.3311 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	912.9454 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1343.655	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1748.7487	b <sub>20</sub>
425.2143	b <sub>5</sub>	688.3988	y <sub>6</sub>	914.3962	b <sub>12</sub>	1364.5114	b <sub>16</sub>	1794.8018	y <sub>20</sub>
427.7402 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	692.8088 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	952.4499	y <sub>8</sub>	1379.6186	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1824.8835	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
446.2722	y <sub>4</sub>	700.8419 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	961.9338 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1384.6104	y <sub>14</sub>	1922.8604	MH
456.2509 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	713.3213	b <sub>9</sub>	968.516	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1400.6764	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
476.7286 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	721.3196 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	971.4177	b <sub>13</sub>	1441.6319	y <sub>15</sub>		
482.2358	b <sub>6</sub>	749.3682 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1009.4714	y <sub>9</sub>	1466.6506	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
484.7616 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	749.8303 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1040.4392	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1477.5955	b <sub>17</sub>		

MS/MS Fragmentation of SAsADNLTLP  
 Found in IPI00336159, cyclin fold protein 1 isoform 2



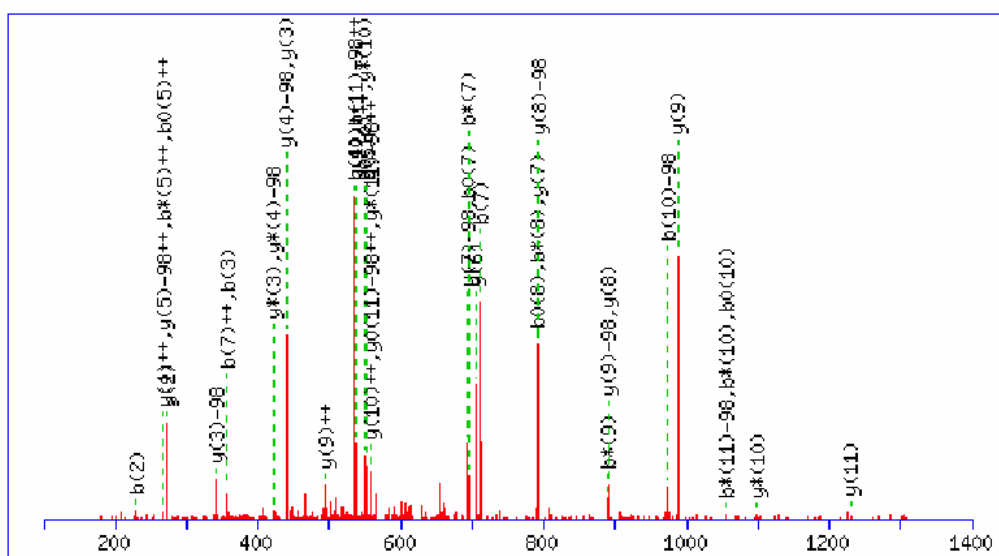
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	300.1974 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	486.3035	y <sub>4</sub>	626.1818	b <sub>6</sub>	952.4734	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
136.5895 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	326.0748	b <sub>3</sub>	512.1388	b <sub>5</sub>	641.2889	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	953.3976	b <sub>9</sub>
159.0764	b <sub>2</sub>	357.2189 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	520.2802 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	713.4304	y <sub>6</sub>	968.516	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	385.2558	y <sub>3</sub>	528.2049	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	739.2658	b <sub>7</sub>	1039.5531	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
193.1315 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	397.1119	b <sub>4</sub>	533.7501 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	742.3366	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1050.4503	b <sub>10</sub>
228.0979	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	414.1619	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	563.7962 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	828.4574	y <sub>7</sub>	1066.4929	y <sub>9</sub>
243.6554 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	414.7323 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	569.2686 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	840.3135	b <sub>8</sub>	1126.5851	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
272.1717	y <sub>2</sub>	450.2509 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	599.3875	y <sub>5</sub>	855.4207	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1137.53	y <sub>10</sub>
299.135	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	484.7616 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	612.7846 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	899.4945	y <sub>8</sub>	1224.562	MH

MS/MS Fragmentation of ASTIFLSKsQTDVR  
 Found in IPI00336159, cyclin fold protein 1 isoform 2



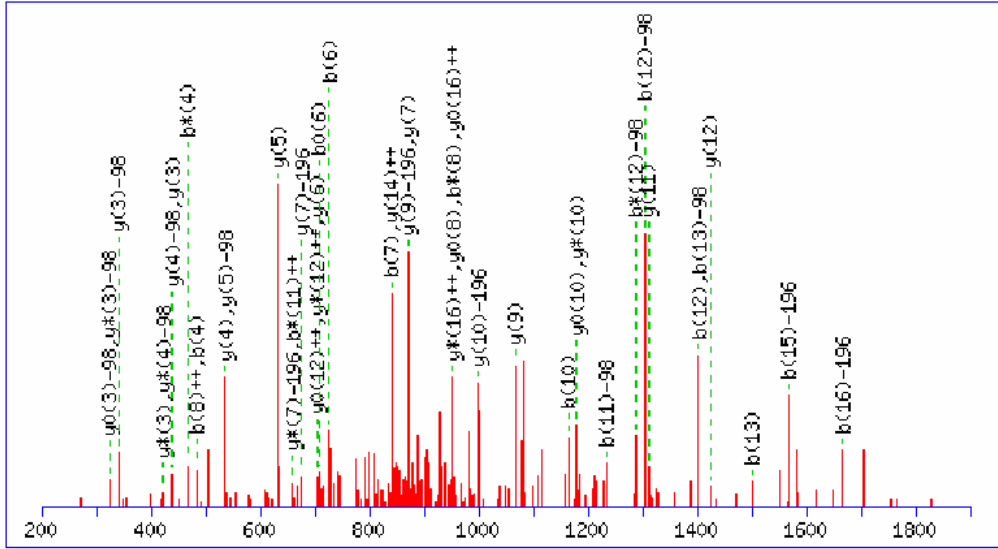
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	451.7381 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	630.8028 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	785.3189	y <sub>6</sub>	1244.5922	b <sub>11</sub>
137.5973 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	457.2106 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	631.3248 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	815.437	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1260.5984	y <sub>10</sub>
159.0764	b <sub>2</sub>	459.2582 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	633.3606	b <sub>6</sub>	816.9033 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1261.6423	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	490.262	y <sub>4</sub>	638.3564 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	848.4876	b <sub>8</sub>	1275.7056	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
195.1108 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	500.7266 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	680.3132 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	902.469	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1359.6192	b <sub>12</sub>
245.6346 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	508.2466 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	680.8590 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	913.4139	y <sub>7</sub>	1360.7107	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
260.1241	b <sub>3</sub>	508.2802 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	687.342	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	917.5091	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1373.6825	y <sub>11</sub>
274.1874	y <sub>2</sub>	520.2766	b <sub>5</sub>	687.3449 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	1000.4459	y <sub>8</sub>	1376.7532	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
309.6639 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	523.2875 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	688.8803 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1015.486	b <sub>9</sub>	1458.6876	b <sub>13</sub>
344.1747 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	557.2686 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	720.3927	b <sub>7</sub>	1015.5531	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1463.7853	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
373.2082	b <sub>4</sub>	572.2759 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	729.8474 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1045.5677	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1474.7301	y <sub>12</sub>
389.2143	y <sub>3</sub>	573.8113 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	732.3963 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1113.53	y <sub>9</sub>	1534.8224	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
393.1631 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	581.8144 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	737.8687 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1143.5446	b <sub>10</sub>	1561.7622	y <sub>13</sub>
408.2221 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	618.3206	y <sub>5</sub>	767.9148 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1146.6154	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1632.7993	MH
424.7475 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	622.7998 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	781.3847 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1162.6215	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

MS/MS Fragmentation of LDQPVSAPPsPR  
 Found in IPI00000634, Coiled-coil domain-containing protein 6



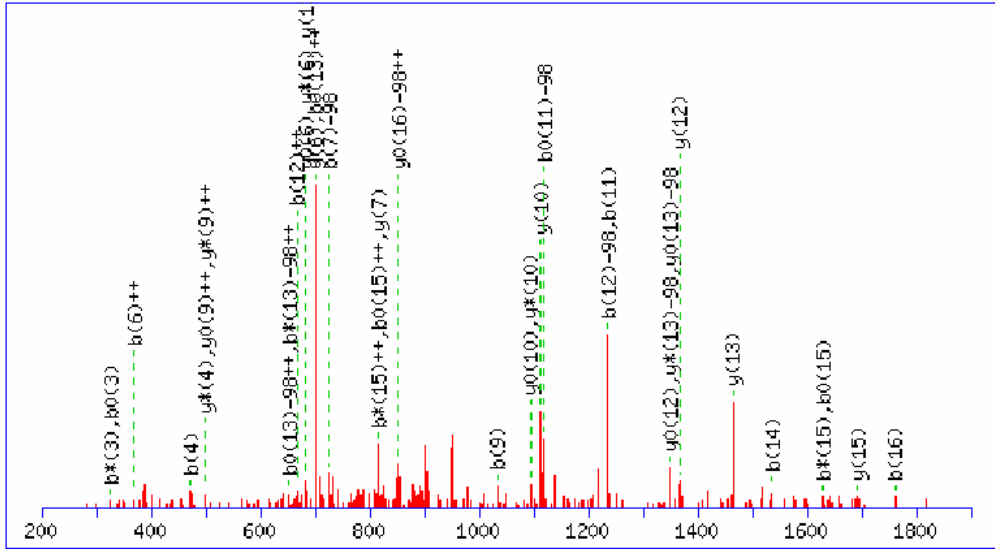
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	341.1932	y <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	509.2774 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	693.3678	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1071.5469	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
136.5895 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	347.1876 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	535.2987	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	704.3127	y <sub>6</sub>	1072.4711	b <sub>10</sub>
171.1002 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	352.6600 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	536.2228	y <sub>4</sub>	711.3672	b <sub>7</sub>	1115.5245	y <sub>10</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	357.1769	b <sub>3</sub>	553.298	b <sub>5</sub>	791.3447	y <sub>7</sub>	1132.5745	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
219.6266 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	396.1760 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	558.2659 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	792.4363	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1169.5238	b <sub>11</sub>
220.0887 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	396.7218 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	566.7909 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	808.4199	b <sub>8</sub>	1230.5514	y <sub>11</sub>
229.1183	b <sub>2</sub>	438.2459	y <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	606.3358	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	889.489	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1245.6586	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
268.1530 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	439.1701	y <sub>3</sub>	615.7794 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	890.4132	y <sub>8</sub>	1343.6355	MH
268.6151 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	445.2482 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	623.3329 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	905.4727	b <sub>9</sub>		
272.1717	y <sub>2</sub>	445.7102 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	633.2756	y <sub>5</sub>	974.4942	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
303.6715 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	454.2296	b <sub>4</sub>	640.3301	b <sub>6</sub>	987.4659	y <sub>9</sub>		
317.1414 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	494.2366 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	672.3214 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1017.5476	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

MS/MS Fragmentation of ILQEKLDQPVsAPPsPR  
 Found in IPI00000634, Coiled-coil domain-containing protein 6



88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	484.2766	b <sub>4</sub>	701.8525 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	904.9026 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1423.6018	y <sub>12</sub>
136.5895 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	484.7742 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	704.3127	y <sub>6</sub>	912.4562 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1453.7199	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
171.1002 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	485.2313 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	712.3046 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	930.9308 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1484.7856	y <sub>14</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	485.6934 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	725.4556	b <sub>6</sub>	961.4447 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1498.8264	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
219.6266 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	500.2722 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	727.3636 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	968.5411	b <sub>8</sub>	1499.7505	b <sub>13</sub>
220.0887 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	533.3006 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	742.8964 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	968.9982 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1551.6968	y <sub>13</sub>
227.1754	b <sub>2</sub>	534.2198 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	749.9168 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	969.4554	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1567.8479	b <sub>15</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
268.1530 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	535.2987	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	750.3789 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	970.3795	y <sub>8</sub>	1582.7625	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
268.6151 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	536.2228	y <sub>4</sub>	773.3342	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	999.537	y <sub>10</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1596.8033	b <sub>14</sub>
272.1717	y <sub>2</sub>	549.2606 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	774.4257	y <sub>8</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1017.9867 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1612.8442	y <sub>15</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
303.6715 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	557.7856 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	776.3520 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1065.5939	b <sub>9</sub>	1664.9006	b <sub>16</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
306.6894 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	582.8348 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	784.4276 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1067.4323	y <sub>9</sub>	1665.8248	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
317.1414 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	598.2491 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	791.8849 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1097.5139	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1680.7394	y <sub>14</sub>
338.1823 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	606.3358	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	798.9053 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1114.564	y <sub>11</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1710.8211	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
341.1932	y <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	606.7741 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	806.9257 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1164.6623	b <sub>10</sub>	1725.9282	y <sub>16</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
352.6600 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	612.3715	b <sub>5</sub>	832.9540 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1195.4908	y <sub>10</sub>	1762.8775	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
355.234	b <sub>3</sub>	614.3277 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	833.4160 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1212.5409	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1763.8017	b <sub>15</sub>
363.2314 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	617.3455 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	840.4825	b <sub>7</sub>	1227.648	y <sub>12</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1808.798	y <sub>15</sub>
387.1707 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	633.2756	y <sub>5</sub>	840.8733 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1233.6838	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1823.9051	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
387.7165 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	652.8641 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	855.9142 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1304.7209	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1860.8544	b <sub>16</sub>
420.7449 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	655.7625 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	863.4678 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1310.5178	y <sub>11</sub>	1921.882	y <sub>16</sub>
436.1592 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	663.3161 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	871.3111	y <sub>7</sub>	1325.6249	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1936.9892	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
436.2429 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	666.3340 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	871.4785	y <sub>9</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1331.6607	b <sub>11</sub>	2034.9661	MH
436.7049 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	675.3573	y <sub>7</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	872.4026	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1355.743	y <sub>13</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
438.2459	y <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	678.3751 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	881.9424 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1401.7736	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
439.1701	y <sub>3</sub>	701.3905 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	882.4045 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1402.6978	b <sub>12</sub>		

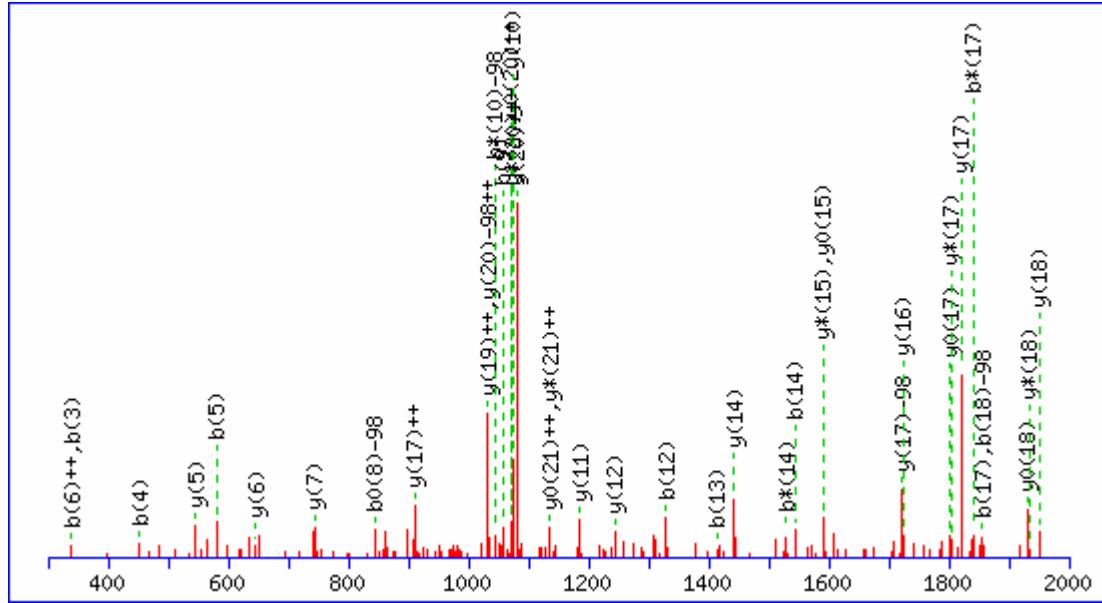
MS/MS Fragmentation of IKTEPsPLSDPSDIIR  
 Found in IPI00008137, Zinc finger protein 295



88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	412.1835 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	666.8078 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	862.4467 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1365.7009	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
121.5968 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	451.7325 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	683.3541 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	880.9213 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1366.625	y <sub>12</sub>
144.6051 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	460.7099 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	683.8161 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	902.4578	y <sub>8</sub>	1419.6403	b <sub>13</sub>
172.1206 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	468.2635 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	700.3988	y <sub>6</sub>	911.4351 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1436.6904	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	472.2766	b <sub>4</sub>	710.3238 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	918.9887 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1463.6778	y <sub>13</sub>
201.1472 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	508.2746 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	718.8488 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	920.4125	b <sub>8</sub>	1494.7435	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
236.6419 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	511.7795 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	725.3828	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	935.5197	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1534.6673	b <sub>14</sub>
242.1863	b <sub>2</sub>	516.314	y <sub>4</sub>	732.3425 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	967.9772 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1549.7744	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
258.6606 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	517.2519 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	736.3277	b <sub>6</sub>	1015.5419	y <sub>9</sub>	1592.7204	y <sub>14</sub>
285.1683 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	556.8009 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	747.8754 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1022.5517	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1595.7911	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
288.203	y <sub>2</sub>	560.7679 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	767.8373 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1033.4966	b <sub>9</sub>	1647.7513	b <sub>15</sub>
302.1767 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	569.2930 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	775.3909 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1112.5946	y <sub>10</sub>	1662.8585	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
319.6790 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	569.3293	b <sub>5</sub>	796.8638 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1120.5286	b <sub>10</sub>	1693.768	y <sub>15</sub>
343.234	b <sub>3</sub>	600.3170 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	798.3992 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1137.5786	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1723.8861	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
350.7030 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	603.3461	y <sub>5</sub>	815.4258	y <sub>7</sub>	1199.6266	y <sub>11</sub>	1760.8354	b <sub>16</sub>
363.1951 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	617.8193 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	822.4356	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1234.6314	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1821.863	y <sub>16</sub>
368.6675 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	618.2814 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	823.3597	b <sub>7</sub>	1235.5555	b <sub>11</sub>	1836.9702	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
401.2871	y <sub>3</sub>	634.8277 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	824.3793 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1268.6481	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1934.9471	MH
408.2165 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	638.3508	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	831.9329 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1321.6634	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
411.7214 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	661.3353 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	847.3877 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1332.6083	b <sub>12</sub>		

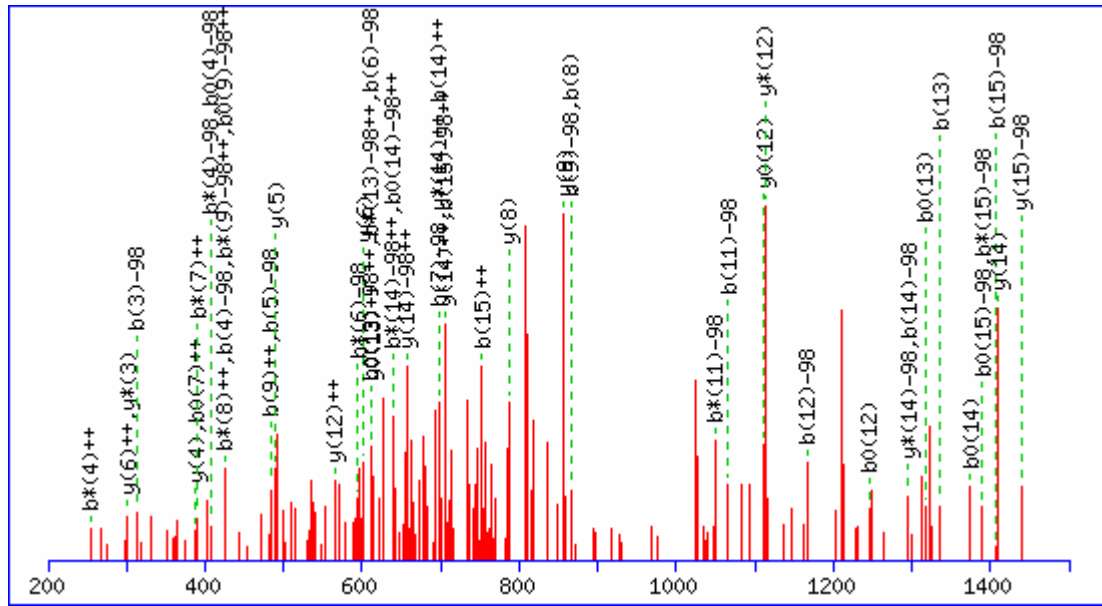


MS/MS Fragmentation of IQPLEPDsPTGLSENPTPATEK  
 Found in IPI00008137, Zinc finger protein 295



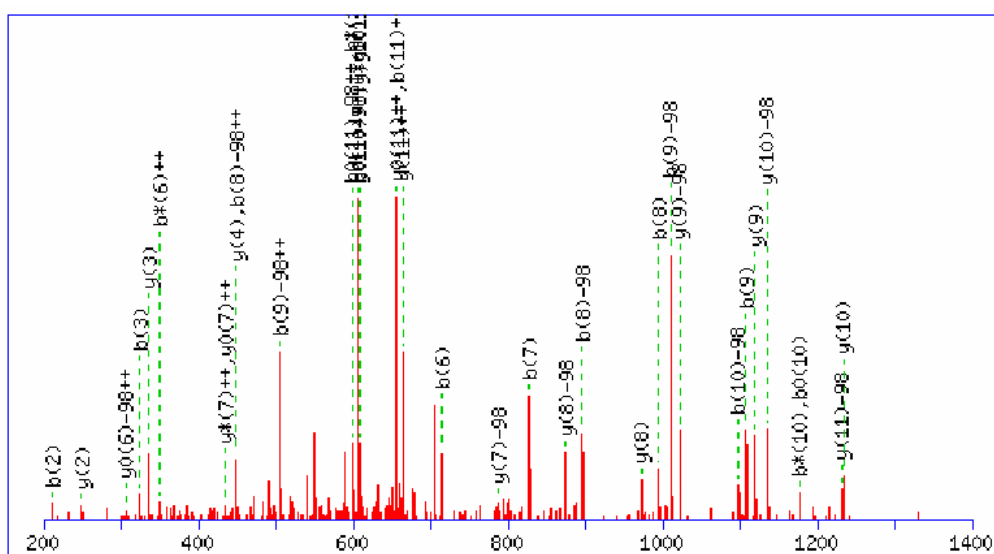
74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	593.8011 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	975.4224 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1317.6685	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1855.9072	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
138.5813 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	622.3119 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	982.9760 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1328.6134	b <sub>12</sub>	1856.8314	b <sub>17</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	646.3406	y <sub>6</sub>	986.4789	y <sub>9</sub>	1344.6642	y <sub>13</sub>	1926.9443	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
189.1052 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	672.8357 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1031.5024 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1415.6454	b <sub>13</sub>	1949.8376	y <sub>18</sub>
224.6237 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	678.3821	b <sub>6</sub>	1031.9645 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1441.7169	y <sub>14</sub>	1953.8841	b <sub>18</sub>
242.1499	b <sub>2</sub>	721.3621 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1057.4602	b <sub>9</sub>	1446.7111	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1964.9447	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
273.1501 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	743.3934	y <sub>7</sub>	1060.531	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1510.7384	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2024.9212	b <sub>19</sub>
276.1554	y <sub>2</sub>	755.8728 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1073.5109	y <sub>10</sub>	1544.688	b <sub>14</sub>	2027.992	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
323.6740 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	793.409	b <sub>7</sub>	1080.4908 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1560.754	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2061.9975	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
339.2027	b <sub>3</sub>	804.8613 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1095.5317 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1608.7153	y <sub>15</sub>	2062.9216	y <sub>19</sub>
372.2003 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	813.3863 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1117.5524	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1625.7653	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2125.9689	b <sub>20</sub>
377.2031	y <sub>3</sub>	857.4363	y <sub>8</sub>	1144.5201 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1657.8068	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2157.0346	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
429.2218 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	861.9127 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1152.0737 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1658.7309	b <sub>15</sub>	2159.9744	y <sub>20</sub>
448.2402	y <sub>4</sub>	862.3747 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1158.5078	b <sub>10</sub>	1722.8181	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2190.0561	y <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
452.2867	b <sub>4</sub>	862.4305	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1186.595	y <sub>11</sub>	1723.7422	y <sub>16</sub>	2255.0115	b <sub>21</sub>
493.7431 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	910.9011 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1201.0622 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1755.7837	b <sub>16</sub>	2288.033	y <sub>21</sub>
537.2591 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	926.4340 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1215.5293	b <sub>11</sub>	1758.8545	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2303.1401	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
545.293	y <sub>5</sub>	959.4833	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1230.6365	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1820.795	y <sub>17</sub>	2401.117	MH
581.3293	b <sub>5</sub>	960.4074	b <sub>8</sub>	1243.6165	y <sub>12</sub>	1851.8607	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

MS/MS Fragmentation of NQsLGQSAPSLTAGLK  
 Found in IPI00480046, Isoform 2 of Microtubule-associated serine/threonine-protein kinase 2



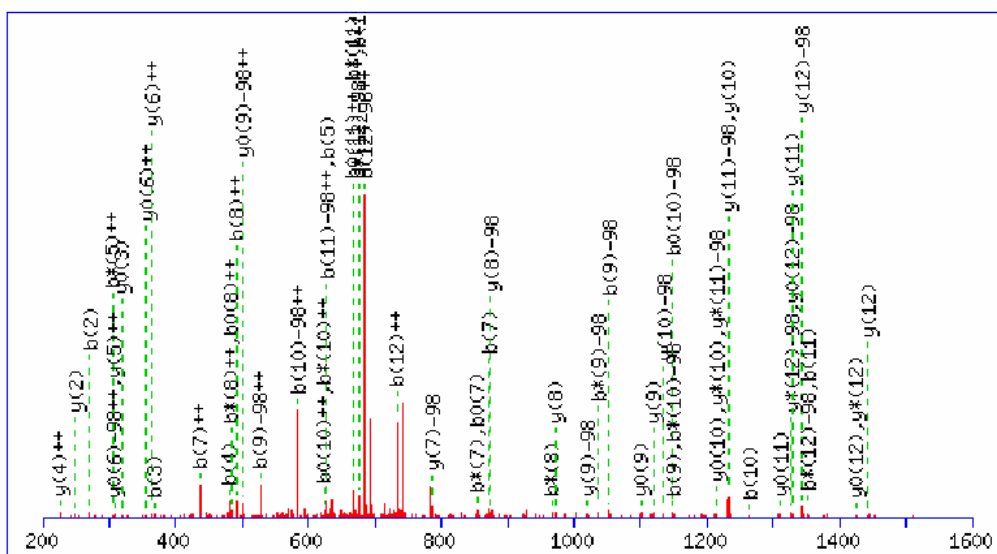
74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	393.7396 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	621.8563 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	857.5091	y <sub>9</sub>	1242.7052	y <sub>13</sub>
130.6021 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	410.1071	b <sub>3</sub>	656.3670 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	865.4163	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1264.5569	b <sub>12</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	425.2143	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	689.4192	y <sub>7</sub>	866.3404	b <sub>8</sub>	1294.6386	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
159.1128 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	429.2582 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	697.3264	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	944.5411	y <sub>10</sub>	1311.7267	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
194.6314 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	472.7742 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	705.3554 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	952.4483	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1335.594	b <sub>13</sub>
243.1088	b <sub>2</sub>	482.2358	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	708.2712	b <sub>6</sub>	963.3932	b <sub>9</sub>	1392.6155	b <sub>14</sub>
245.1552 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	489.3031	y <sub>5</sub>	720.3963 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1050.4252	b <sub>10</sub>	1407.7227	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
260.1969	y <sub>2</sub>	523.1912	b <sub>4</sub>	768.3635	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1065.5323	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1409.7036	y <sub>14</sub>
301.6972 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	536.8035 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	769.3847 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1072.5997	y <sub>11</sub>	1439.7853	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
312.1302	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	565.3142 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	777.4177 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1129.6212	y <sub>12</sub>	1505.6996	b <sub>15</sub>
317.2183	y <sub>3</sub>	580.2127	b <sub>5</sub>	786.472	y <sub>8</sub>	1163.5092	b <sub>11</sub>	1537.7622	y <sub>15</sub>
345.2132 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	602.3872	y <sub>6</sub>	795.3033	b <sub>7</sub>	1166.58	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1553.8282	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
388.2554	y <sub>4</sub>	610.2944	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	826.4062 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1237.6171	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1651.8051	MH

MS/MS Fragmentation of LPIFSRLsISDD  
 Found in IPI00026947, Butyrate response factor 2



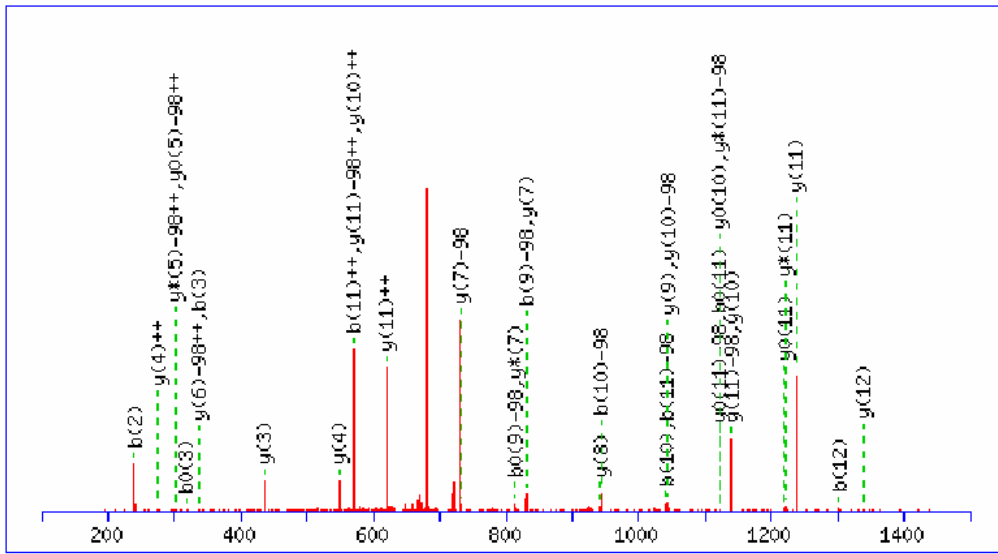
134.0448	$y_1$	471.2966	$b_4$	606.3428 <sup>+2</sup>	$b_{11}\text{-H}_3\text{PO}_4^{+2}$	827.5138	$b_7$	1194.6282	$b_{10}$
211.1441	$b_2$	486.7053 <sup>+2</sup>	$y_8^{+2}$	616.1862	$y_5$	874.4265	$y_8\text{-H}_3\text{PO}_4$	1211.6783	$b_{11}\text{-H}_3\text{PO}_4$
249.0717	$y_2$	497.7597 <sup>+2</sup>	$b_8^{+2}$	616.3195 <sup>+2</sup>	$y_{11}\text{-H}_3\text{PO}_4^{+2}$	885.3714	$y_7$	1231.6317	$y_{11}\text{-H}_3\text{PO}_4$
324.2282	$b_3$	505.3133 <sup>+2</sup>	$b_9\text{-H}_3\text{PO}_4^{+2}$	616.7816 <sup>+2</sup>	$y_{10}^{+2}$	896.5352	$b_8\text{-H}_3\text{PO}_4$	1232.5559	$y_{10}$
336.1038	$y_3$	511.2511 <sup>+2</sup>	$y_9\text{-H}_3\text{PO}_4^{+2}$	631.2933	$y_6\text{-H}_3\text{PO}_4$	972.4034	$y_8$	1309.6552	$b_{11}$
357.7185 <sup>+2</sup>	$b_6^{+2}$	518.2093	$y_5\text{-H}_3\text{PO}_4$	655.3312 <sup>+2</sup>	$b_{11}^{+2}$	994.5121	$b_8$	1329.6086	$y_{11}$
394.2009 <sup>+2</sup>	$y_7\text{-H}_3\text{PO}_4^{+2}$	548.8293 <sup>+2</sup>	$b_{10}\text{-H}_3\text{PO}_4^{+2}$	665.3080 <sup>+2</sup>	$y_{11}^{+2}$	1009.6193	$b_9\text{-H}_3\text{PO}_4$	1344.7158	$\text{MH}\text{-H}_3\text{PO}_4$
414.2605 <sup>+2</sup>	$b_7^{+2}$	554.3017 <sup>+2</sup>	$b_9^{+2}$	672.8615 <sup>+2</sup>	$\text{MH}\text{-H}_3\text{PO}_4^{+2}$	1021.4949	$y_9\text{-H}_3\text{PO}_4$	1442.6927	$\text{MH}$
437.7169 <sup>+2</sup>	$y_8\text{-H}_3\text{PO}_4^{+2}$	558.3286	$b_5$	714.4297	$b_6$	1096.6513	$b_{10}\text{-H}_3\text{PO}_4$		
443.1893 <sup>+2</sup>	$y_7^{+2}$	560.2395 <sup>+2</sup>	$y_9^{+2}$	721.8500 <sup>+2</sup>	$\text{MH}^{+2}$	1107.5962	$b_9$		
448.7713 <sup>+2</sup>	$b_8\text{-H}_3\text{PO}_4^{+2}$	567.7931 <sup>+2</sup>	$y_{10}\text{-H}_3\text{PO}_4^{+2}$	729.2702	$y_6$	1119.4718	$y_9$		
449.1878	$y_4$	597.8178 <sup>+2</sup>	$b_{10}^{+2}$	787.3945	$y_7\text{-H}_3\text{PO}_4$	1134.579	$y_{10}\text{-H}_3\text{PO}_4$		

MS/MS Fragmentation of RLPIFSRLsISDD  
 Found in IPI00026947, Butyrate response factor 2



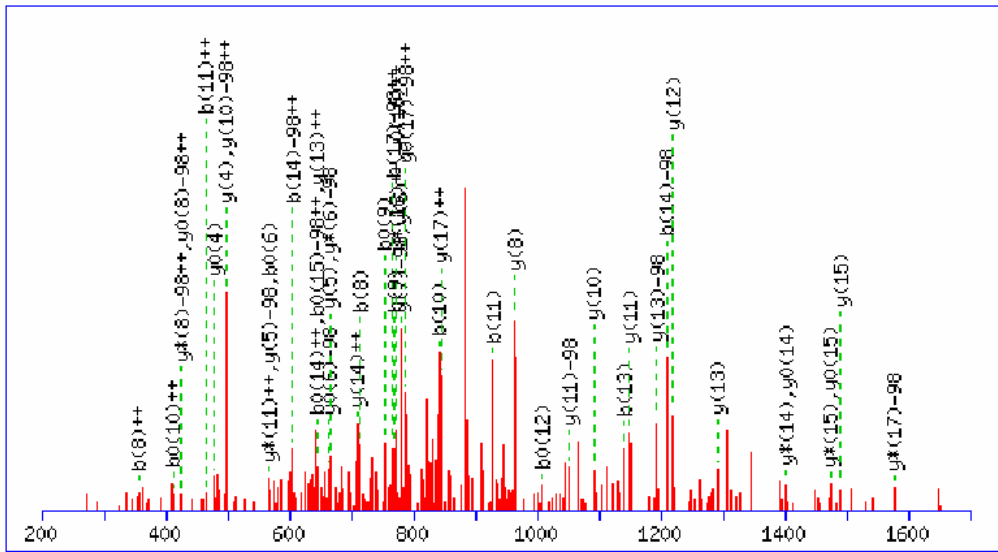
134.0448	y <sub>1</sub>	449.1878	y <sub>4</sub>	626.8799 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	799.9005 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1252.7525	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
135.5999 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	480.3293	b <sub>4</sub>	627.3977	b <sub>5</sub>	870.5308	b <sub>7</sub>	1263.6973	b <sub>10</sub>
184.1262 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	486.7053 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	631.2933	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	874.4265	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1329.6086	y <sub>11</sub>
240.6683 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	492.3111 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	632.3523 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	885.3714	y <sub>7</sub>	1344.7158	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
249.0717	y <sub>2</sub>	511.2511 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	665.3080 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	972.4034	y <sub>8</sub>	1350.7293	b <sub>11</sub>
270.1925	b <sub>2</sub>	518.2093	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	672.8615 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	983.6149	b <sub>8</sub>	1367.7794	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
314.2025 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	526.8218 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	675.8683 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	1021.4949	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1442.6927	y <sub>12</sub>
336.1038	y <sub>3</sub>	560.2395 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	684.3933 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1052.6364	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1465.7563	b <sub>12</sub>
357.7185 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	567.7931 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	714.4297	b <sub>6</sub>	1119.4718	y <sub>9</sub>	1500.8169	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
367.2452	b <sub>3</sub>	575.8103 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	721.8500 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1134.579	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1598.7938	MH
394.2009 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	583.3639 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	729.2702	y <sub>6</sub>	1150.6133	b <sub>9</sub>		
435.7691 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	616.1862	y <sub>5</sub>	733.3818 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1165.7204	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
437.7169 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	616.3195 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	750.9121 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1231.6317	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
443.1893 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	616.7816 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	787.3945	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1232.5559	y <sub>10</sub>		

MS/MS Fragmentation of HTPPTIGGsLPYR  
 Found in IPI00299588, ArgBPIB protein



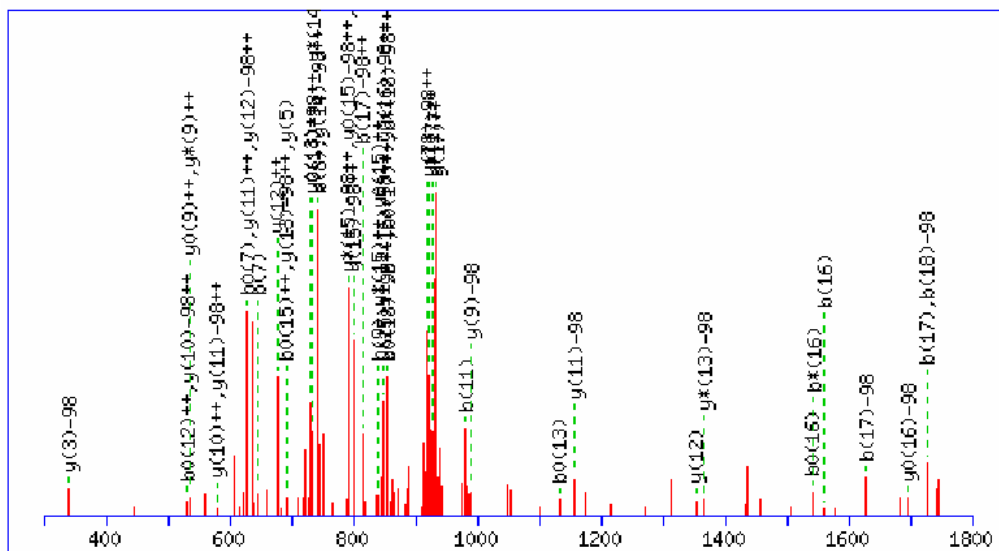
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	352.6899 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	521.2419 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	674.362	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1040.5524	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
120.0606 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	358.1624 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	521.7876 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	689.3673 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1041.4765	b <sub>10</sub>
168.5870 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	366.1954 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	522.2497 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	704.3726	b <sub>7</sub>	1042.568	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
169.5948 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	381.2007 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	534.2671	b <sub>5</sub>	715.3175	y <sub>5</sub>	1043.4921	y <sub>9</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	386.6731 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	548.3191	y <sub>4</sub>	731.3835	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1138.5293	b <sub>11</sub>
217.1133 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	415.1838 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	569.7683 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	738.3558 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1139.6208	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
218.1212 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	415.7114 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	570.3140 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	761.3941	b <sub>8</sub>	1140.5449	y <sub>10</sub>
239.1139	b <sub>2</sub>	422.7374 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	570.7761 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	772.3389	y <sub>6</sub>	1203.6157	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
267.6372 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	433.2194	b <sub>4</sub>	602.3115 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	829.3604	y <sub>7</sub>	1237.5977	y <sub>11</sub>
274.6632 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	435.235	y <sub>3</sub>	617.3406	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	830.4155	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1240.6684	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
309.1739 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	464.6998 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	619.3025 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	844.4676	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1301.5926	b <sub>12</sub>
324.1792 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	471.7259 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	620.8379 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	928.3924	b <sub>9</sub>	1338.6453	y <sub>12</sub>
336.1666	b <sub>3</sub>	472.2534 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	647.3511	b <sub>6</sub>	942.4445	y <sub>8</sub>	1377.7274	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
337.6847 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	473.2613 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	651.2999 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	943.4996	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1475.7043	MH
338.1823	y <sub>2</sub>	520.7798 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	669.8263 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	945.5152	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

MS/MS Fragmentation of LEAAEAAGGASPDsPPER  
 Found in IPI00420019, Isoform 1 of Protein Dos



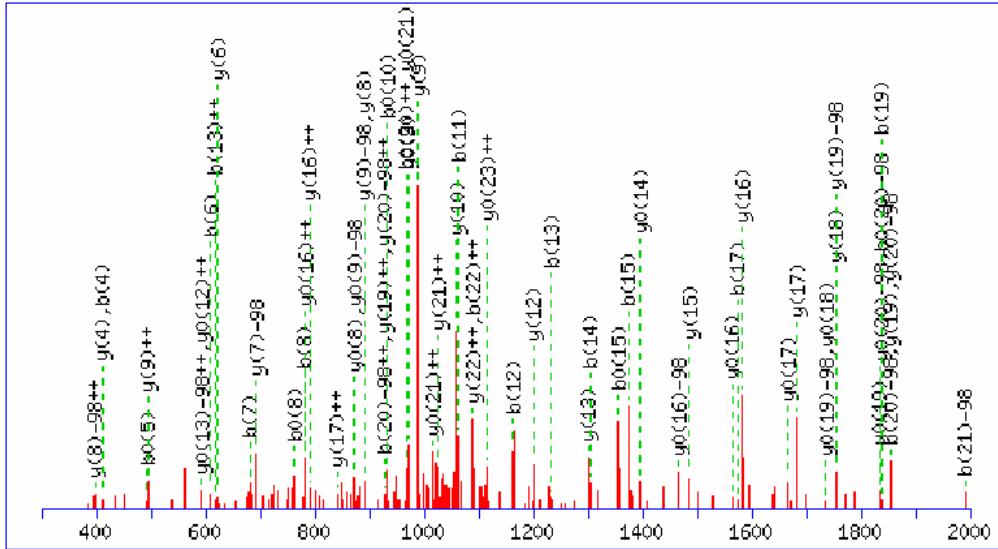
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	469.2223 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	665.2654	y <sub>5</sub>	902.8911 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1307.5151	b <sub>14</sub>
152.5844 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	482.6922 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	682.3155	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	928.4371	b <sub>11</sub>	1322.5971	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	497.7331 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	697.3208 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	937.4374	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1393.6342	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
201.1108 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	498.2671	y <sub>4</sub>	710.7907 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	964.3772	y <sub>8</sub>	1403.6437	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
243.1339	b <sub>2</sub>	514.2508	b <sub>5</sub>	713.3464	b <sub>8</sub>	994.4588	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1404.5679	b <sub>15</sub>
249.6372 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	518.2108 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	732.8393 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1025.4898	b <sub>12</sub>	1420.574	y <sub>14</sub>
284.1479 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	526.2438 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	746.3092 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1035.4143	y <sub>9</sub>	1464.6714	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
304.1615	y <sub>2</sub>	546.7215 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	770.3679	b <sub>9</sub>	1051.4803	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1491.6111	y <sub>15</sub>
314.171	b <sub>3</sub>	561.7624 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	779.3682	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1092.4357	y <sub>10</sub>	1501.6206	b <sub>16</sub>
333.1364 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	567.2885	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	780.2924	y <sub>6</sub>	1122.5174	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1532.6863	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
341.6614 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	575.2322 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	781.8278 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1140.5168	b <sub>13</sub>	1562.6483	y <sub>16</sub>
385.2082	b <sub>4</sub>	585.2879	b <sub>6</sub>	797.3606 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1149.4572	y <sub>11</sub>	1593.714	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
390.1878 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	597.2809 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	841.405	b <sub>10</sub>	1193.5545	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1630.6632	b <sub>17</sub>
390.6498 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	610.7508 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	846.3491 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1209.5382	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1691.6908	y <sub>17</sub>
401.2143	y <sub>3</sub>	646.2694 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	853.9026 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1220.4943	y <sub>12</sub>	1706.798	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
433.7038 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	656.325	b <sub>7</sub>	866.4003	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1291.5314	y <sub>13</sub>	1804.7749	MH
439.1762 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	661.8022 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	877.3451	y <sub>7</sub>	1306.591	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

MS/MS Fragmentation of GAGDDTEPPAAPRPRsPR  
 Found in IPI00420019, Isoform 1 of Protein Dos



88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	460.2347 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	742.9077 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	921.9639 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1481.7373	y <sub>13</sub>
129.0659	b <sub>2</sub>	495.2912 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	743.2842	b <sub>8</sub>	935.4338 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1484.8081	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
136.5895 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	497.2943	y <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	750.4482	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	950.4746 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1559.7561	b <sub>16</sub>
171.1002 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	508.7611 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	780.3817 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	970.9524 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1582.785	y <sub>14</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	517.1889	b <sub>6</sub>	791.8961 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	982.4112	b <sub>11</sub>	1599.835	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
186.0873	b <sub>3</sub>	530.8098 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	800.4211 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	989.5752	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1628.7776	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
220.0887 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	544.2797 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	814.8924 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	999.4631 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1697.8119	y <sub>15</sub>
249.1508 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	579.3362 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	821.4853	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1016.5149	y <sub>8</sub>	1714.862	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
272.1717	y <sub>2</sub>	579.7982 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	840.337	b <sub>9</sub>	1060.6123	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1725.8303	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
297.6772 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	594.3471	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	848.4251	y <sub>6</sub>	1079.464	b <sub>12</sub>	1726.7545	b <sub>17</sub>
298.1392 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	595.2712	y <sub>4</sub>	849.4096 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1087.5521	y <sub>9</sub>	1771.8834	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
301.1143	b <sub>4</sub>	627.8625 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	857.9346 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1150.5011	b <sub>13</sub>	1812.8389	y <sub>16</sub>
341.1932	y <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	628.3246 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	863.4188 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1157.665	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1823.8072	b <sub>18</sub>
346.6656 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	646.2315	b <sub>7</sub>	863.8809 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1158.5892	y <sub>10</sub>	1842.9205	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
375.7277 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	653.8047 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	886.4453 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1254.7178	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1869.8603	y <sub>17</sub>
411.2463 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	676.8510 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	906.9231 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1255.6419	y <sub>11</sub>	1899.942	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
416.1412	b <sub>5</sub>	692.3239	y <sub>5</sub>	911.3741	b <sub>10</sub>	1306.6022	b <sub>14</sub>	1940.8974	y <sub>18</sub>
424.7162 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	692.3838 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	912.4072 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1352.6947	y <sub>12</sub>	1997.9189	MH
439.1701	y <sub>3</sub>	702.3311 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	918.538	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1383.7604	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
459.7727 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	741.3723 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	919.4622	y <sub>7</sub>	1403.655	b <sub>15</sub>		

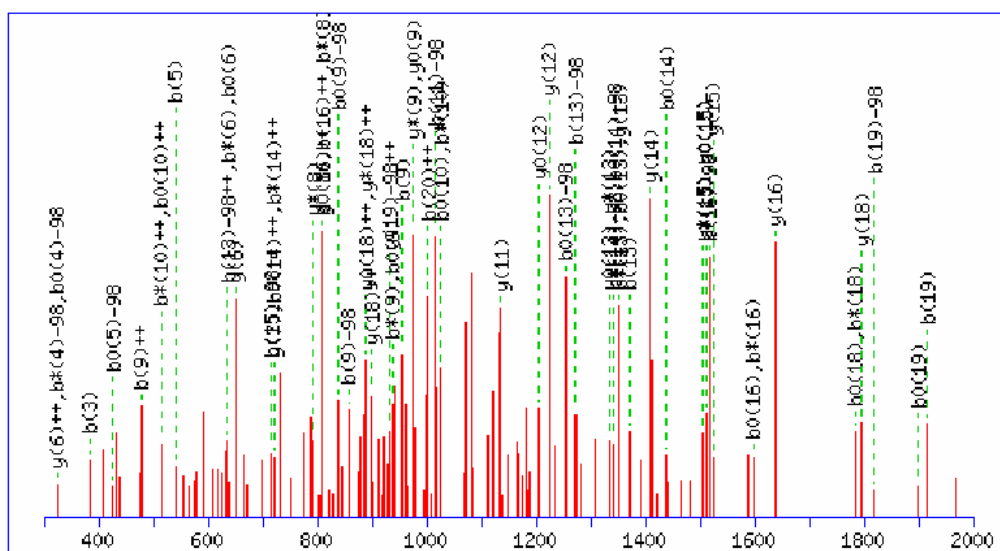
MS/MS Fragmentation of LAEPVVATPALVAAAPT<sub>s</sub>PDHSPA  
 Found in IPI00420019, Isoform 1 of Protein Dos



90.055	y <sub>1</sub>	601.2479 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	891.3244	y <sub>8</sub>	1132.5997 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1739.8979	b <sub>18</sub>
185.1285	b <sub>2</sub>	601.7937 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	926.9457 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1137.0643 <sup>+2</sup>	b <sub>23</sub> <sup>+2</sup>	1753.8157	y <sub>18</sub>
187.1077	y <sub>2</sub>	609.3606	b <sub>6</sub>	927.4914 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1161.6878	b <sub>12</sub>	1754.9072	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
206.1030 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	623.2784	y <sub>6</sub>	949.5353	b <sub>10</sub>	1181.5881 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1836.9507	b <sub>19</sub>
263.6164 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	650.7821 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	961.4374	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1201.4885	y <sub>12</sub>	1852.8841	y <sub>19</sub>
274.1397	y <sub>3</sub>	658.3357 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	976.0178 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1202.58	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1853.9756	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
312.1428 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	680.3978	b <sub>7</sub>	976.4799 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1232.7249	b <sub>13</sub>	1854.0007	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
314.171	b <sub>3</sub>	692.2998	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	988.3772	y <sub>9</sub>	1300.5569	y <sub>13</sub>	1951.0284	y <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
346.6536 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	693.8542 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	996.0335 <sup>+2</sup>	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1303.762	b <sub>14</sub>	1951.9525	y <sub>20</sub>
395.6420 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	707.3241 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1025.0063 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1315.6641	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1951.9776	b <sub>20</sub>
397.1774 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	742.3806 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1032.4745	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1374.7991	b <sub>15</sub>	1991.0597	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
411.1987	y <sub>4</sub>	742.8427 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1039.5495 <sup>+2</sup>	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1386.7012	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2049.0052	y <sub>21</sub>
411.2238	b <sub>4</sub>	781.4454	b <sub>8</sub>	1040.5391 <sup>+2</sup>	y <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1413.641	y <sub>14</sub>	2078.0917	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
445.7038 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	790.2767	y <sub>7</sub>	1045.0219 <sup>+2</sup>	b <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1471.8519	b <sub>16</sub>	2080.0709	y <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
446.1658 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	791.3691 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1059.4143	y <sub>10</sub>	1483.754	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2089.0365	b <sub>21</sub>
481.2223 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	792.9045 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1062.6194	b <sub>11</sub>	1484.6781	y <sub>15</sub>	2151.1081	y <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
494.6922 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	793.3475	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1076.0577 <sup>+2</sup>	y <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1572.8996	b <sub>17</sub>	2175.1444	b <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
510.2922	b <sub>5</sub>	828.4230 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1088.0759 <sup>+2</sup>	b <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1581.7309	y <sub>16</sub>	2176.0686	b <sub>22</sub>
516.7409 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	841.8929 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1088.5379 <sup>+2</sup>	b <sub>22</sub> <sup>+2</sup>	1584.8016	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2178.0478	y <sub>22</sub>
526.2256	y <sub>5</sub>	877.4115 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1089.5276 <sup>+2</sup>	y <sub>22</sub> <sup>+2</sup>	1641.921	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2249.085	y <sub>23</sub>
530.2108 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	877.9572 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1103.5116	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1655.8388	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2264.1921	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
552.2594 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	878.4982	b <sub>9</sub>	1125.0461 <sup>+2</sup>	y <sub>23</sub> <sup>+2</sup>	1682.7785	y <sub>17</sub>	2273.1213	b <sub>23</sub>
565.7293 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	890.4003	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1130.4514	y <sub>11</sub>	1738.9738	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2362.169	MH



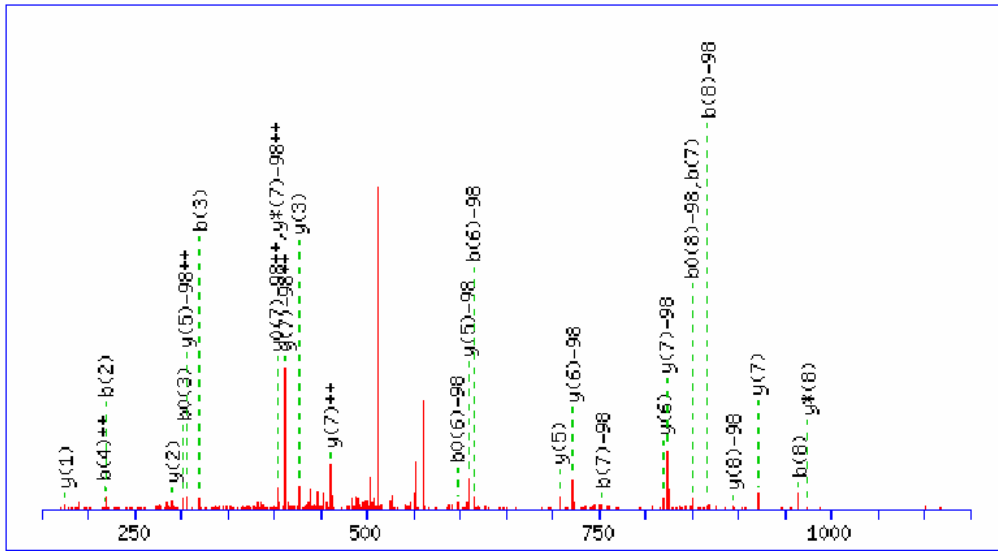
MS/MS Fragmentation of SQsGTLDGESAAWSASGEDSR  
 Found in IPI00028493, Isoform 1 of Tuberin



88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	497.7149 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	808.3432	y <sub>8</sub>	1086.4698	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1615.6272	b <sub>16</sub>
131.5791 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	506.2205	y <sub>4</sub>	819.3555 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1089.4346 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1637.7038	y <sub>16</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	533.2334 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	826.2979	b <sub>8</sub>	1113.4096	b <sub>11</sub>	1672.6487	b <sub>17</sub>
189.0926 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	541.1654	b <sub>5</sub>	857.3636	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1136.4967	y <sub>11</sub>	1703.7143	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
216.0979	b <sub>2</sub>	556.2726	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	869.8794 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1184.4467	b <sub>12</sub>	1738.7515	y <sub>17</sub>
253.6139 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	563.242	y <sub>5</sub>	898.3901 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1223.5287	y <sub>12</sub>	1795.7729	y <sub>18</sub>
262.151	y <sub>2</sub>	568.7520 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	932.9008 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1272.5491	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1801.6912	b <sub>18</sub>
282.1246 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	612.2680 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	944.3956	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1352.5713	y <sub>13</sub>	1818.7413	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
285.1193	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	650.274	y <sub>6</sub>	955.3404	b <sub>9</sub>	1359.5811	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1864.7944	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
325.6406 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	654.2494	b <sub>6</sub>	981.8893 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1370.526	b <sub>13</sub>	1905.7733	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
342.1408	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	671.2995	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	994.4225	y <sub>9</sub>	1409.5928	y <sub>14</sub>	1916.7182	b <sub>19</sub>
361.1592 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	676.7893 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	996.9301 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1430.6183	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1962.7713	y <sub>19</sub>
377.1779	y <sub>3</sub>	705.3000 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1015.4327	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1457.558	b <sub>14</sub>	1992.853	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
383.0962	b <sub>3</sub>	721.3111	y <sub>7</sub>	1040.4461 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1517.6503	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2003.7502	b <sub>20</sub>
404.6752 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	728.321	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1042.3725	b <sub>10</sub>	1524.6197	y <sub>15</sub>	2079.885	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
440.1177	b <sub>4</sub>	762.8135 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1045.9186 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1528.5952	b <sub>15</sub>	2090.8299	y <sub>20</sub>
443.1885	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	769.2764	b <sub>7</sub>	1065.4596	y <sub>10</sub>	1574.6718	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2177.8619	MH

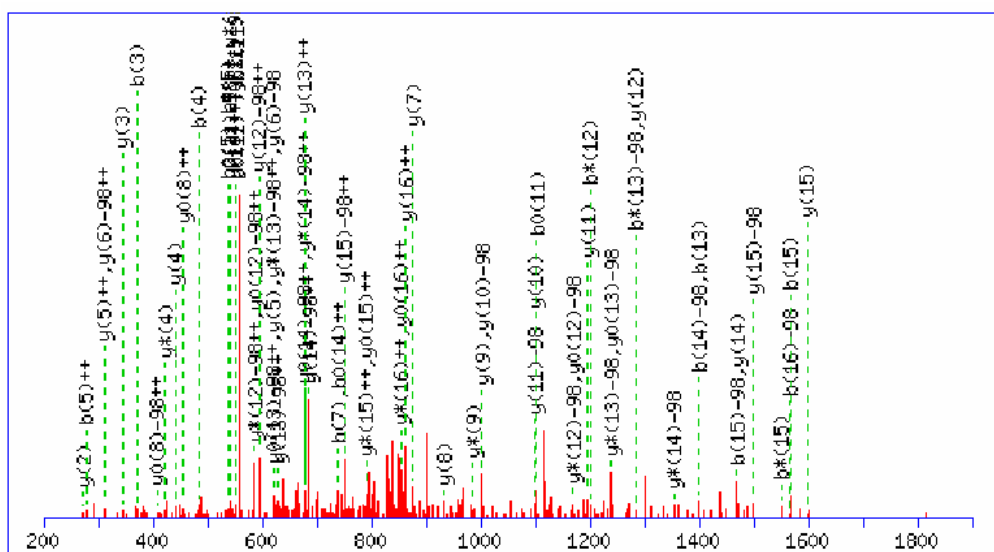


MS/MS Fragmentation of FATLsLHDR  
 Found in IPI00290950, Hypothetical protein DKFZp686P0251



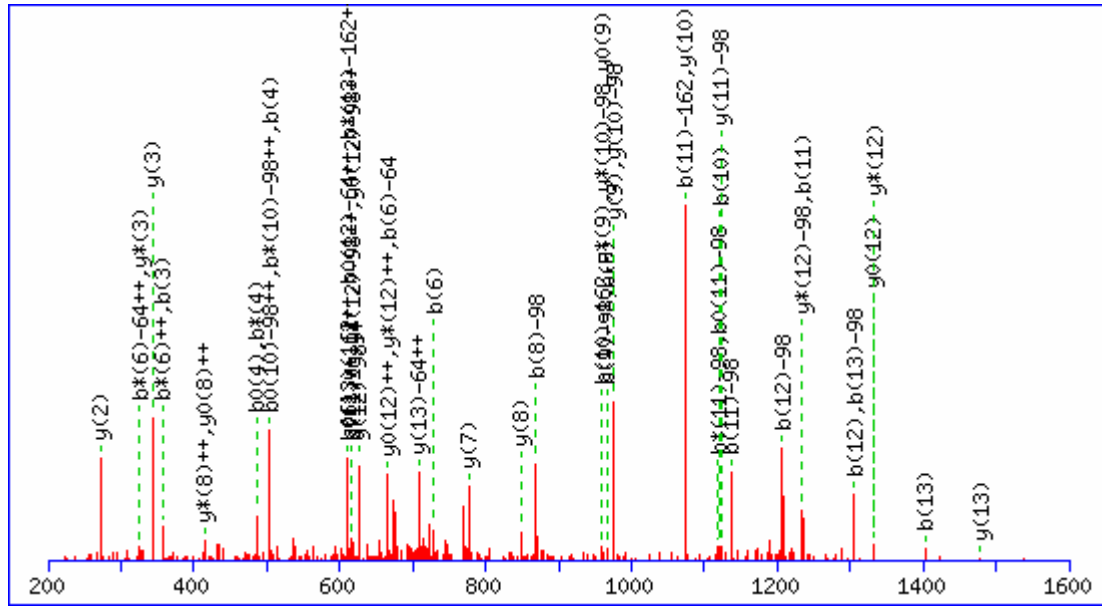
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	354.1473 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	447.7432 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	609.3103	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	867.4359	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
145.5766 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	361.7008 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	461.2131 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	615.3501	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	894.4792	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	376.7081 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	483.2101 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	707.2872	y <sub>5</sub>	921.419	y <sub>7</sub>
214.1060 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	410.6893 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	496.7317 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	713.327	b <sub>6</sub>	965.4128	b <sub>8</sub>
219.1128	b <sub>2</sub>	412.2247 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	502.266	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	722.3944	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	992.4561	y <sub>8</sub>
270.6481 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	425.6966 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	521.2774 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	752.409	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1041.5476	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
290.1459	y <sub>2</sub>	427.2048	y <sub>3</sub>	540.2889	y <sub>4</sub>	820.3713	y <sub>6</sub>	1139.5245	MH
305.1588 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	433.2445	b <sub>4</sub>	570.2659 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	823.4421	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
320.1605	b <sub>3</sub>	434.2216 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	600.2429	b <sub>5</sub>	850.3859	b <sub>7</sub>		

MS/MS Fragmentation of LQELASPPAGRptPAPR  
 Found in IPI00174962, Molecule interacting with Rab13



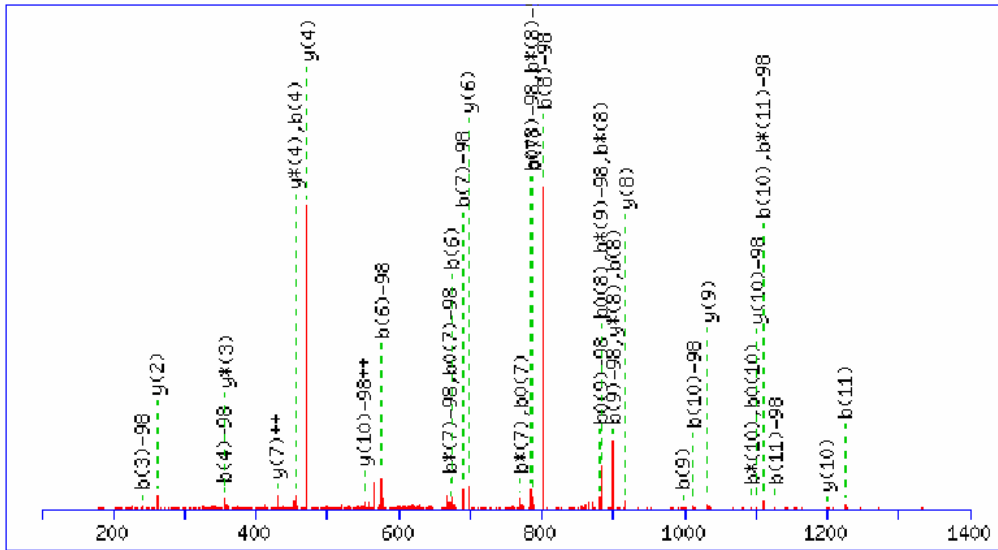
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	466.2291 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	677.8350 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	862.9276 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1300.7008	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
136.5895 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	484.2766	b <sub>4</sub>	685.3886 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	870.4812 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1354.6627	y <sub>13</sub>
172.1081 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	501.2856 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	699.3804 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	874.4295	y <sub>7</sub>	1369.7699	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	501.7477 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	699.8425 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	904.5112	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1397.7536	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
220.6344 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	523.2987	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	718.3284	y <sub>6</sub>	907.4884	b <sub>9</sub>	1398.6777	b <sub>13</sub>
242.1499	b <sub>2</sub>	549.8120 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	734.3770 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	919.4696 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1467.7468	y <sub>14</sub>
262.1530 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	550.2740 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	734.8990 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	931.4509	y <sub>8</sub>	1468.7907	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
272.1717	y <sub>2</sub>	555.3137	b <sub>5</sub>	739.3985	b <sub>7</sub>	964.5098	b <sub>10</sub>	1495.7305	b <sub>14</sub>
310.6794 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	560.8091 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	748.3689 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1001.5639	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1498.8125	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
311.1414 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	593.3280 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	749.9099 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1002.4881	y <sub>9</sub>	1565.8435	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
343.2088	y <sub>3</sub>	598.8004 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	776.4526	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1098.6167	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1566.7676	b <sub>15</sub>
359.6678 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	609.3355 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	783.4254 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1099.5408	y <sub>10</sub>	1596.7894	y <sub>15</sub>
371.1925	b <sub>3</sub>	620.3515	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	783.8874 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1120.6109	b <sub>11</sub>	1626.8711	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
388.7299 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	621.2756	y <sub>5</sub>	798.8983 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1185.6487	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1663.8203	b <sub>16</sub>
417.2407 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	628.8466 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	813.9392 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1196.5936	y <sub>11</sub>	1724.848	y <sub>16</sub>
437.7184 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	642.3164 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	832.4138 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1217.6637	b <sub>12</sub>	1739.9551	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
440.2616	y <sub>4</sub>	642.3457	b <sub>6</sub>	833.474	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1256.6858	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1837.932	MH
452.7592 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	650.8540 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	836.4512	b <sub>8</sub>	1283.6256	y <sub>12</sub>		

MS/MS Fragmentation of VEQmPQAsPGLAPR  
 Found in IPI00174962, Molecule interacting with Rab13



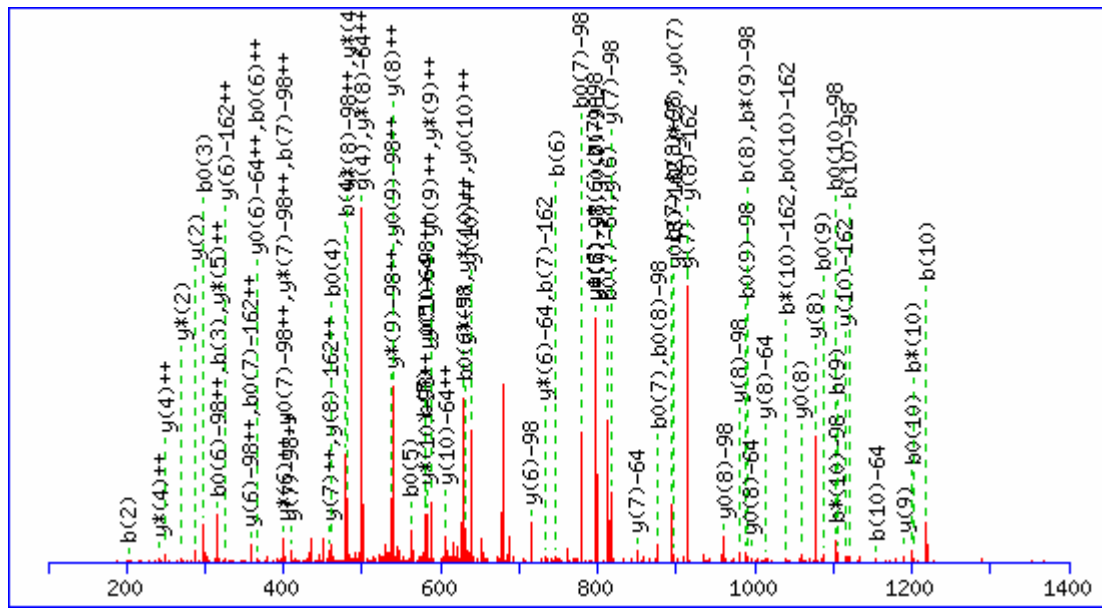
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	389.1864 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	625.8191 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	878.4843	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1234.5174	b <sub>11</sub>
136.5895 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	424.7049 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	674.8076 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	966.4349	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1250.631	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
172.1081 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	439.7458 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	679.3886	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	967.3591	b <sub>8</sub>	1304.6303	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	456.2929	y <sub>4</sub>	690.3404 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	975.537	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1305.5545	b <sub>12</sub>
228.6501 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	488.2722 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	729.3236	b <sub>6</sub>	976.4612	y <sub>9</sub>	1348.6079	y <sub>12</sub>
229.1183	b <sub>2</sub>	488.7342 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	739.3289 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1023.4564	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1379.6736	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
257.1608 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	504.2123	b <sub>4</sub>	739.8747 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1064.4118	b <sub>9</sub>	1402.6072	b <sub>13</sub>
272.1717	y <sub>2</sub>	513.3144	y <sub>5</sub>	750.4257	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1073.5139	y <sub>10</sub>	1477.6505	y <sub>13</sub>
305.6872 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	537.2606 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	777.3655	y <sub>7</sub>	1121.4333	b <sub>10</sub>	1478.742	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
340.1979 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	561.7899 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	788.8631 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1122.5724	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1576.7189	MH
343.2088	y <sub>3</sub>	601.265	b <sub>5</sub>	800.3607	b <sub>7</sub>	1136.5405	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
357.1769	b <sub>3</sub>	610.3671	y <sub>6</sub>	848.4026	y <sub>8</sub>	1207.5776	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
375.7165 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	610.7783 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	869.3822	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1220.5493	y <sub>11</sub>		

MS/MS Fragmentation of GNsDGYIIPINK  
 Found in IPI00017562, Isoform 2 of Latrophilin-2 precursor



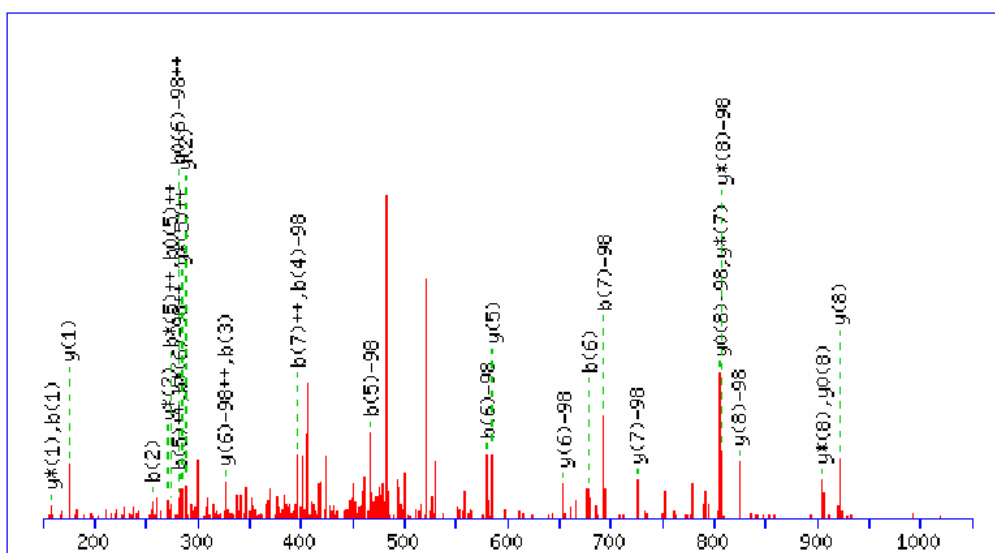
74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	349.2340 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	551.3006 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	697.4607	y <sub>6</sub>	1101.5939	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
131.0815 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	356.1201	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	576.2049	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	787.2658	b <sub>7</sub>	1110.4867	b <sub>10</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	374.2398	y <sub>3</sub>	584.3766	y <sub>5</sub>	802.373	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1126.5527	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
172.0717	b <sub>2</sub>	413.1415	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	600.2890 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	860.524	y <sub>7</sub>	1199.5708	y <sub>10</sub>
187.6235 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	430.7656 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	608.3220 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	899.4258	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1215.6368	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
236.1499 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	454.097	b <sub>4</sub>	636.8328 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	900.3499	b <sub>8</sub>	1224.5296	b <sub>11</sub>
241.0931	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	459.2764 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	657.3105 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	917.5455	y <sub>8</sub>	1272.6583	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
261.1557	y <sub>2</sub>	471.2926	y <sub>4</sub>	674.1818	b <sub>6</sub>	997.4027	b <sub>9</sub>	1313.6137	y <sub>11</sub>
292.6919 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	511.1184	b <sub>5</sub>	685.8212 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1012.5098	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1370.6352	MH
339.07	b <sub>3</sub>	516.7898 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	689.2889	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1032.5724	y <sub>9</sub>		

MS/MS Fragmentation of DSLYTsmPNLR  
 Found in IPI00017562, Isoform 2 of Latrophilin-2 precursor



88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	402.2459	y <sub>3</sub>	590.2950 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	813.3325	y <sub>6</sub>	1105.3908	b <sub>9</sub>
144.6051 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	407.1699 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	595.7674 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	816.4032	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1120.4979	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	408.7053 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	639.2834 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	893.3709	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1179.5827	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
201.6266 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	457.6937 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	646.3341	y <sub>5</sub>	894.2951	b <sub>7</sub>	1190.5275	y <sub>9</sub>
203.0662	b <sub>2</sub>	479.2136	b <sub>4</sub>	647.8084 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	914.3801	y <sub>7</sub>	1218.4748	b <sub>10</sub>
250.1530 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	490.2369 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	649.2828	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	979.4666	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1277.5596	y <sub>10</sub>
288.203	y <sub>2</sub>	499.2987	y <sub>4</sub>	696.7969 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	991.3478	b <sub>8</sub>	1294.6096	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
316.1503	b <sub>3</sub>	539.2254 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	715.3556	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1007.4139	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1392.5865	MH
323.6707 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	546.7790 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	747.2597	b <sub>6</sub>	1077.4435	y <sub>8</sub>		
358.1814 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	580.2613	b <sub>5</sub>	796.3182	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1092.5506	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

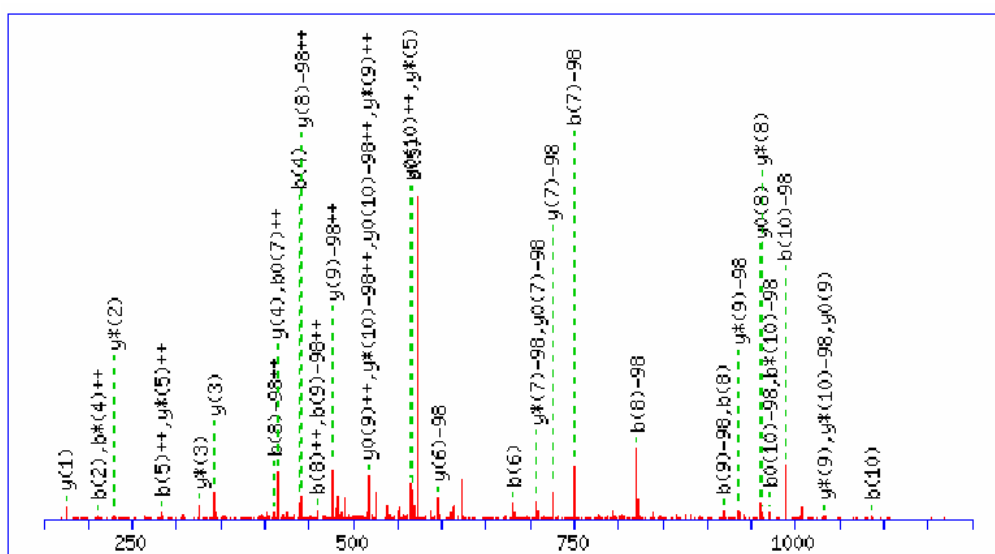
MS/MS Fragmentation of RVAsALLLR  
 Found in IPI00022240, Isoform 1 of NifU-like N-terminal domain-containing protein,  
 mitochondrial precursor



88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	257.6892 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	376.7069 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	490.8218 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	725.4668	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
128.5920 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	283.1283 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	396.2124 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	494.2123	b <sub>4</sub>	752.4066	y <sub>6</sub>
144.6051 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	288.203	y <sub>2</sub>	396.2354	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	514.3711	y <sub>4</sub>	791.4175	b <sub>7</sub>
164.1106 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	290.6819 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	401.2871	y <sub>3</sub>	539.8103 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	806.5247	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	293.2078 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	403.7660 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	565.2494	b <sub>5</sub>	823.4437	y <sub>7</sub>
198.6213 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	327.2139	b <sub>3</sub>	412.2255 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	580.3566	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	824.5352	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
201.1472 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	327.7185 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	412.7713 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	585.4083	y <sub>5</sub>	904.5016	b <sub>8</sub>
234.1399 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	339.6704 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	452.7544 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	654.4297	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	922.5121	y <sub>8</sub>
247.6098 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	347.2239 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	461.7597 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	678.3335	b <sub>6</sub>	980.6364	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
256.1768	b <sub>2</sub>	363.2371 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	467.2725	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	693.4406	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1078.6133	MH

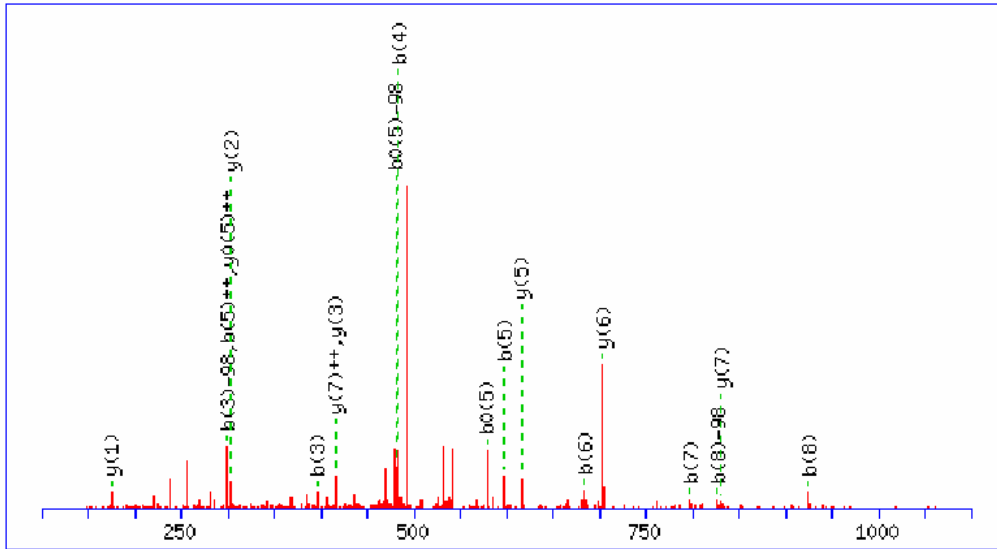


MS/MS Fragmentation of LPARELsAPAR  
 Found in IPI00022240, Isoform 1 of NifU-like N-terminal domain-containing protein,  
 mitochondrial precursor



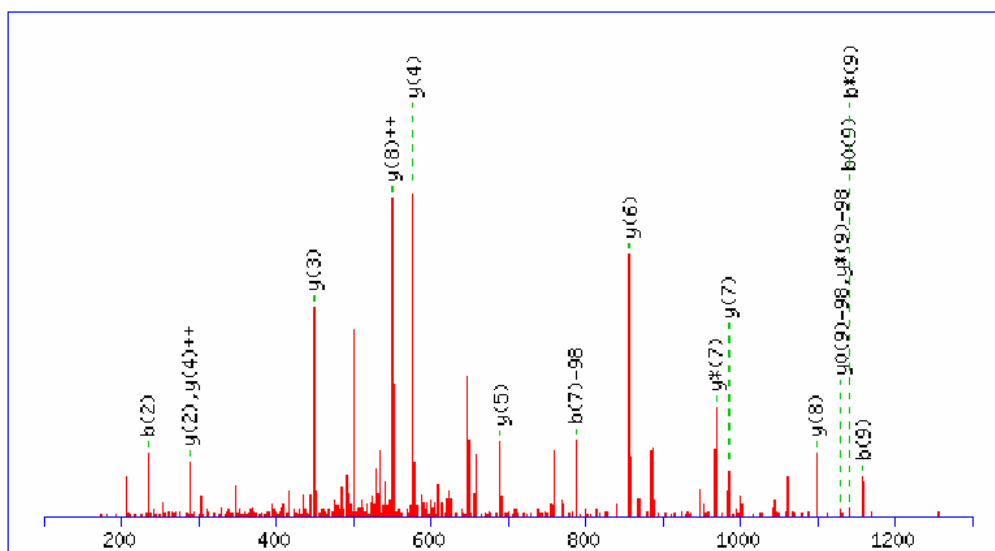
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	298.6794 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	459.2638 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	581.2443	y <sub>5</sub>	917.5203	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
123.5817 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	340.7081 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	459.7259 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	581.8382 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	918.4445	b <sub>8</sub>
172.1081 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	343.2088	y <sub>3</sub>	476.7698 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	596.3515	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	952.5323	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	347.6678 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	483.2674	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	630.8266 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	979.4721	y <sub>8</sub>
207.6266 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	363.2007 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	490.2397 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	680.409	b <sub>6</sub>	988.5574	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
211.1441	b <sub>2</sub>	375.2189 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	494.7824 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	694.3284	y <sub>6</sub>	1015.4972	b <sub>9</sub>
219.6448 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	410.7374 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	508.2522 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	725.3941	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1049.5851	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
242.1373 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	412.1891 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	525.2962 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	749.4304	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1050.5092	y <sub>9</sub>
246.1561	y <sub>2</sub>	414.2459	y <sub>4</sub>	525.7582 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	820.4676	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1086.5343	b <sub>10</sub>
282.1812	b <sub>3</sub>	424.2073 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	543.7708 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	823.371	y <sub>7</sub>	1147.5619	y <sub>10</sub>
284.1661 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	438.2823	b <sub>4</sub>	567.3249	b <sub>5</sub>	847.4073	b <sub>7</sub>	1162.6691	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
291.1258 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	441.2512 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	574.2846 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	881.4952	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1260.646	MH

MS/MS Fragmentation of StQSLSLQR  
 Found in IPI00398347, PREDICTED: hypothetical protein



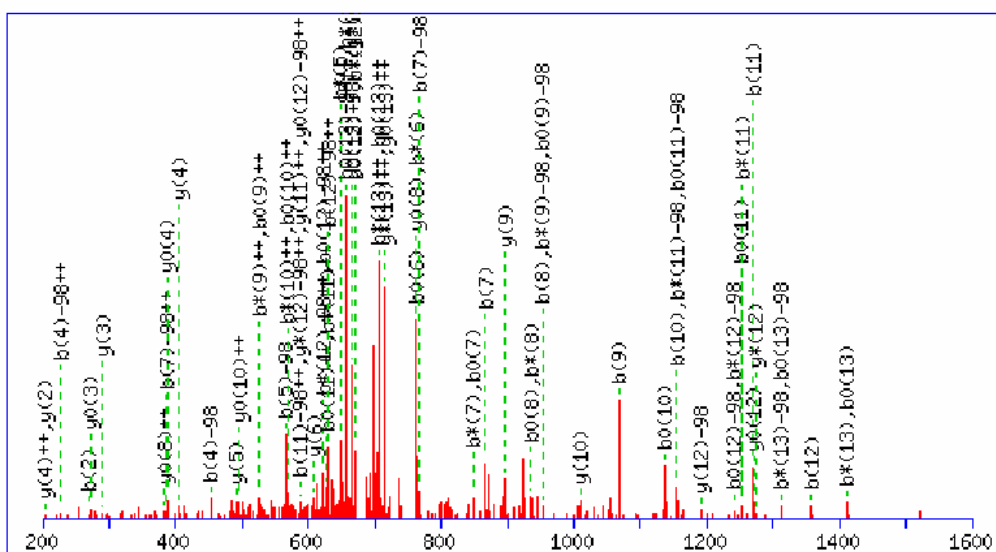
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	303.1775	y <sub>2</sub>	484.1439	b <sub>4</sub>	616.3777	y <sub>5</sub>	925.4027	b <sub>8</sub>
152.0924 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	308.6925 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	499.2511	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	684.26	b <sub>6</sub>	1001.5374	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
171.0764	b <sub>2</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	352.2085 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	501.2724 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	699.3672	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1012.4823	y <sub>8</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	386.167	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	503.2936	y <sub>4</sub>	703.4097	y <sub>6</sub>	1099.5143	MH
208.6344 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	397.1119	b <sub>3</sub>	506.7448 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	797.3441	b <sub>7</sub>		
252.1504 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	416.2378 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	550.2608 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	827.4258	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
269.0533	b <sub>2</sub>	416.2616	y <sub>3</sub>	586.2831	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	831.4683	y <sub>7</sub>		
299.135	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	457.7563 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	597.228	b <sub>5</sub>	914.5054	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

MS/MS Fragmentation of SFLQsLECLR  
 Found in IPI00398347, PREDICTED: hypothetical protein



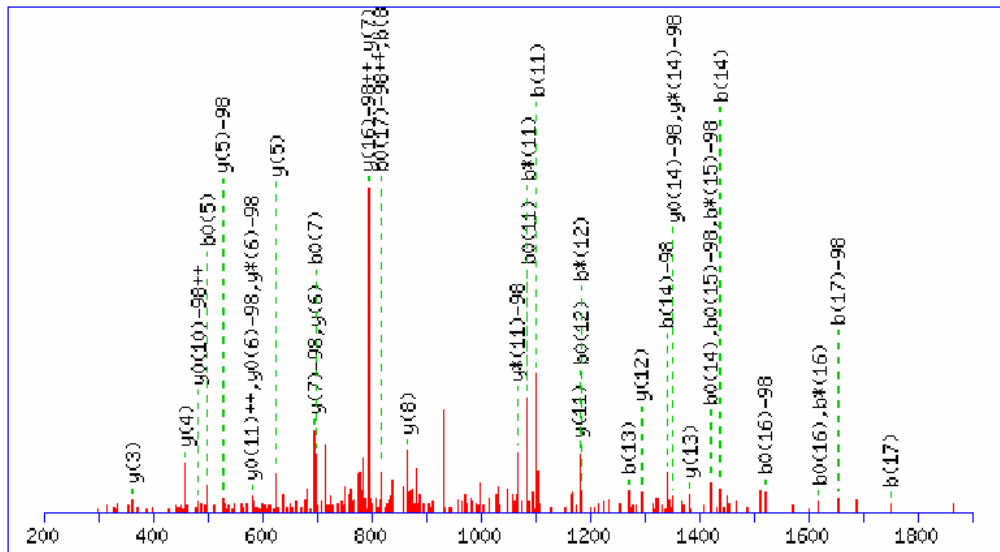
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	351.6838 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	545.2718	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	756.3328	b <sub>6</sub>	1003.4917	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
144.6051 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	391.2122	y <sub>3</sub>	545.7893 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	787.3985	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1041.4799	y <sub>8</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	400.6722 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	589.3053 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	800.3372	y <sub>6</sub>	1090.5714	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
196.1097 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	415.7131 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	594.7778 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	830.4189	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1101.4686	b <sub>9</sub>
235.1077	b <sub>2</sub>	464.7015 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	633.3389	y <sub>5</sub>	885.3754	b <sub>7</sub>	1177.6034	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
260.6310 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	472.2551 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	638.2938 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	890.4077	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1188.5483	y <sub>9</sub>
288.203	y <sub>2</sub>	476.2504	b <sub>4</sub>	643.2487	b <sub>5</sub>	928.3958	y <sub>7</sub>	1275.5803	MH
317.1731 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	520.2548	y <sub>4</sub>	658.3559	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	943.503	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
348.1918	b <sub>3</sub>	521.2436 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	702.3603	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	988.3846	b <sub>8</sub>		

MS/MS Fragmentation of LRNsLDSSSDSDSAL  
 Found in IPI00398347, PREDICTED: hypothetical protein



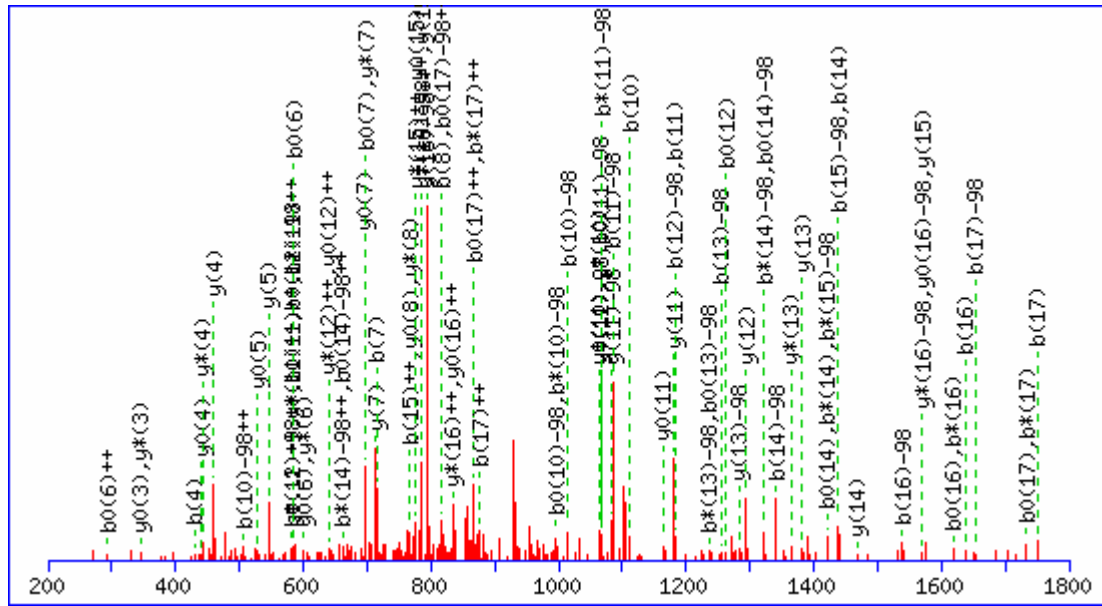
132.1019	$y_1$	405.198	$y_4$	630.2786 <sup>+2</sup>	$b_{12}\text{-H}_3\text{PO}_4^{+2}$	781.321	$y_8$	1259.5498	$b_{12}\text{-H}_3\text{PO}_4$
135.5999 <sup>+2</sup>	$b_2^{+2}$	428.2196 <sup>+2</sup>	$b_8\text{-H}_3\text{PO}_4^{+2}$	635.7510 <sup>+2</sup>	$b_{11}^{+2}$	855.4319	$b_8\text{-H}_3\text{PO}_4$	1270.4947	$b_{11}$
192.6213 <sup>+2</sup>	$b_3^{+2}$	433.6920 <sup>+2</sup>	$b_7^{+2}$	664.3178	$b_5$	866.3768	$b_7$	1290.4733	$y_{12}$
203.139	$y_2$	453.2568	$b_4\text{-H}_3\text{PO}_4$	665.7971 <sup>+2</sup>	$b_{13}\text{-H}_3\text{PO}_4^{+2}$	896.348	$y_9$	1330.587	$b_{13}\text{-H}_3\text{PO}_4$
227.1321 <sup>+2</sup>	$b_4\text{-H}_3\text{PO}_4^{+2}$	477.2080 <sup>+2</sup>	$b_8^{+2}$	674.8024 <sup>+2</sup>	$y_{13}\text{-H}_3\text{PO}_4^{+2}$	953.4088	$b_8$	1348.5975	$y_{13}\text{-H}_3\text{PO}_4$
270.1925	$b_2$	485.7331 <sup>+2</sup>	$b_9\text{-H}_3\text{PO}_4^{+2}$	679.2670 <sup>+2</sup>	$b_{12}^{+2}$	970.4588	$b_9\text{-H}_3\text{PO}_4$	1357.5267	$b_{12}$
276.1205 <sup>+2</sup>	$b_4^{+2}$	492.23	$y_5$	681.3678	$b_6\text{-H}_3\text{PO}_4$	1009.432	$y_{10}$	1428.5639	$b_{13}$
283.6741 <sup>+2</sup>	$b_5\text{-H}_3\text{PO}_4^{+2}$	529.2491 <sup>+2</sup>	$b_{10}\text{-H}_3\text{PO}_4^{+2}$	694.289	$y_7$	1057.4909	$b_{10}\text{-H}_3\text{PO}_4$	1446.5744	$y_{13}$
290.171	$y_3$	534.7215 <sup>+2</sup>	$b_9^{+2}$	714.7856 <sup>+2</sup>	$b_{13}^{+2}$	1068.4357	$b_9$	1461.6816	$\text{MH}\text{-H}_3\text{PO}_4$
332.6625 <sup>+2</sup>	$b_5^{+2}$	551.2337	$b_4$	723.7908 <sup>+2</sup>	$y_{13}^{+2}$	1078.4535	$y_{11}\text{-H}_3\text{PO}_4$	1559.6585	$\text{MH}$
341.1876 <sup>+2</sup>	$b_6\text{-H}_3\text{PO}_4^{+2}$	566.3409	$b_5\text{-H}_3\text{PO}_4$	731.3444 <sup>+2</sup>	$\text{MH}\text{-H}_3\text{PO}_4^{+2}$	1155.4678	$b_{10}$		
384.2354	$b_3$	578.2375 <sup>+2</sup>	$b_{10}^{+2}$	768.3999	$b_7\text{-H}_3\text{PO}_4$	1172.5178	$b_{11}\text{-H}_3\text{PO}_4$		
384.7036 <sup>+2</sup>	$b_7\text{-H}_3\text{PO}_4^{+2}$	586.7625 <sup>+2</sup>	$b_{11}\text{-H}_3\text{PO}_4^{+2}$	779.3447	$b_6$	1176.4304	$y_{11}$		
390.1760 <sup>+2</sup>	$b_6^{+2}$	607.257	$y_6$	780.3329 <sup>+2</sup>	$\text{MH}^{+2}$	1192.4964	$y_{12}\text{-H}_3\text{PO}_4$		

MS/MS Fragmentation of VLDTSSLTQSAPAsPTNK  
 Found in IPI00166044, Isoform 1 of Regulatory-associated protein of mTOR



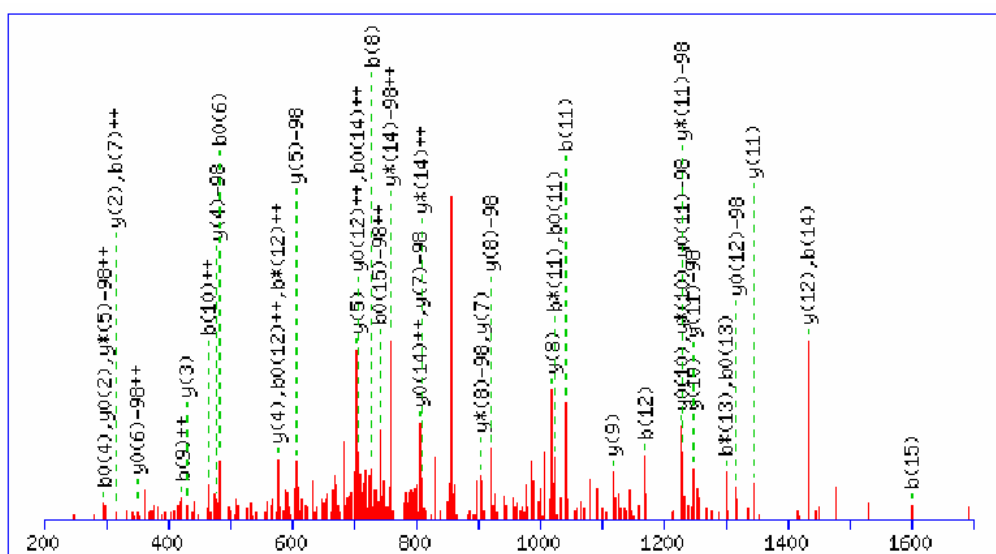
74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	429.2344	b <sub>4</sub>	691.3216 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	945.4888	b <sub>9</sub>	1437.722	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
131.0815 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	433.1944 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	696.3675	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	948.9512 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1438.6461	b <sub>14</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	459.2562	y <sub>4</sub>	697.2916	y <sub>6</sub>	952.4136	y <sub>9</sub>	1468.6679	y <sub>14</sub>
181.6053 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	476.7104 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	716.3825	b <sub>7</sub>	982.4952	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1471.7387	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
213.1598	b <sub>2</sub>	491.7513 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	734.8376 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1032.5208	b <sub>10</sub>	1535.6989	b <sub>15</sub>
230.1317 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	516.2664	b <sub>5</sub>	736.3730 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1080.4721	y <sub>10</sub>	1538.7697	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
261.1557	y <sub>2</sub>	528.2776	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	767.4046	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1083.5429	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1569.7156	y <sub>15</sub>
264.6425 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	540.7397 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	785.3614 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1103.5579	b <sub>11</sub>	1586.7657	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
300.1610 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	542.2751 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	793.8865 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1181.5198	y <sub>11</sub>	1636.7466	b <sub>16</sub>
313.6309 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	591.2635 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	794.3444	y <sub>7</sub>	1196.627	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1652.8126	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
328.1867	b <sub>3</sub>	598.8171 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	817.4302	b <sub>8</sub>	1200.6107	b <sub>12</sub>	1684.7426	y <sub>16</sub>
348.6874 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	599.3148	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	842.8749 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1271.6478	b <sub>13</sub>	1699.8497	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
349.1495 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	603.2984	b <sub>6</sub>	850.4285 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1283.659	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1750.7895	b <sub>17</sub>
362.2034	y <sub>3</sub>	626.2545	y <sub>5</sub>	854.4367	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1294.6039	y <sub>12</sub>	1797.8266	y <sub>17</sub>
384.2060 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	642.3331 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	865.3815	y <sub>8</sub>	1340.6692	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1798.9181	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
397.6758 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	647.8056 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	899.4169 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1370.691	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1896.895	MH
427.7220 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	685.8492 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	899.9627 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1381.6359	y <sub>13</sub>		

MS/MS Fragmentation of VLDTSSLTQsAPASPTNK  
 Found in IPI00166044, Isoform 1 of Regulatory-associated protein of mTOR



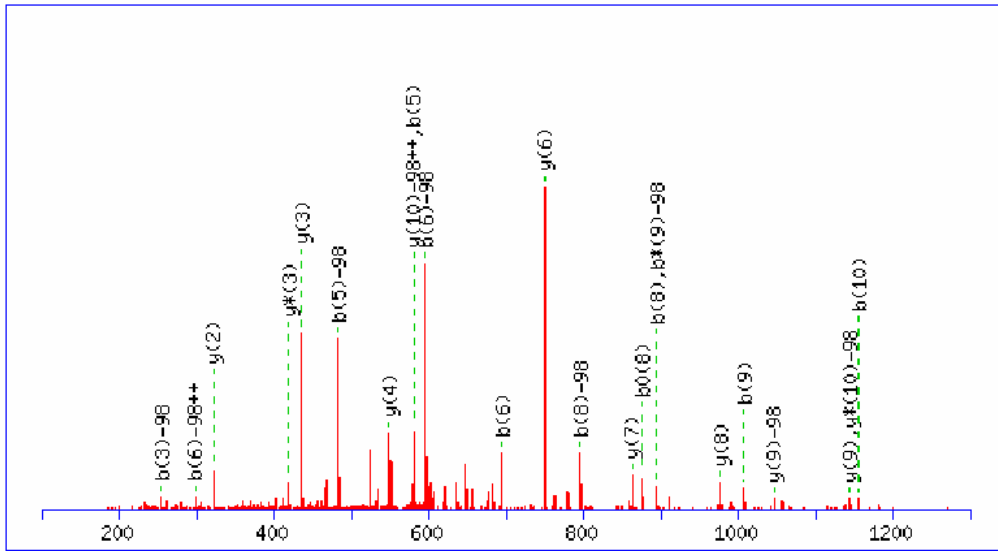
74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	476.7104 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	734.8376 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1080.4721	y <sub>10</sub>	1437.722	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
131.0815 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	491.7513 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	736.3730 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1083.5429	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1438.6461	b <sub>14</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	516.2664	b <sub>5</sub>	785.3614 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1085.5473	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1468.6679	y <sub>14</sub>
181.6053 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	540.7397 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	785.4152	y <sub>8</sub>	1112.4871	b <sub>10</sub>	1471.7387	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
213.1598	b <sub>2</sub>	542.2751 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	793.8865 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1181.5198	y <sub>11</sub>	1535.6989	b <sub>15</sub>
230.1317 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	546.2882	y <sub>5</sub>	817.4302	b <sub>8</sub>	1182.6001	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1538.7697	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
261.1557	y <sub>2</sub>	591.2635 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	842.8749 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1183.5242	b <sub>11</sub>	1569.7156	y <sub>15</sub>
273.6477 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	598.8171 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	850.4285 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1196.627	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1586.7657	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
309.1663 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	603.2984	b <sub>6</sub>	854.4367	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1253.6372	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1636.7466	b <sub>16</sub>
328.1867	b <sub>3</sub>	617.3253	y <sub>6</sub>	899.4169 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1280.577	b <sub>12</sub>	1652.8126	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
357.6927 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	642.3331 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	899.9627 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1283.659	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1684.7426	y <sub>16</sub>
362.2034	y <sub>3</sub>	647.8056 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	945.4888	b <sub>9</sub>	1294.6039	y <sub>12</sub>	1699.8497	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
393.2112 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	685.8492 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	948.9512 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1340.6692	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1750.7895	b <sub>17</sub>
427.7220 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	691.3216 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	952.4136	y <sub>9</sub>	1351.6141	b <sub>13</sub>	1797.8266	y <sub>17</sub>
429.2344	b <sub>4</sub>	714.3781	y <sub>7</sub>	982.4952	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1370.691	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1798.9181	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
459.2562	y <sub>4</sub>	716.3825	b <sub>7</sub>	1014.5102	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1381.6359	y <sub>13</sub>	1896.895	MH

MS/MS Fragmentation of GGSISVQVNSIKFDsE  
 Found in IPI00216654, Isoform Beta of Nucleolar phosphoprotein p130



115.0502	<b>b<sub>2</sub></b>	461.2193 <sup>+2</sup>	<b>y<sub>8</sub>-H<sub>3</sub>PO<sub>4</sub><sup>+2</sup></b>	673.3054 <sup>+2</sup>	<b>y<sub>11</sub><sup>+2</sup></b>	824.9125 <sup>+2</sup>	<b>MH-H<sub>3</sub>PO<sub>4</sub><sup>+2</sup></b>	1317.7161	<b>b<sub>13</sub></b>
148.0604	<b>y<sub>1</sub></b>	479.1773	<b>y<sub>4</sub>-H<sub>3</sub>PO<sub>4</sub></b>	705.2491	<b>y<sub>5</sub></b>	842.4367	<b>b<sub>9</sub></b>	1334.6587	<b>y<sub>12</sub>-H<sub>3</sub>PO<sub>4</sub></b>
202.0822	<b>b<sub>3</sub></b>	501.2667	<b>b<sub>6</sub></b>	716.8214 <sup>+2</sup>	<b>y<sub>12</sub><sup>+2</sup></b>	845.3902 <sup>+2</sup>	<b>y<sub>15</sub><sup>+2</sup></b>	1345.6035	<b>y<sub>11</sub></b>
217.0819	<b>y<sub>2</sub>-H<sub>3</sub>PO<sub>4</sub></b>	510.2077 <sup>+2</sup>	<b>y<sub>8</sub><sup>+2</sup></b>	716.8752 <sup>+2</sup>	<b>b<sub>14</sub><sup>+2</sup></b>	873.9009 <sup>+2</sup>	<b>MH<sup>+2</sup></b>	1432.6356	<b>y<sub>12</sub></b>
304.1397 <sup>+2</sup>	<b>y<sub>5</sub>-H<sub>3</sub>PO<sub>4</sub><sup>+2</sup></b>	510.7535 <sup>+2</sup>	<b>y<sub>9</sub>-H<sub>3</sub>PO<sub>4</sub><sup>+2</sup></b>	720.3563	<b>y<sub>6</sub>-H<sub>3</sub>PO<sub>4</sub></b>	905.3652	<b>y<sub>7</sub></b>	1432.7431	<b>b<sub>14</sub></b>
315.0588	<b>y<sub>2</sub></b>	559.7419 <sup>+2</sup>	<b>y<sub>9</sub><sup>+2</sup></b>	724.3750 <sup>+2</sup>	<b>y<sub>13</sub>-H<sub>3</sub>PO<sub>4</sub><sup>+2</sup></b>	921.4312	<b>y<sub>8</sub>-H<sub>3</sub>PO<sub>4</sub></b>	1447.7427	<b>y<sub>13</sub>-H<sub>3</sub>PO<sub>4</sub></b>
315.1663	<b>b<sub>4</sub></b>	574.7828 <sup>+2</sup>	<b>y<sub>10</sub>-H<sub>3</sub>PO<sub>4</sub><sup>+2</sup></b>	728.3937	<b>b<sub>8</sub></b>	929.4687	<b>b<sub>10</sub></b>	1501.7645	<b>b<sub>15</sub>-H<sub>3</sub>PO<sub>4</sub></b>
332.1088	<b>y<sub>3</sub>-H<sub>3</sub>PO<sub>4</sub></b>	577.1541	<b>y<sub>4</sub></b>	751.3859 <sup>+2</sup>	<b>b<sub>15</sub>-H<sub>3</sub>PO<sub>4</sub><sup>+2</sup></b>	1019.4081	<b>y<sub>8</sub></b>	1534.7748	<b>y<sub>14</sub>-H<sub>3</sub>PO<sub>4</sub></b>
353.1282 <sup>+2</sup>	<b>y<sub>5</sub><sup>+2</sup></b>	585.8275 <sup>+2</sup>	<b>b<sub>12</sub><sup>+2</sup></b>	767.8910 <sup>+2</sup>	<b>y<sub>14</sub>-H<sub>3</sub>PO<sub>4</sub><sup>+2</sup></b>	1020.4997	<b>y<sub>9</sub>-H<sub>3</sub>PO<sub>4</sub></b>	1545.7196	<b>y<sub>13</sub></b>
360.6818 <sup>+2</sup>	<b>y<sub>6</sub>-H<sub>3</sub>PO<sub>4</sub><sup>+2</sup></b>	607.2722	<b>y<sub>5</sub>-H<sub>3</sub>PO<sub>4</sub></b>	773.3635 <sup>+2</sup>	<b>y<sub>13</sub><sup>+2</sup></b>	1042.5527	<b>b<sub>11</sub></b>	1591.7962	<b>y<sub>15</sub>-H<sub>3</sub>PO<sub>4</sub></b>
402.1983	<b>b<sub>5</sub></b>	623.7712 <sup>+2</sup>	<b>y<sub>10</sub><sup>+2</sup></b>	796.4018 <sup>+2</sup>	<b>y<sub>15</sub>-H<sub>3</sub>PO<sub>4</sub><sup>+2</sup></b>	1118.4765	<b>y<sub>9</sub></b>	1599.7414	<b>b<sub>15</sub></b>
404.1978 <sup>+2</sup>	<b>y<sub>7</sub>-H<sub>3</sub>PO<sub>4</sub><sup>+2</sup></b>	624.3170 <sup>+2</sup>	<b>y<sub>11</sub>-H<sub>3</sub>PO<sub>4</sub><sup>+2</sup></b>	800.3744 <sup>+2</sup>	<b>b<sub>15</sub><sup>+2</sup></b>	1148.5582	<b>y<sub>10</sub>-H<sub>3</sub>PO<sub>4</sub></b>	1632.7517	<b>y<sub>14</sub></b>
409.6702 <sup>+2</sup>	<b>y<sub>6</sub><sup>+2</sup></b>	629.3253	<b>b<sub>7</sub></b>	807.3883	<b>y<sub>7</sub>-H<sub>3</sub>PO<sub>4</sub></b>	1170.6477	<b>b<sub>12</sub></b>	1648.8177	<b>MH-H<sub>3</sub>PO<sub>4</sub></b>
430.0857	<b>y<sub>3</sub></b>	659.3617 <sup>+2</sup>	<b>b<sub>13</sub><sup>+2</sup></b>	816.8795 <sup>+2</sup>	<b>y<sub>14</sub><sup>+2</sup></b>	1246.5351	<b>y<sub>10</sub></b>	1689.7731	<b>y<sub>15</sub></b>
453.1862 <sup>+2</sup>	<b>y<sub>7</sub><sup>+2</sup></b>	667.8330 <sup>+2</sup>	<b>y<sub>12</sub>-H<sub>3</sub>PO<sub>4</sub><sup>+2</sup></b>	818.3332	<b>y<sub>6</sub></b>	1247.6266	<b>y<sub>11</sub>-H<sub>3</sub>PO<sub>4</sub></b>	1746.7946	<b>MH</b>

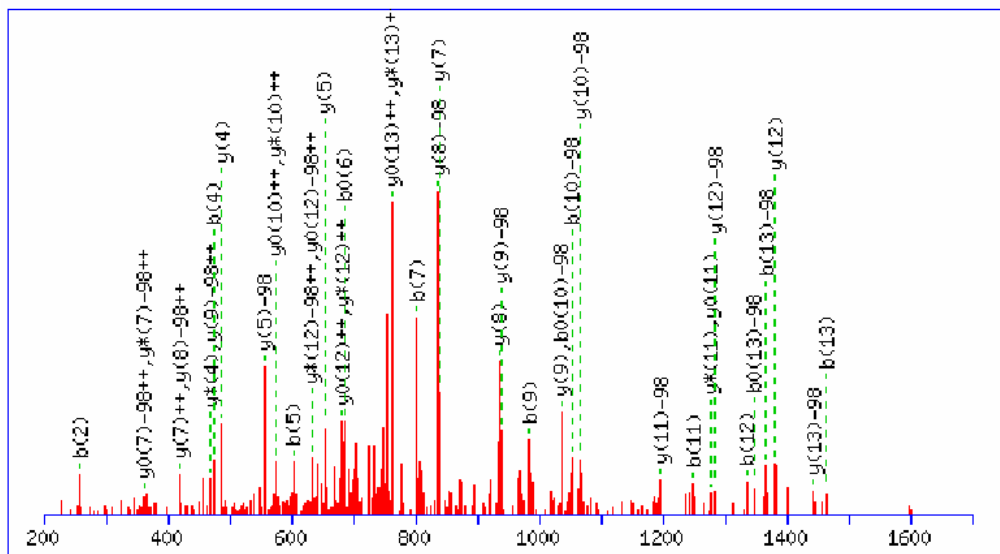
MS/MS Fragmentation of ANsDIISLNFR  
 Found in IPI00478176, hypothetical protein LOC90362



88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	353.0857	b <sub>3</sub>	549.3144	y <sub>4</sub>	683.3359	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1008.4398	b <sub>9</sub>
161.5973 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	370.1357	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	572.7735 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	694.2807	b <sub>6</sub>	1046.5629	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	375.2189 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	580.8066 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	749.4304	y <sub>6</sub>	1057.5313	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
186.0873	b <sub>2</sub>	431.7609 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	581.1967	b <sub>5</sub>	781.3128	b <sub>7</sub>	1144.5398	y <sub>9</sub>
218.6188 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	436.2303	y <sub>3</sub>	596.3039	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	796.4199	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1155.5082	b <sub>10</sub>
255.1088	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	468.1126	b <sub>4</sub>	616.3251 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	862.5145	y <sub>7</sub>	1160.6058	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
275.1608 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	483.2198	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	629.7950 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	894.3968	b <sub>8</sub>	1231.643	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
318.6768 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	489.2744 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	636.3464	y <sub>5</sub>	910.4629	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1258.5827	y <sub>10</sub>
322.1874	y <sub>2</sub>	523.7851 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	665.3136 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	977.5415	y <sub>8</sub>	1329.6199	MH

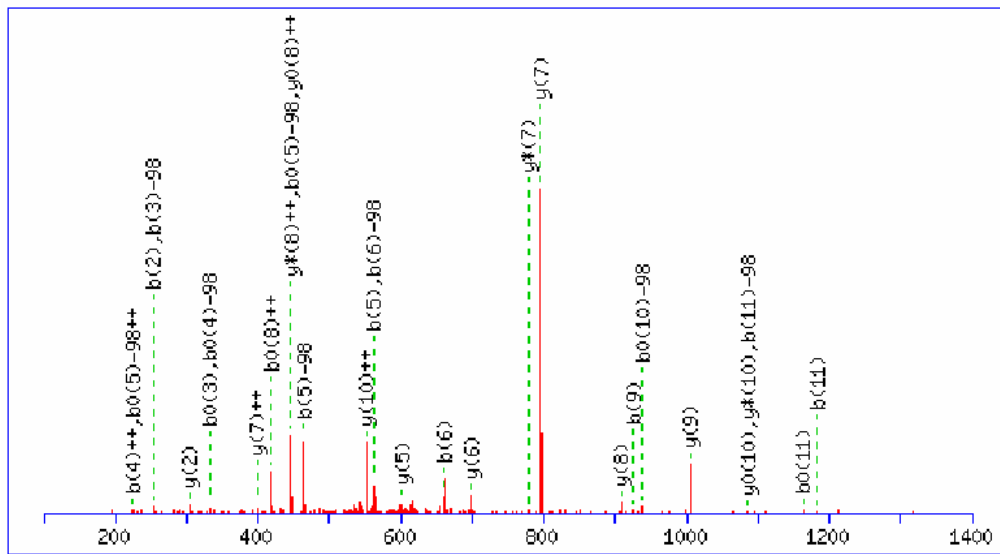


MS/MS Fragmentation of PCSEETPAIsPSKR  
 Found in IPI00375015, Isoform DUT-N of Deoxyuridine 5'-triphosphate nucleotidohydrolase  
 , mitochondrial precursor



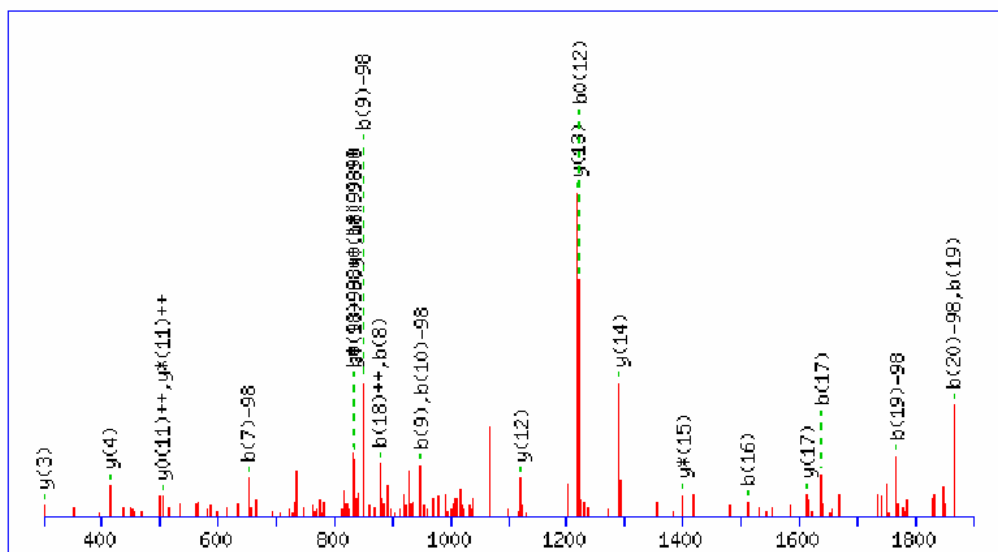
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	417.1438	b <sub>4</sub>	647.8056 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	837.4941	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1279.4912	b <sub>12</sub>
152.1106 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	419.2507 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	654.2971	y <sub>5</sub>	838.4182	y <sub>7</sub>	1283.659	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	419.7128 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	655.3083 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	928.4081	b <sub>9</sub>	1294.6039	y <sub>11</sub>
195.6266 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	468.2391 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	669.4042	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	935.471	y <sub>8</sub>	1309.6093	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
201.0692	b <sub>2</sub>	469.7745 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	691.3216 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	938.5418	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1381.6359	y <sub>12</sub>
244.1530 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	487.2987	y <sub>4</sub>	693.8377 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	997.4295	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1386.6682	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
278.6637 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	518.7630 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	704.2967 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1036.5187	y <sub>9</sub>	1407.5862	b <sub>13</sub>
288.1013	b <sub>3</sub>	534.2958 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	740.4413	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1067.5844	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1483.721	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
303.2139	y <sub>2</sub>	546.1864	b <sub>5</sub>	742.3641 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1094.4823	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1484.6451	y <sub>13</sub>
327.6522 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	556.3202	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	742.8262 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1095.4064	b <sub>10</sub>	1581.6978	MH
335.2058 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	583.2843 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	744.2869	b <sub>7</sub>	1165.5613	y <sub>10</sub>		
370.7243 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	598.8171 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	767.3811	y <sub>6</sub>	1181.5143	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
384.1942 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	642.3331 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	791.3526 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1192.4592	b <sub>11</sub>		
390.2459	y <sub>3</sub>	647.2341	b <sub>6</sub>	815.324	b <sub>8</sub>	1196.627	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

MS/MS Fragmentation of SsPPLPPPAEER  
 Found in IPI00045360, Protein capicua homolog



88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	349.6770 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	551.7982 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	698.3468	y <sub>6</sub>	1053.4653	b <sub>10</sub>
152.5844 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	351.1663	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	561.3031	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	755.4087	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1084.531	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
157.0608	b <sub>2</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	352.0904	b <sub>3</sub>	562.2273	b <sub>5</sub>	756.3328	b <sub>7</sub>	1102.5891	y <sub>10</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	398.2034 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	586.3089 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	795.3995	y <sub>7</sub>	1171.6106	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
217.1057 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	433.2041	y <sub>3</sub>	601.294	y <sub>5</sub>	826.4458	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1182.5078	b <sub>11</sub>
252.6243 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	449.1432	b <sub>4</sub>	629.8250 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	853.3855	b <sub>8</sub>	1258.6426	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
254.1135	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	454.7454 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	635.2974 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	908.4836	y <sub>8</sub>	1269.5875	y <sub>11</sub>
255.0377	b <sub>2</sub>	464.2504	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	658.3559	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	924.4227	b <sub>9</sub>	1356.6195	MH
301.1506 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	503.2718 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	659.28	b <sub>6</sub>	955.4884	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
304.1615	y <sub>2</sub>	504.2413	y <sub>4</sub>	678.8134 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1005.5364	y <sub>9</sub>		

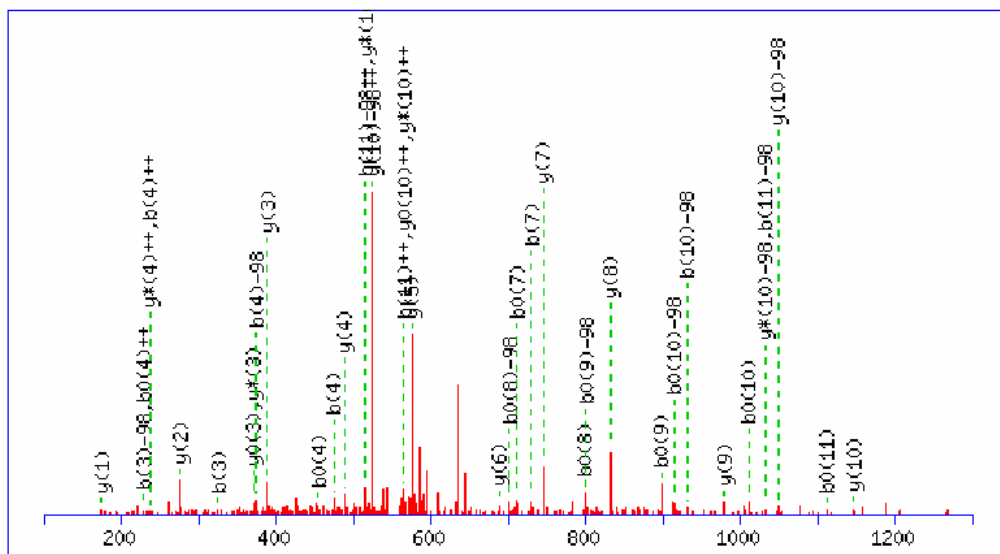
MS/MS Fragmentation of AQ(S)V(S)PVQAPPPGSAQLLPGK  
 Found in IPI00045360, Protein capicua homolog



74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	527.3552	y <sub>5</sub>	877.3815	b <sub>8</sub>	1198.6215	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1767.9388	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
102.5708 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	552.2776	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	890.9533 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1218.6841	y <sub>13</sub>	1780.8993	y <sub>18</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	553.2018	b <sub>5</sub>	891.4991 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1239.5769	b <sub>12</sub>	1781.9908	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
151.0972 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	561.3193 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	927.5258	y <sub>10</sub>	1255.643	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1864.9916	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
200.103	b <sub>2</sub>	609.8457 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	935.0151 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1289.7212	y <sub>14</sub>	1865.9157	b <sub>19</sub>
204.1343	y <sub>2</sub>	645.3642 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	940.4875 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1296.5984	b <sub>13</sub>	1869.0229	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
207.6392 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	650.2545	b <sub>6</sub>	947.4945	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1342.675	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1879.9677	y <sub>19</sub>
264.1812 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	651.3461	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	948.4186	b <sub>9</sub>	1353.6199	b <sub>14</sub>	1922.013	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
287.135	b <sub>3</sub>	655.4137	y <sub>6</sub>	984.0035 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1413.7121	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1962.9685	b <sub>20</sub>
301.187	y <sub>3</sub>	709.3935 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	999.0444 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1417.7798	y <sub>15</sub>	1966.9998	y <sub>20</sub>
328.2105 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	726.4509	y <sub>7</sub>	1024.5786	y <sub>11</sub>	1440.6519	b <sub>15</sub>	1997.0815	y <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
363.7291 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	749.3229	b <sub>7</sub>	1034.5629 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1511.689	b <sub>16</sub>	2019.9899	b <sub>21</sub>
386.2034	b <sub>4</sub>	758.9277 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1044.5473	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1516.8482	y <sub>16</sub>	2068.1186	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
407.2451 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	779.4046	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1045.4714	b <sub>10</sub>	1541.7707	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2095.0583	y <sub>21</sub>
414.2711	y <sub>4</sub>	807.4541 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1048.0328 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1613.901	y <sub>17</sub>	2166.0955	MH
435.7558 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	813.4829	y <sub>8</sub>	1083.5514 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1639.7476	b <sub>17</sub>		
455.2249	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	841.9649 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1121.6313	y <sub>12</sub>	1654.8547	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
464.2665 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	850.4417	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1141.6	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1682.9224	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
512.7929 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	870.5043	y <sub>9</sub>	1142.5242	b <sub>11</sub>	1752.8316	b <sub>18</sub>		

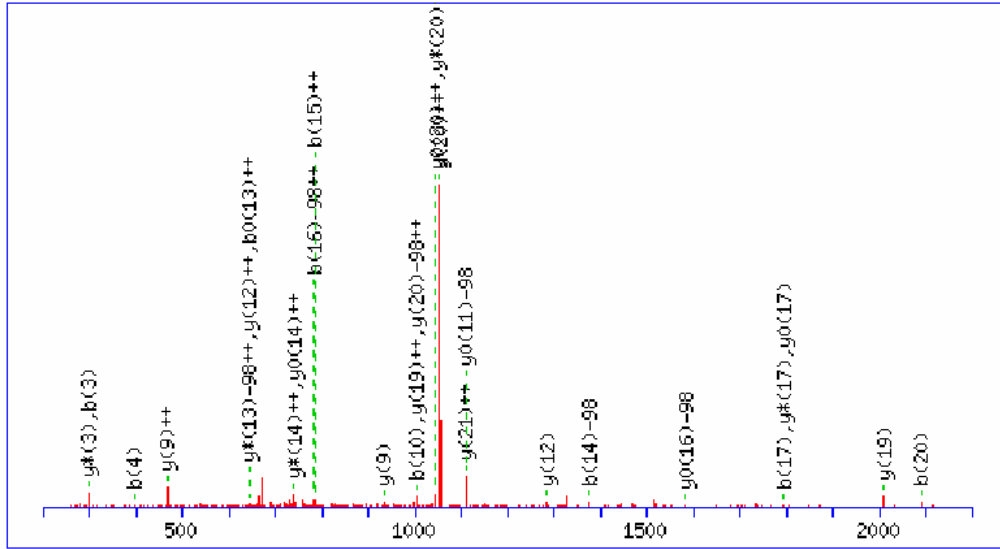


MS/MS Fragmentation of ASsFSGISVLTR  
 Found in IPI00014214, R3H domain protein 1



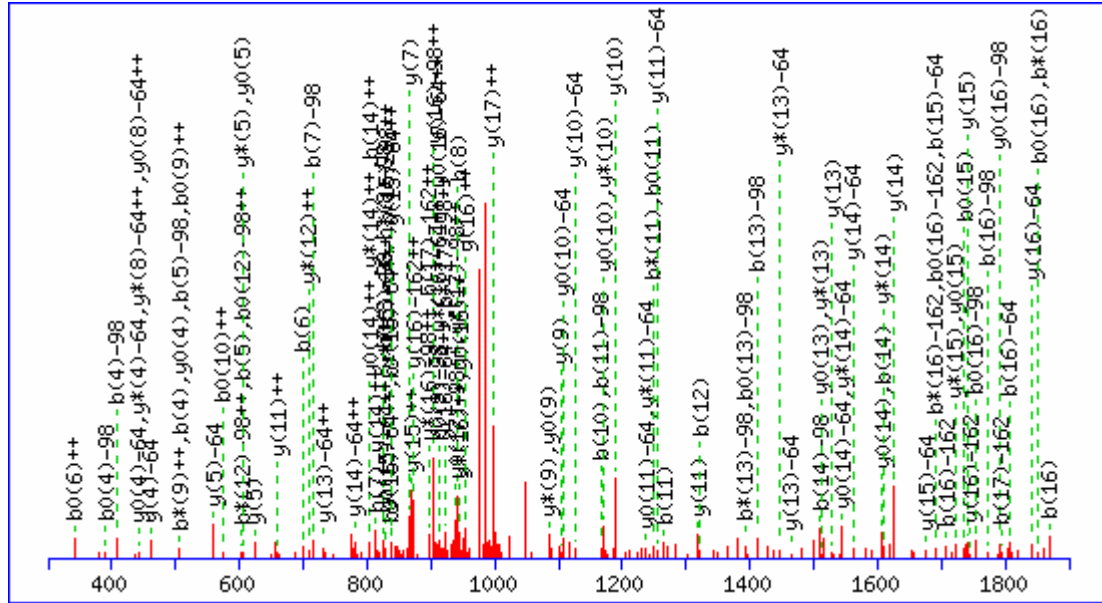
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	344.7212 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	524.7929 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	688.4352	y <sub>6</sub>	1029.4653	b <sub>10</sub>
138.5870 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	373.2320 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	560.1752	b <sub>5</sub>	719.3359	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1032.536	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
159.0764	b <sub>2</sub>	375.1663	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	568.3089 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	730.2807	b <sub>7</sub>	1048.5786	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	389.2507	y <sub>3</sub>	573.7814 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	745.4567	y <sub>7</sub>	1130.5129	b <sub>11</sub>
195.1290 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	416.7480 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	575.3511	y <sub>5</sub>	817.3128	b <sub>8</sub>	1135.6106	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
228.0979	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	462.1983	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	603.8275 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	818.4043	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1146.5555	y <sub>10</sub>
244.6632 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	473.1432	b <sub>4</sub>	617.1967	b <sub>6</sub>	832.4887	y <sub>8</sub>	1206.6477	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
276.1666	y <sub>2</sub>	488.3191	y <sub>4</sub>	617.2974 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	916.3812	b <sub>9</sub>	1233.5875	y <sub>11</sub>
288.1792 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	490.2822 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	632.3039	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	931.4884	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1304.6246	MH
326.0748	b <sub>3</sub>	519.2198	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	652.8159 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	979.5571	y <sub>9</sub>		

MS/MS Fragmentation of NALPPVLTTVNGQsPPEHSAPAK  
 Found in IPI00185919, Isoform 1 of La-related protein 1



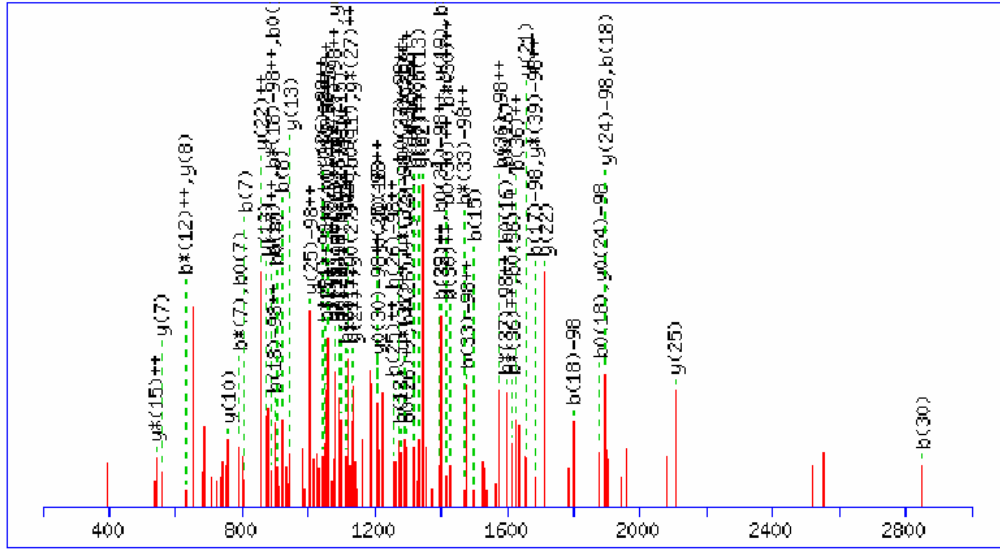
74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	610.3307	y <sub>6</sub>	961.4920 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1187.5804	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1814.9395	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
109.5786 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	614.7715 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	966.9644 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1203.0967 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1834.9446	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	643.2823 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	997.0105 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1228.5358	y <sub>11</sub>	1911.9923	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
158.1050 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	651.3153 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1002.5003	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1285.5573	y <sub>12</sub>	1912.9164	y <sub>18</sub>
186.0873	b <sub>2</sub>	700.3037 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1005.0262 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1301.6233	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1921.9767	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
193.6235 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	700.8495 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1005.4882 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1305.7161	b <sub>13</sub>	1932.9215	b <sub>18</sub>
218.1499	y <sub>2</sub>	705.4294	b <sub>7</sub>	1006.5932	b <sub>10</sub>	1374.7376	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1993.0138	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
237.1396 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	739.3733	y <sub>7</sub>	1010.4804 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1399.6002	y <sub>13</sub>	2009.0451	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
299.1714	b <sub>3</sub>	749.8379 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1045.5369 <sup>+2</sup>	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1400.6917	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2009.9692	y <sub>19</sub>
305.6690 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	751.3733 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1045.9990 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1471.7904	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2019.9535	b <sub>19</sub>
315.2027	y <sub>3</sub>	800.3618 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1054.0146 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1472.7145	b <sub>14</sub>	2090.0665	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
370.1903 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	801.8972 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1061.5682 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1498.6686	y <sub>14</sub>	2090.9907	b <sub>20</sub>
386.2398	y <sub>4</sub>	806.4771	b <sub>8</sub>	1081.0555 <sup>+2</sup>	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1501.7394	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2107.022	y <sub>20</sub>
396.2241	b <sub>4</sub>	836.4261	y <sub>8</sub>	1094.5254 <sup>+2</sup>	b <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1568.8431	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2122.1291	y <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
418.7167 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	850.8856 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1097.0868 <sup>+2</sup>	y <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1569.7672	b <sub>15</sub>	2161.1036	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
467.2431 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	858.4392 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1100.4772	y <sub>10</sub>	1599.7163	y <sub>15</sub>	2188.0434	b <sub>21</sub>
473.2718	y <sub>5</sub>	907.4276 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1110.5567 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1602.7871	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2193.1662	y <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
493.2769	b <sub>5</sub>	907.5247	b <sub>9</sub>	1120.6361	b <sub>11</sub>	1666.82	b <sub>16</sub>	2220.106	y <sub>21</sub>
501.7538 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	907.9734 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1130.0439 <sup>+2</sup>	b <sub>22</sub> <sup>+2</sup>	1697.8857	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2259.0805	b <sub>22</sub>
550.7422 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	917.9759 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1130.5589	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1700.764	y <sub>16</sub>	2291.1431	y <sub>22</sub>
565.7831 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	933.4789	y <sub>9</sub>	1146.0752 <sup>+2</sup>	y <sub>22</sub> <sup>+2</sup>	1715.8711	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2307.2092	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
592.3453	b <sub>6</sub>	956.4998 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1154.1082 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1795.8626	b <sub>17</sub>	2405.1861	MH
594.2938 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	956.9619 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1177.6575	b <sub>12</sub>	1813.848	y <sub>17</sub>		

MS/MS Fragmentation of HSsNPPLESHVGWVmDSR  
 Found in IPI00185919, Isoform 1 of La-related protein 1



88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	405.1842 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	633.2692 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	929.9125 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1410.6549	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
113.0527 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	407.1682 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	659.7959 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	931.4268	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1431.6685	y <sub>12</sub>
131.5791 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	408.1626	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	661.7799 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	935.3849 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1508.6318	b <sub>13</sub>
147.5635 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	422.7010 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	700.245	b <sub>6</sub>	942.3717	b <sub>8</sub>	1509.7233	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	433.6949 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	705.8311 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	948.4389 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1528.7213	y <sub>13</sub>
189.0926 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	466.2170 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	715.3522	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	953.9113 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1607.7002	b <sub>14</sub>
196.5519 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	471.6895 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	716.3379 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	965.4509	y <sub>8</sub>	1625.7741	y <sub>14</sub>
204.5849 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	483.2291 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	754.8195 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	978.9009 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1656.7587	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
225.0982	b <sub>2</sub>	505.2154	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	755.3653 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	997.4273 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1739.817	y <sub>15</sub>
253.1113 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	506.1395	b <sub>4</sub>	764.8643 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1016.9683 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1754.7356	b <sub>15</sub>
253.5734 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	515.2055 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	804.3538 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1029.4037	b <sub>9</sub>	1771.7857	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
262.151	y <sub>2</sub>	524.2133	y <sub>4</sub>	809.361	y <sub>6</sub>	1065.9568 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1808.8384	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
262.6103 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	534.7465 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	813.3291	b <sub>7</sub>	1068.4857	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1858.8177	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
294.1197	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	551.7586 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	813.3907 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1102.5098	y <sub>9</sub>	1869.7626	b <sub>16</sub>
301.6377 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	583.7350 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	828.8830 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1166.4626	b <sub>10</sub>	1895.8705	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
302.0998 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	584.2807 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	844.3948	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1167.5541	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1906.8153	y <sub>16</sub>
312.1445 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	595.2746 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	866.3825	y <sub>7</sub>	1189.5419	y <sub>10</sub>	1956.7946	b <sub>17</sub>
350.6262 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	602.2681	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	870.4121 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1224.5756	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1993.8474	y <sub>17</sub>
358.1797 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	603.1923	b <sub>5</sub>	877.8715 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1265.531	b <sub>11</sub>	2032.9294	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
377.1779	y <sub>3</sub>	612.7914 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	886.3965 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1318.5845	y <sub>11</sub>	2130.9063	MH
392.0966	b <sub>3</sub>	623.2817	y <sub>5</sub>	904.9229 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1322.5525	b <sub>12</sub>		

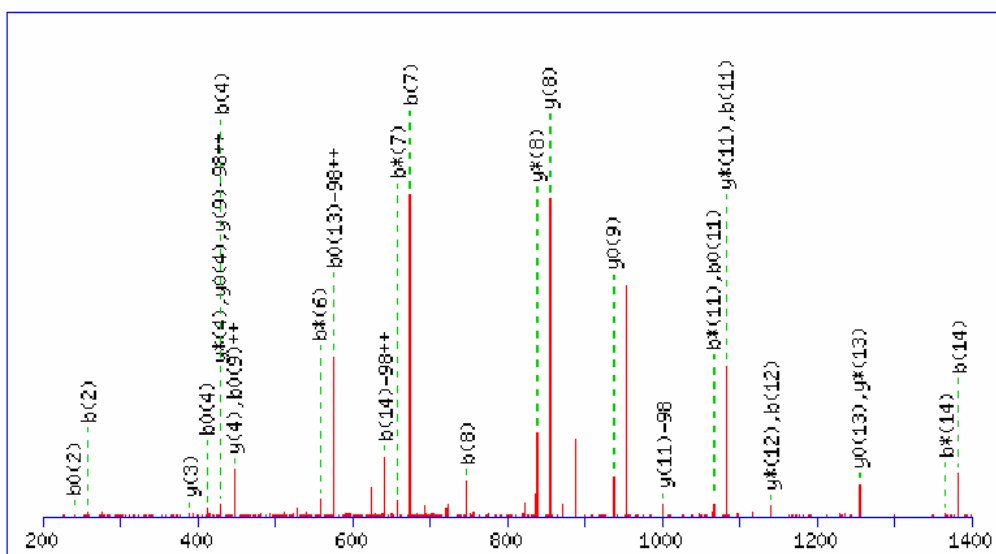
MS/MS Fragmentation of ESPRPLQLPGAEGPAISDGEEGGGEPGAGGGAAGAAGAGR  
 Found in IPI00185919, Isoform 1 of La-related protein 1



88.0631 <sup>-2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	807.4359 <sup>-2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1256.0554 <sup>-2</sup>	b <sub>25</sub> <sup>+2</sup>	1647.7604 <sup>-2</sup>	y <sub>37</sub> <sup>+2</sup>	2567.2009	b <sub>27</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
116.5738 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	808.4312	b <sub>7</sub>	1267.0330 <sup>-2</sup>	y <sub>30</sub> <sup>+2</sup>	1653.2390 <sup>-2</sup>	b <sub>37</sub> <sup>+2</sup>	2589.156	y <sub>32</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
152.0924 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	815.4118	y <sub>11</sub>	1275.6692	b <sub>12</sub>	1655.7368	y <sub>21</sub>	2590.0802	y <sub>31</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	828.3720 <sup>-2</sup>	y <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1283.6087	y <sub>17</sub>	1668.2798 <sup>-2</sup>	b <sub>39</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2608.1563	b <sub>26</sub>
180.6031 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	841.9467 <sup>-2</sup>	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1284.1041 <sup>-2</sup>	b <sub>27</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1682.886	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2638.238	b <sub>28</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
216.1217 <sup>-2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	856.8828 <sup>-2</sup>	y <sub>22</sub> <sup>+2</sup>	1295.0817 <sup>-2</sup>	y <sub>32</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1688.7575 <sup>-2</sup>	b <sub>38</sub> <sup>+2</sup>	2665.1777	b <sub>27</sub>
217.0819	b <sub>2</sub>	872.4333	y <sub>12</sub>	1295.5437 <sup>-2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	1690.8143 <sup>-2</sup>	y <sub>39</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2687.1329	y <sub>32</sub>
232.1404	y <sub>2</sub>	890.9351 <sup>-2</sup>	b <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1304.5818 <sup>-2</sup>	b <sub>26</sub> <sup>+2</sup>	1696.2868 <sup>-2</sup>	y <sub>38</sub> <sup>+2</sup>	2695.2594	b <sub>29</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
235.6215 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	899.4601 <sup>-2</sup>	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1319.6226 <sup>-2</sup>	b <sub>28</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1712.7583	y <sub>22</sub>	2702.2401	y <sub>33</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
251.6402 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	914.3962 <sup>-2</sup>	y <sub>23</sub> <sup>+2</sup>	1332.6906	b <sub>13</sub>	1717.2682 <sup>-2</sup>	b <sub>28</sub> <sup>+2</sup>	2736.2149	b <sub>28</sub>
280.1510 <sup>-2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	921.5152	b <sub>8</sub>	1333.0925 <sup>-2</sup>	b <sub>27</sub> <sup>+2</sup>	1739.8028 <sup>-2</sup>	y <sub>39</sub> <sup>+2</sup>	2752.2809	b <sub>30</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
284.1479 <sup>-2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	927.9709 <sup>-2</sup>	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1340.6302	y <sub>18</sub>	1755.3356 <sup>-2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2793.2363	b <sub>29</sub>
303.1775	y <sub>3</sub>	943.4704	y <sub>13</sub>	1344.0701 <sup>-2</sup>	y <sub>32</sub> <sup>+2</sup>	1780.8629	b <sub>17</sub>	2800.217	y <sub>33</sub>
314.1347	b <sub>3</sub>	948.4486 <sup>-2</sup>	b <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1348.1334 <sup>-2</sup>	b <sub>29</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1797.913	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2809.3024	b <sub>31</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
315.6695 <sup>-2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	948.9070 <sup>-2</sup>	y <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1351.6237 <sup>-2</sup>	y <sub>33</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1804.3241 <sup>-2</sup>	MH <sup>+2</sup>	2830.2987	y <sub>34</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
340.6899 <sup>-2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	976.9593 <sup>-2</sup>	b <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1368.6111 <sup>-2</sup>	b <sub>28</sub> <sup>+2</sup>	1827.7852	y <sub>23</sub>	2850.2578	b <sub>30</sub>
351.1881 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	992.4922 <sup>-2</sup>	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1376.6441 <sup>-2</sup>	b <sub>30</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1854.9345	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2880.3395	b <sub>32</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
360.199	y <sub>4</sub>	997.8954 <sup>-2</sup>	y <sub>24</sub> <sup>+2</sup>	1397.1218 <sup>-2</sup>	b <sub>29</sub> <sup>+2</sup>	1895.8899	b <sub>18</sub>	2907.2793	b <sub>31</sub>
379.6988 <sup>-2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	1000.4919	y <sub>14</sub>	1397.6516	y <sub>19</sub>	1896.8067	y <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2928.2756	y <sub>34</sub>
404.7192 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	1005.4490 <sup>-2</sup>	y <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1400.6121 <sup>-2</sup>	y <sub>33</sub> <sup>+2</sup>	1952.9113	b <sub>19</sub>	2943.3827	y <sub>35</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
408.2096 <sup>-2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	1018.568	b <sub>9</sub>	1405.1548 <sup>-2</sup>	b <sub>31</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1983.977	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2951.3766	b <sub>33</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
431.2361	y <sub>5</sub>	1040.9676 <sup>-2</sup>	y <sub>26</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1415.6530 <sup>-2</sup>	y <sub>34</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1994.7836	y <sub>24</sub>	2978.3164	b <sub>32</sub>
436.7203 <sup>-2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1041.4806 <sup>-2</sup>	b <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1425.6325 <sup>-2</sup>	b <sub>30</sub> <sup>+2</sup>	2009.8907	y <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	3008.398	b <sub>34</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
461.2613 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	1054.4375 <sup>-2</sup>	y <sub>25</sub> <sup>+2</sup>	1429.7434	b <sub>14</sub>	2080.9279	y <sub>26</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	3040.4355	y <sub>36</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
470.2358	b <sub>4</sub>	1057.0135 <sup>-2</sup>	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1440.6734 <sup>-2</sup>	b <sub>32</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2081.9539	b <sub>20</sub>	3041.3596	y <sub>35</sub>
472.2388 <sup>-2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1075.5895	b <sub>10</sub>	1454.1433 <sup>-2</sup>	b <sub>31</sub> <sup>+2</sup>	2107.8676	y <sub>25</sub>	3049.3535	b <sub>33</sub>
500.7496 <sup>-2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1085.5242 <sup>-2</sup>	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1464.6414 <sup>-2</sup>	y <sub>34</sub> <sup>+2</sup>	2113.0196	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	3079.4352	b <sub>35</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
502.2732	y <sub>6</sub>	1089.4940 <sup>-2</sup>	y <sub>27</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1472.1950 <sup>-2</sup>	y <sub>35</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2170.0411	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	3106.3749	b <sub>34</sub>
509.7876 <sup>-2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	1089.9560 <sup>-2</sup>	y <sub>26</sub> <sup>+2</sup>	1476.1919 <sup>-2</sup>	b <sub>33</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2177.9806	y <sub>27</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	3138.4124	y <sub>36</sub>
538.2984 <sup>-2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	1097.5446	y <sub>15</sub>	1489.6618 <sup>-2</sup>	b <sub>32</sub> <sup>+2</sup>	2178.9048	y <sub>26</sub>	3150.4723	b <sub>36</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
549.2760 <sup>-2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1106.0019 <sup>-2</sup>	b <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1500.7805	b <sub>15</sub>	2210.9965	b <sub>21</sub>	3177.4121	b <sub>35</sub>
559.2947	y <sub>7</sub>	1114.0349 <sup>-2</sup>	b <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1504.7027 <sup>-2</sup>	b <sub>34</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2227.0626	b <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	3196.5366	y <sub>37</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
567.2885	b <sub>5</sub>	1118.0047 <sup>-2</sup>	y <sub>28</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1520.7214 <sup>-2</sup>	y <sub>36</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2235.0021	y <sub>28</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	3207.4937	b <sub>37</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
573.8169 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	1134.5126 <sup>-2</sup>	b <sub>22</sub> <sup>+2</sup>	1521.1835 <sup>-2</sup>	y <sub>35</sub> <sup>+2</sup>	2268.018	b <sub>22</sub>	3248.4492	b <sub>36</sub>
613.7973 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1138.4824 <sup>-2</sup>	y <sub>27</sub> <sup>+2</sup>	1525.1804 <sup>-2</sup>	b <sub>33</sub> <sup>+2</sup>	2275.9575	y <sub>27</sub>	3278.5309	b <sub>38</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
630.3318	y <sub>8</sub>	1142.5457 <sup>-2</sup>	b <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1526.6942	y <sub>20</sub>	2284.084	b <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	3293.5894	y <sub>38</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
638.3382 <sup>-2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1146.6266	b <sub>11</sub>	1540.2212 <sup>-2</sup>	b <sub>35</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2325.0395	b <sub>23</sub>	3294.5135	y <sub>37</sub>
642.3080 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1163.0234 <sup>-2</sup>	b <sub>23</sub> <sup>+2</sup>	1553.6911 <sup>-2</sup>	b <sub>34</sub> <sup>+2</sup>	2332.979	y <sub>28</sub>	3305.4706	b <sub>37</sub>
666.8490 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1166.9931 <sup>-2</sup>	y <sub>28</sub> <sup>+2</sup>	1569.7098 <sup>-2</sup>	y <sub>36</sub> <sup>+2</sup>	2364.0447	y <sub>29</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	3335.5523	b <sub>39</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
670.8187 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1182.5260 <sup>-2</sup>	y <sub>29</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1575.7398 <sup>-2</sup>	b <sub>36</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2382.0609	b <sub>24</sub>	3376.5077	b <sub>38</sub>
680.3726	b <sub>6</sub>	1191.5341 <sup>-2</sup>	b <sub>24</sub> <sup>+2</sup>	1589.2097 <sup>-2</sup>	b <sub>35</sub> <sup>+2</sup>	2413.1266	b <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	3380.6214	y <sub>39</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
699.3295 <sup>-2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1207.0669 <sup>-2</sup>	b <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1598.7719 <sup>-2</sup>	y <sub>37</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2435.0818	y <sub>30</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	3391.5663	y <sub>38</sub>
701.3689	y <sub>9</sub>	1218.0445 <sup>-2</sup>	y <sub>30</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1604.2505 <sup>-2</sup>	b <sub>37</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2462.0216	y <sub>29</sub>	3433.5292	b <sub>39</sub>
715.3753 <sup>-2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1226.5872	y <sub>16</sub>	1613.8646	b <sub>16</sub>	2492.1033	y <sub>31</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	3478.5983	y <sub>39</sub>
750.8939 <sup>-2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1231.5144 <sup>-2</sup>	y <sub>29</sub> <sup>+2</sup>	1624.7282 <sup>-2</sup>	b <sub>36</sub> <sup>+2</sup>	2510.1794	b <sub>26</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	3509.664	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
758.3904	y <sub>10</sub>	1246.5553 <sup>-2</sup>	y <sub>31</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1639.7691 <sup>-2</sup>	b <sub>38</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2511.1035	b <sub>25</sub>	3607.6409	MH
763.8507 <sup>-2</sup>	y <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1255.5933 <sup>-2</sup>	b <sub>26</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1647.2983 <sup>-2</sup>	y <sub>38</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2533.0587	y <sub>30</sub>		

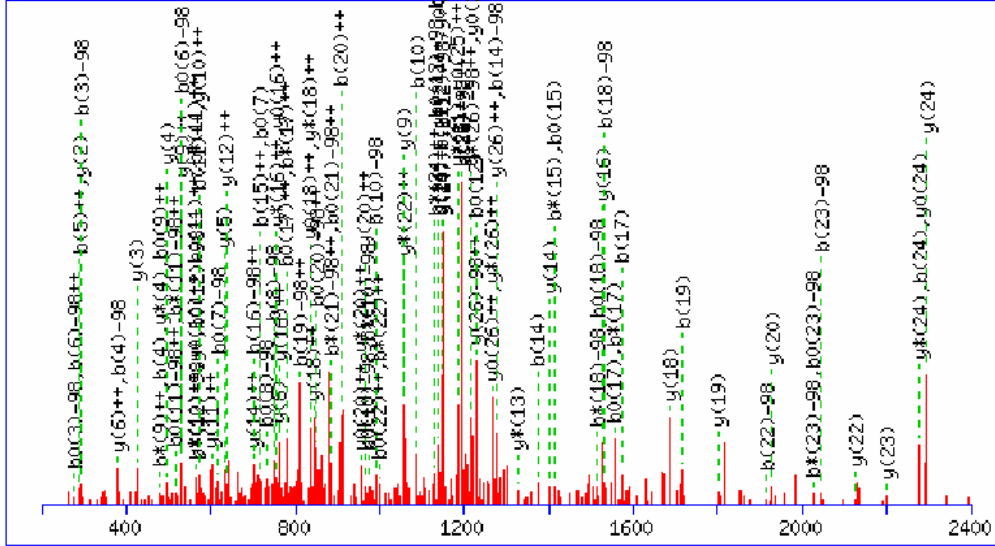


MS/MS Fragmentation of RTDGGSTAsLGGEIK  
 Found in IPI00747018, Similar to Sodium- and chloride-dependent creatine transporter 2



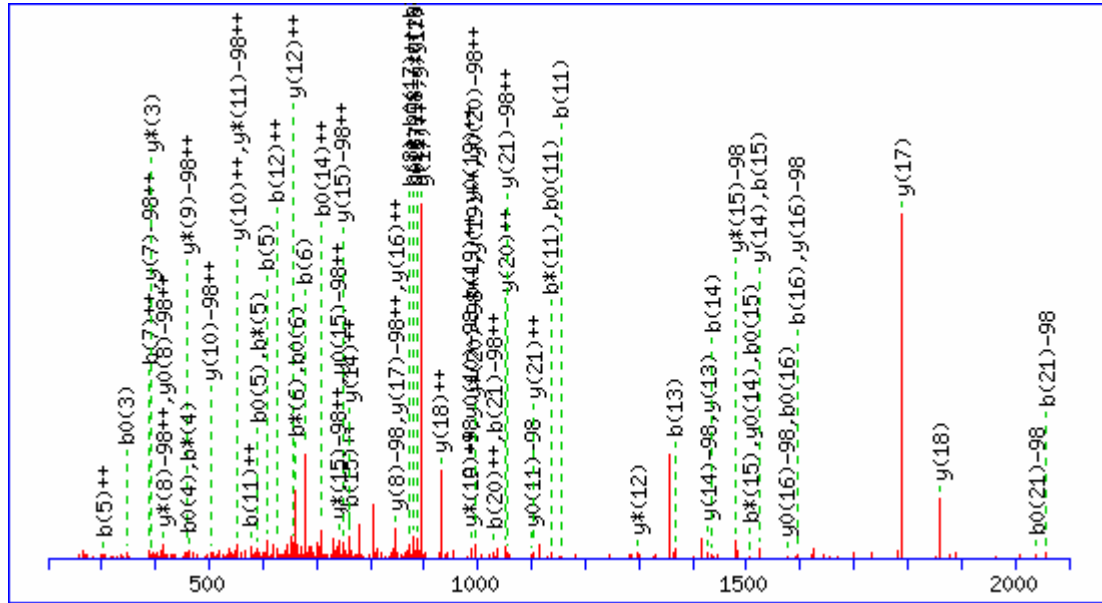
74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	378.7162 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	521.7492 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	715.8653 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1083.4466	b <sub>11</sub>
129.5817 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	389.2395	y <sub>3</sub>	529.7775 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	746.3428	b <sub>8</sub>	1099.5031	y <sub>11</sub>
130.6021 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	392.1860 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	542.2270 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	756.425	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1140.4681	b <sub>12</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	408.1857 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	550.2552 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	764.8538 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1156.5246	y <sub>12</sub>
187.0951 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	427.7046 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	570.7377 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	783.3648	y <sub>7</sub>	1171.5338	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
195.1234 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	429.2400 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	574.258	b <sub>6</sub>	815.3642	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1173.5746	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
215.6059 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	430.2045	b <sub>4</sub>	578.7659 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	854.4019	y <sub>8</sub>	1269.5107	b <sub>13</sub>
223.6341 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	446.2609	y <sub>4</sub>	586.2705 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	857.4727	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1271.5515	y <sub>13</sub>
244.1166 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	457.1742 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	587.2909 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	913.3411	b <sub>9</sub>	1274.6223	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
252.1448 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	464.7278 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	616.3665	y <sub>6</sub>	928.4483	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1284.6179	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
258.1561	b <sub>2</sub>	472.7560 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	635.2590 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	944.5047	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1372.5992	y <sub>14</sub>
260.1969	y <sub>2</sub>	478.2284 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	636.2794 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	955.4496	y <sub>9</sub>	1382.5948	b <sub>14</sub>
287.6326 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	487.2259	b <sub>5</sub>	637.8148 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	985.4697	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1430.7234	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
308.6869 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	493.2385 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	642.8126 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1001.5262	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1528.7003	MH
338.1565 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	501.2667 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	675.3056	b <sub>7</sub>	1026.4252	b <sub>10</sub>		
343.1976 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	503.2824	y <sub>5</sub>	685.3879	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1042.4816	y <sub>10</sub>		
373.183	b <sub>3</sub>	513.7162 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	686.8032 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1042.4912	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
373.6750 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	521.7445 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	691.8010 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1058.5477	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

MS/MS Fragmentation of SHsSPASLQLGTGAGAAGSPAQQHAHLR  
 Found in IPI00180266, WW domain-containing transcription regulator protein 1



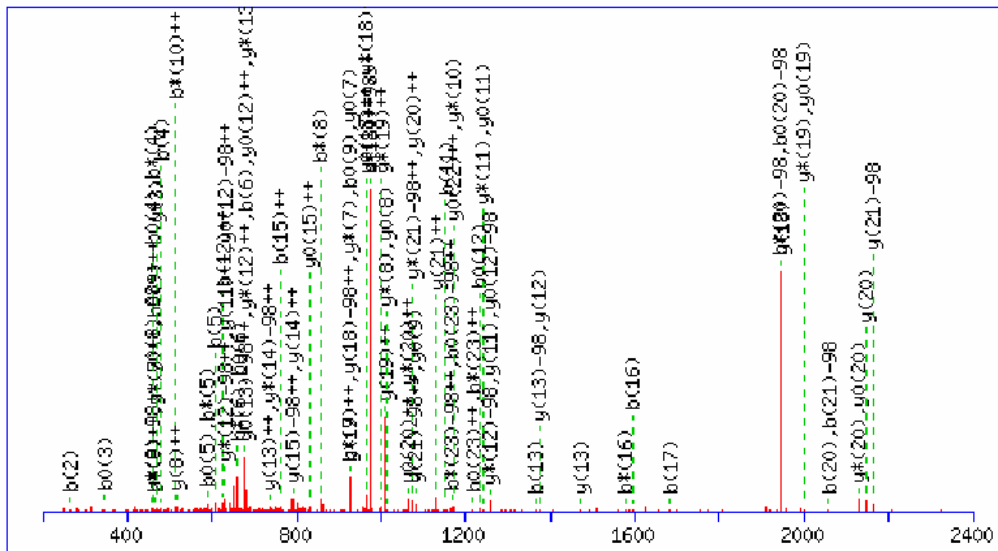
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	496.299	y <sub>4</sub>	810.3922 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1148.5989 <sup>+2</sup>	y <sub>24</sub> <sup>+2</sup>	1630.7221	b <sub>18</sub>
113.0527 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	524.2645 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	815.4139 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1175.5322 <sup>+2</sup>	b <sub>25</sub> <sup>+2</sup>	1686.8419	y <sub>18</sub>
144.6051 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	529.2861 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	815.8647 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1192.1149 <sup>+2</sup>	y <sub>25</sub> <sup>+2</sup>	1716.83	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
147.5635 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	544.7422 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	843.9246 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1195.0732 <sup>+2</sup>	b <sub>26</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1717.7541	b <sub>19</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	549.2416	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	847.3346	b <sub>8</sub>	1201.6185	y <sub>11</sub>	1787.8671	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
191.0795 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	572.8021 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	858.9186 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1205.5909	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1799.926	y <sub>19</sub>
196.5519 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	573.2530 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	859.3807 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1226.6256 <sup>+2</sup>	y <sub>26</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1814.8069	b <sub>20</sub>
213.1346 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	574.7884 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	877.4163	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1244.0617 <sup>+2</sup>	b <sub>26</sub> <sup>+2</sup>	1885.844	b <sub>21</sub>
225.0982	b <sub>2</sub>	576.1814	b <sub>5</sub>	889.4751	y <sub>7</sub>	1246.5464	b <sub>12</sub>	1915.9257	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
239.6059 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	601.3129 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	894.4372 <sup>+2</sup>	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1251.6153 <sup>+2</sup>	b <sub>27</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1927.9845	y <sub>20</sub>
240.0679 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	603.2991 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	900.4666 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1272.6556	y <sub>12</sub>	2013.9026	b <sub>22</sub>
248.6532 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	623.7768 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	907.9071 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1275.6141 <sup>+2</sup>	y <sub>26</sub> <sup>+2</sup>	2041.0686	y <sub>21</sub>
275.1244 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	633.358	y <sub>5</sub>	943.4256 <sup>+2</sup>	b <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1276.628	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2043.9843	b <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
288.203	y <sub>2</sub>	636.2736	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	958.4665 <sup>+2</sup>	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1295.1551 <sup>+2</sup>	y <sub>27</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2128.1006	y <sub>22</sub>
288.5943 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	636.8314 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	960.5122	y <sub>8</sub>	1300.6037 <sup>+2</sup>	b <sub>27</sub> <sup>+2</sup>	2141.9612	b <sub>23</sub>
294.1197	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	638.8177 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	964.4959 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1303.5678	b <sub>13</sub>	2181.0432	b <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
317.1826 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	647.2185	b <sub>6</sub>	975.3932	b <sub>9</sub>	1333.6495	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2199.1377	y <sub>23</sub>
318.6404 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	652.2875 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	990.5003	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1338.6711 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2252.0803	b <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
324.1129 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	667.3284 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1007.4549 <sup>+2</sup>	b <sub>22</sub> <sup>+2</sup>	1343.6927	y <sub>13</sub>	2279.0201	b <sub>24</sub>
367.6289 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	672.3500 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1021.0379 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1344.1435 <sup>+2</sup>	y <sub>27</sub> <sup>+2</sup>	2296.1905	y <sub>24</sub>
375.1825 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	687.8061 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1022.4958 <sup>+2</sup>	b <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1374.6049	b <sub>14</sub>	2350.0572	b <sub>25</sub>
381.1517	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	700.8607 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1047.5218	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1387.6596 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	2383.2225	y <sub>25</sub>
381.2119 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	702.8469 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1057.565	y <sub>9</sub>	1400.7142	y <sub>14</sub>	2389.1392	b <sub>26</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
392.0966	b <sub>3</sub>	716.3168 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1064.5539 <sup>+2</sup>	y <sub>22</sub> <sup>+2</sup>	1404.6866	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2452.244	y <sub>26</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
424.1709 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	734.2505	b <sub>7</sub>	1071.4842 <sup>+2</sup>	b <sub>23</sub> <sup>+2</sup>	1431.6264	b <sub>15</sub>	2487.1161	b <sub>26</sub>
425.2619	y <sub>3</sub>	736.3793 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1088.4772	b <sub>10</sub>	1471.7513	y <sub>15</sub>	2502.2233	b <sub>27</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
439.2118 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	738.3655 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1091.0252 <sup>+2</sup>	b <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1475.7237	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2550.2209	y <sub>26</sub>
445.2412 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	749.3577	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1100.0725 <sup>+2</sup>	y <sub>23</sub> <sup>+2</sup>	1502.6635	b <sub>16</sub>	2589.3029	y <sub>27</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
478.2045	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	751.8354 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1126.5438 <sup>+2</sup>	b <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1528.7727	y <sub>16</sub>	2600.2002	b <sub>27</sub>
479.1286	b <sub>4</sub>	761.4165	y <sub>6</sub>	1140.0137 <sup>+2</sup>	b <sub>24</sub> <sup>+2</sup>	1532.7452	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2676.3349	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
480.7597 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	764.8900 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1144.597	y <sub>10</sub>	1573.7006	b <sub>17</sub>	2687.2798	y <sub>27</sub>
488.2002 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	766.8762 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1145.4987	b <sub>11</sub>	1619.7772	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2774.3118	MH
495.7538 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	787.3540 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1148.5695	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1629.8204	y <sub>17</sub>		

MS/MS Fragmentation of DFTNEAPPAPLPDASA(S)PL(S)PHR  
 Found in IPI00295457, myosin phosphatase-Rho interacting protein isoform 1



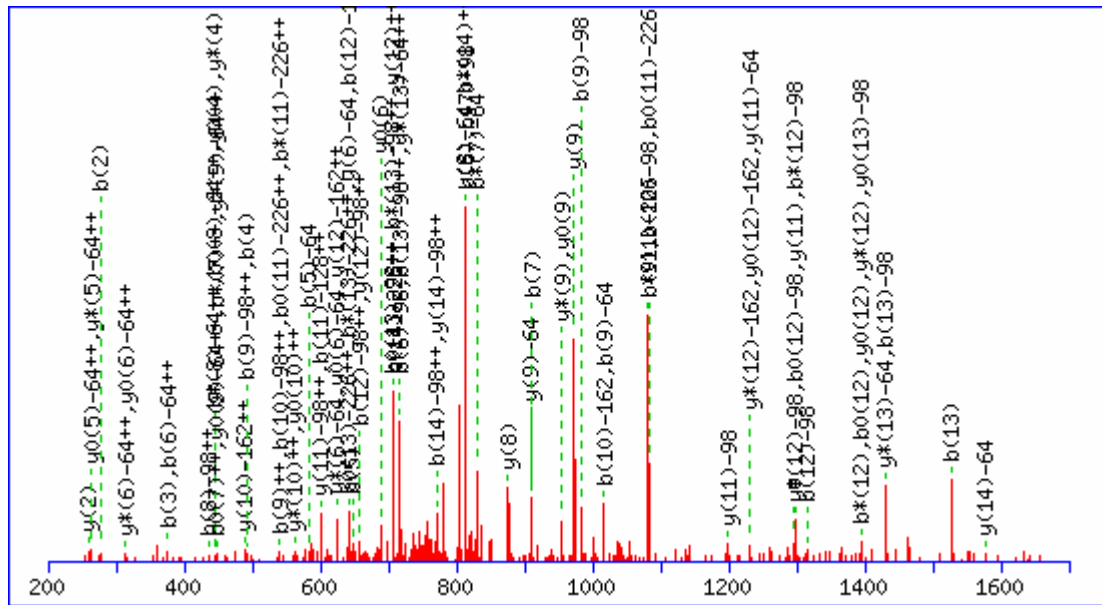
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	607.2358	b <sub>5</sub>	895.4353 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1216.6069	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1789.8633	y <sub>17</sub>
156.5926 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	608.8071 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	930.9538 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1217.531	y <sub>11</sub>	1858.7895	b <sub>18</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	609.2692 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	933.4901	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1234.0681 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1860.9004	y <sub>18</sub>
205.1190 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	609.3467	y <sub>5</sub>	943.4156	b <sub>9</sub>	1250.6052	b <sub>12</sub>	1873.8967	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
248.6350 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	657.7955 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	944.435	y <sub>8</sub>	1314.5838	y <sub>12</sub>	1891.9661	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
263.1026	b <sub>2</sub>	665.3491 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	946.4867 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1329.691	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1960.9287	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
305.1770 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	678.2729	b <sub>6</sub>	995.4751 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1365.6321	b <sub>13</sub>	1971.8736	b <sub>19</sub>
312.1779	y <sub>2</sub>	706.3995	y <sub>6</sub>	1003.5081 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1426.7437	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1989.943	y <sub>19</sub>
353.7034 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	713.8755 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1004.5272	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1427.6679	y <sub>13</sub>	2006.009	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
364.1503	b <sub>3</sub>	714.3376 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1031.467	y <sub>9</sub>	1436.6692	b <sub>14</sub>	2057.9815	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
388.2141 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	749.3941 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1040.4684	b <sub>10</sub>	1497.7809	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2058.9056	b <sub>20</sub>
409.2306	y <sub>3</sub>	762.8640 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1052.4966 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1523.7013	b <sub>15</sub>	2103.9859	y <sub>20</sub>
423.7327 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	775.3257	b <sub>7</sub>	1054.0320 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1524.7206	y <sub>14</sub>	2107.0567	y <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
437.2026 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	775.4209	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1098.0238 <sup>+2</sup>	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1594.7384	b <sub>16</sub>	2155.9584	b <sub>21</sub>
467.2487 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	797.9204 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1102.5041	y <sub>10</sub>	1594.8336	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2195.0404	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
472.7211 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	798.3825 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1103.0204 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1595.7577	y <sub>15</sub>	2205.0336	y <sub>21</sub>
478.1932	b <sub>4</sub>	846.4468 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1119.5541	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1663.7598	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2254.1251	y <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
496.2627	y <sub>4</sub>	846.4581	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1127.5662 <sup>+2</sup>	y <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1691.8864	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2293.0173	b <sub>22</sub>
502.7672 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	846.9089 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1147.0123 <sup>+2</sup>	b <sub>22</sub> <sup>+2</sup>	1692.8105	y <sub>16</sub>	2352.102	y <sub>22</sub>
516.2371 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	872.3785	b <sub>8</sub>	1153.5524	b <sub>11</sub>	1760.8126	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2369.152	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
551.7557 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	873.3978	y <sub>7</sub>	1176.5546 <sup>+2</sup>	y <sub>22</sub> <sup>+2</sup>	1761.7367	b <sub>17</sub>	2467.1289	MH
560.2807 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	881.9654 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1185.0797 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1762.9235	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

MS/MS Fragmentation of DFTNEAPPAPLPDASA(S)PL(S)PHRR  
 Found in IPI00295457, myosin phosphatase-Rho interacting protein isoform 1



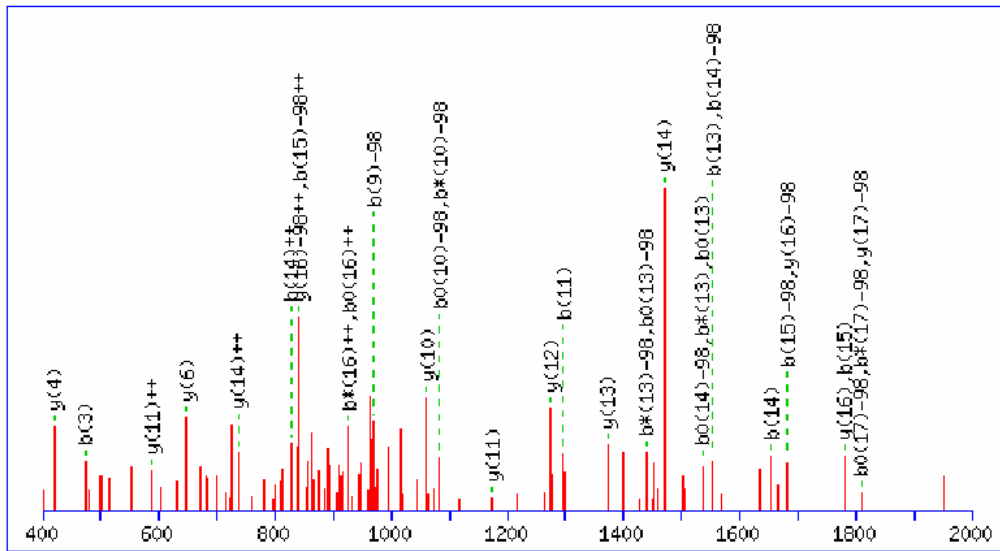
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	607.2358	b <sub>5</sub>	942.4669	y <sub>7</sub>	1250.6052	b <sub>12</sub>	1891.9072	b <sub>19</sub>
166.1137 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	629.8062 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	943.4156	b <sub>9</sub>	1254.6052 <sup>+2</sup>	y <sub>23</sub> <sup>+2</sup>	1919.0246	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	634.3532	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	960.0159 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1258.6052	y <sub>11</sub>	1945.9644	y <sub>18</sub>
234.6431 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	638.3313 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	973.4858 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1263.1302 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1960.9287	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
263.1026	b <sub>2</sub>	678.2729	b <sub>6</sub>	1002.5592	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1275.6553	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2017.0015	y <sub>19</sub>
283.1695 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	686.8576 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1009.0044 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1312.1187 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	2048.0672	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
317.6802 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	687.3197 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1024.5372 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1365.6321	b <sub>13</sub>	2057.9815	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
331.2201	y <sub>2</sub>	732.3301	y <sub>5</sub>	1029.499	y <sub>8</sub>	1372.708	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2058.9056	b <sub>20</sub>
364.1503	b <sub>3</sub>	735.8461 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1040.4684	b <sub>10</sub>	1373.6322	y <sub>12</sub>	2146.0441	y <sub>20</sub>
366.6687 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	743.3997 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1073.5257 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1436.6692	b <sub>14</sub>	2155.9584	b <sub>21</sub>
374.2223 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	747.4373	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1081.5587 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1470.6849	y <sub>13</sub>	2162.1101	y <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
422.7487 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	775.3257	b <sub>7</sub>	1089.5912	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1485.7921	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2195.0404	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
423.2107 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	791.9261 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1098.0238 <sup>+2</sup>	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1523.7013	b <sub>15</sub>	2260.087	y <sub>21</sub>
466.2647 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	792.3881 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1100.5361	y <sub>9</sub>	1582.8448	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2263.1578	y <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
468.279	y <sub>3</sub>	827.4446 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1130.5471 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1583.769	y <sub>14</sub>	2293.0173	b <sub>22</sub>
471.7371 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	840.9145 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1132.0825 <sup>+2</sup>	y <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1594.7384	b <sub>16</sub>	2351.1415	b <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
478.1932	b <sub>4</sub>	844.49	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1147.0123 <sup>+2</sup>	b <sub>22</sub> <sup>+2</sup>	1653.882	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2361.1347	y <sub>22</sub>
501.7832 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	845.4142	y <sub>6</sub>	1153.5524	b <sub>11</sub>	1680.8217	y <sub>15</sub>	2410.2262	y <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
515.2531 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	872.3785	b <sub>8</sub>	1160.6283	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1681.7704	b <sub>17</sub>	2449.1184	b <sub>23</sub>
545.2992 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	875.9710 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1176.0744 <sup>+2</sup>	b <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1750.9347	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2508.2031	y <sub>23</sub>
550.7717 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	876.4331 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1181.0710 <sup>+2</sup>	y <sub>22</sub> <sup>+2</sup>	1751.8589	y <sub>16</sub>	2525.2532	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
565.3317	y <sub>4</sub>	924.4974 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1187.5681	y <sub>10</sub>	1778.8232	b <sub>18</sub>	2623.2301	MH
580.8178 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	924.9594 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1205.6167 <sup>+2</sup>	y <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1847.9875	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
594.2877 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	931.5221	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1225.0628 <sup>+2</sup>	b <sub>23</sub> <sup>+2</sup>	1848.9116	y <sub>17</sub>		

MS/MS Fragmentation of mEVDRsPGLPmSDLK  
 Found in IPI00295457, myosin phosphatase-Rho interacting protein isoform 1



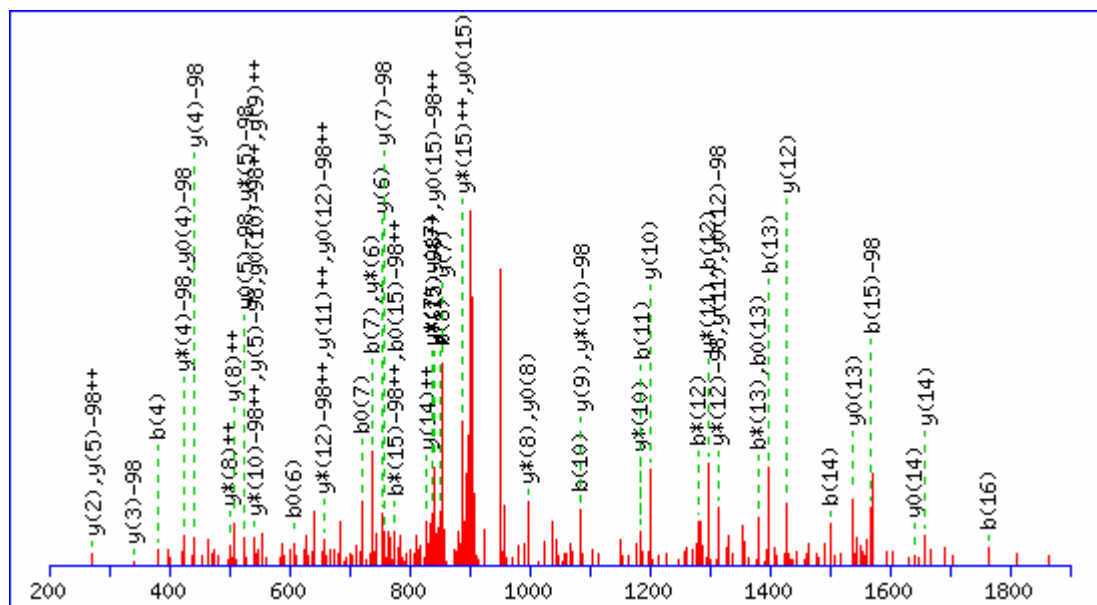
74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	438.7284 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	657.3295 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	820.8384 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1313.6518	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
130.6021 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	456.1701 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	657.7945 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	844.9027 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1314.5817	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	462.2558	y <sub>4</sub>	663.2669 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	870.3774	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1325.5266	b <sub>11</sub>
188.1155 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	484.6808 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	706.3180 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	876.4495	y <sub>8</sub>	1411.6287	y <sub>12</sub>
231.6316 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	487.2548 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	706.344	y <sub>6</sub>	893.8912 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1412.5586	b <sub>12</sub>
260.1969	y <sub>2</sub>	491.1806	b <sub>4</sub>	706.7829 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	911.3329	b <sub>7</sub>	1412.7202	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
277.0853	b <sub>2</sub>	492.2344 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	706.8638 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	968.3543	b <sub>8</sub>	1429.6086	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
305.1493 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	521.7655 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	715.3080 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	973.5023	y <sub>9</sub>	1510.6971	y <sub>13</sub>
324.1445 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	540.7608 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	716.3032	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	983.4615	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1527.5855	b <sub>13</sub>
353.6756 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	541.2228 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	755.8522 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1042.5238	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1541.7628	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
358.6552 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	570.7540 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	764.2964 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1080.5143	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1542.6927	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
375.2238	y <sub>3</sub>	589.7492 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	771.3850 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1081.4384	b <sub>9</sub>	1639.7397	y <sub>14</sub>
376.1537	b <sub>3</sub>	599.8161 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	771.8500 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1140.5007	y <sub>10</sub>	1640.6696	b <sub>14</sub>
407.1816 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	609.2912	y <sub>5</sub>	813.356	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1178.4912	b <sub>10</sub>	1688.7982	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
407.6437 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	614.2785 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	814.2801	b <sub>6</sub>	1198.6249	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1786.7751	MH
410.2177 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	647.2817	b <sub>5</sub>	819.4281	y <sub>7</sub>	1227.5497	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
435.6924 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	648.8045 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	820.3735 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1296.6018	y <sub>11</sub>		

MS/MS Fragmentation of YQtQPVTLGEVEQVQSGK  
 Found in IPI00018370, Isoform 2 of Supervillin



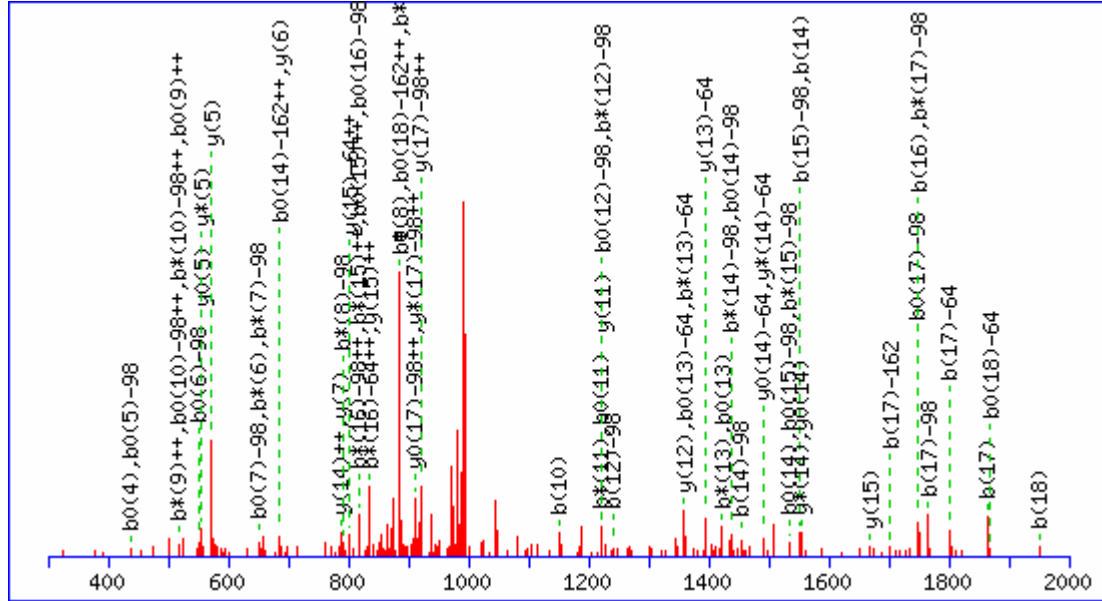
74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	502.2564 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	799.9229 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1068.4762	b <sub>9</sub>	1652.7567	b <sub>14</sub>
102.5708 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	503.2249	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	800.3937	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1099.5419	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1681.8755	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
146.0868 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	518.2933	y <sub>5</sub>	841.4414 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1173.611	y <sub>11</sub>	1682.8384	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	530.7671 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	874.4629	y <sub>8</sub>	1197.5187	b <sub>10</sub>	1769.8705	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
204.1343	y <sub>2</sub>	587.3091 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	890.4299 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1198.6103	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1779.8524	y <sub>16</sub>
210.1161 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	600.2776	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	898.3706	b <sub>7</sub>	1274.6587	y <sub>12</sub>	1780.8153	b <sub>15</sub>
259.6503 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	601.2018	b <sub>4</sub>	905.4707 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1296.5872	b <sub>11</sub>	1809.9341	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
291.1663	y <sub>3</sub>	637.8330 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	913.4778	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1327.6529	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1826.8919	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
292.1292	b <sub>2</sub>	646.3519	y <sub>6</sub>	954.4591 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1373.7271	y <sub>13</sub>	1867.8474	b <sub>16</sub>
323.6796 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	687.3672 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	970.4993	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1425.6298	b <sub>12</sub>	1907.911	y <sub>17</sub>
375.1663	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	698.2545	b <sub>5</sub>	987.0024 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1455.7114	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1924.8688	b <sub>17</sub>
388.2009 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	699.3461	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1003.5055	y <sub>9</sub>	1470.7798	y <sub>14</sub>	1972.9974	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
419.2249	y <sub>4</sub>	735.8936 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1011.4547	b <sub>8</sub>	1553.6883	b <sub>13</sub>	2070.9743	MH
437.7351 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	775.3945	y <sub>7</sub>	1035.9908 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1554.7798	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
473.1432	b <sub>3</sub>	797.3229	b <sub>6</sub>	1060.5269	y <sub>10</sub>	1598.8384	y <sub>15</sub>		

MS/MS Fragmentation of AAHTEDINACTLTTsPR  
 Found in IPI00021786, RAF proto-oncogene serine/threonine-protein kinase



88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	379.2138 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	625.2576	b <sub>6</sub>	853.8582 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1341.6103	b <sub>13</sub>
136.5895 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	381.1881	b <sub>4</sub>	628.7889 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	855.3972	y <sub>7</sub>	1371.5974	y <sub>12</sub>
140.5738 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	426.6959 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	637.3139 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	856.4070 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1402.6631	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
143.0815	b <sub>2</sub>	428.2022 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	641.2654	y <sub>5</sub>	860.4295	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1442.658	b <sub>14</sub>
171.1002 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	430.7184 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	656.3726	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	869.8769 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1500.64	y <sub>13</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	439.1701	y <sub>3</sub>	671.3088 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	891.9256 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1503.7108	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
191.0977 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	442.2409	y <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	686.3023 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	905.3955 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1511.6795	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
220.0887 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	462.2145 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	701.8352 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	923.4217	b <sub>9</sub>	1601.6877	y <sub>14</sub>
221.6241 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	466.2369 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	721.8326 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	931.4666	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1608.7322	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
255.6190 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	479.7068 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	738.3417	b <sub>7</sub>	940.9140 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1609.6564	b <sub>15</sub>
270.6125 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	510.2307	b <sub>5</sub>	750.8236 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	958.4064	y <sub>8</sub>	1640.7697	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
272.1479 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	513.7191 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	752.3590 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1026.4309	b <sub>10</sub>	1706.7091	b <sub>16</sub>
272.1717	y <sub>2</sub>	515.2254 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	754.3495	y <sub>6</sub>	1029.4435	y <sub>9</sub>	1711.8068	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
280.1404	b <sub>3</sub>	523.2584 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	756.3434 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1045.5095	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1738.7466	y <sub>15</sub>
313.1325 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	540.2178	y <sub>4</sub>	757.4203	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1127.4786	b <sub>11</sub>	1782.8439	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
321.1364 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	543.2885	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	801.3475 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1143.4864	y <sub>10</sub>	1809.7837	y <sub>16</sub>
328.6899 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	564.2429 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	804.8698 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1158.5936	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1880.8208	MH
341.1932	y <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	572.2468 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	805.3318 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1240.5627	b <sub>12</sub>		
369.6745 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	579.8004 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	820.8885 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1256.5705	y <sub>11</sub>		
377.6784 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	620.7850 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	852.3846	b <sub>8</sub>	1273.6205	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

MS/MS Fragmentation of STsTPNVHmVSTTLPVDSR  
 Found in IPI00021786, RAF proto-oncogene serine/threonine-protein kinase

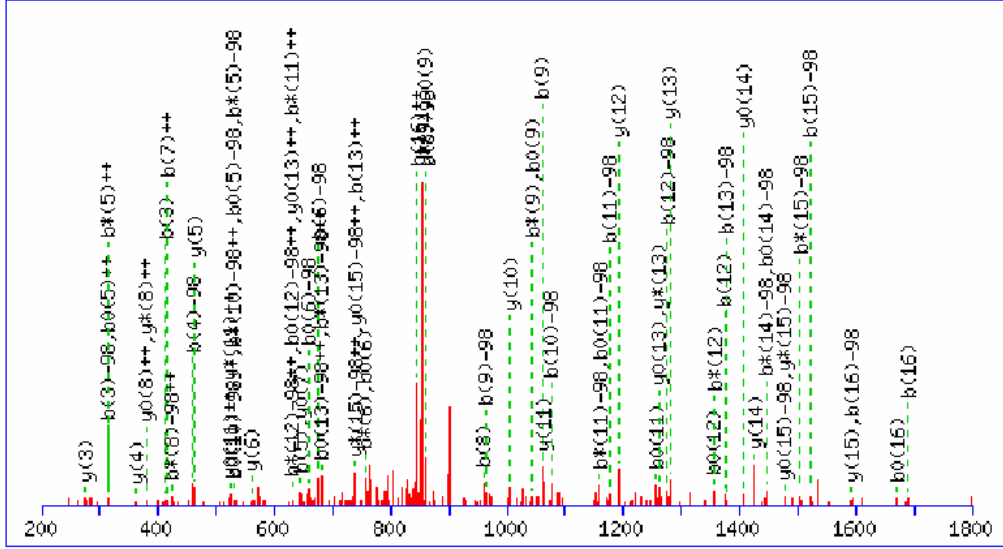


88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	477.2109 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	727.8508 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	968.9453 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1457.7417	y <sub>13</sub>
131.5791 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	488.2589 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	729.3745 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	970.4807 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1551.7472	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	526.1994 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	767.2971	b <sub>7</sub>	975.5106	y <sub>9</sub>	1552.6713	b <sub>14</sub>
189.087	b <sub>2</sub>	526.7451 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	776.3772 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	975.9294 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1571.7846	y <sub>14</sub>
189.0926 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	537.7931 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	776.8393 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1013.9968 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1649.7241	b <sub>15</sub>
238.6268 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	554.1858	b <sub>5</sub>	786.3959 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1019.4692 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1650.8156	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
258.1084	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	570.2518	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	787.4308	y <sub>7</sub>	1051.3914	b <sub>9</sub>	1668.8374	y <sub>15</sub>
262.151	y <sub>2</sub>	570.2611 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	806.3791	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1052.483	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1748.7925	b <sub>16</sub>
287.1532 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	573.2991	y <sub>5</sub>	825.3657 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1062.9852 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1765.8425	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
343.6952 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	575.7336 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	825.9114 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1074.579	y <sub>10</sub>	1769.8851	y <sub>16</sub>
356.0853	b <sub>3</sub>	611.3108 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	834.9223 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1139.515	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1838.9065	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
359.1561	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	619.2496 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	874.8999 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1150.4599	b <sub>10</sub>	1852.8746	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
377.1779	y <sub>3</sub>	620.7850 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	883.4249 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1221.6144	y <sub>11</sub>	1863.8194	b <sub>17</sub>
394.2191 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	668.2287	b <sub>6</sub>	885.4462 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1237.4919	b <sub>11</sub>	1936.8834	y <sub>17</sub>
403.6932 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	669.3202	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	888.4785	y <sub>8</sub>	1240.5627	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1939.9542	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
444.7429 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	669.7734 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	904.356	b <sub>8</sub>	1338.5396	b <sub>12</sub>	1950.8514	b <sub>18</sub>
452.6817 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	671.3088 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	919.9569 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1341.6103	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2026.9862	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
456.2089	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	679.8403 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	926.9409 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1358.6733	y <sub>12</sub>	2037.9311	y <sub>18</sub>
457.133	b <sub>4</sub>	686.3832	y <sub>6</sub>	932.4133 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1439.5872	b <sub>13</sub>	2124.9631	MH
476.2463	y <sub>4</sub>	720.2973 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	953.4145	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1454.6944	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		



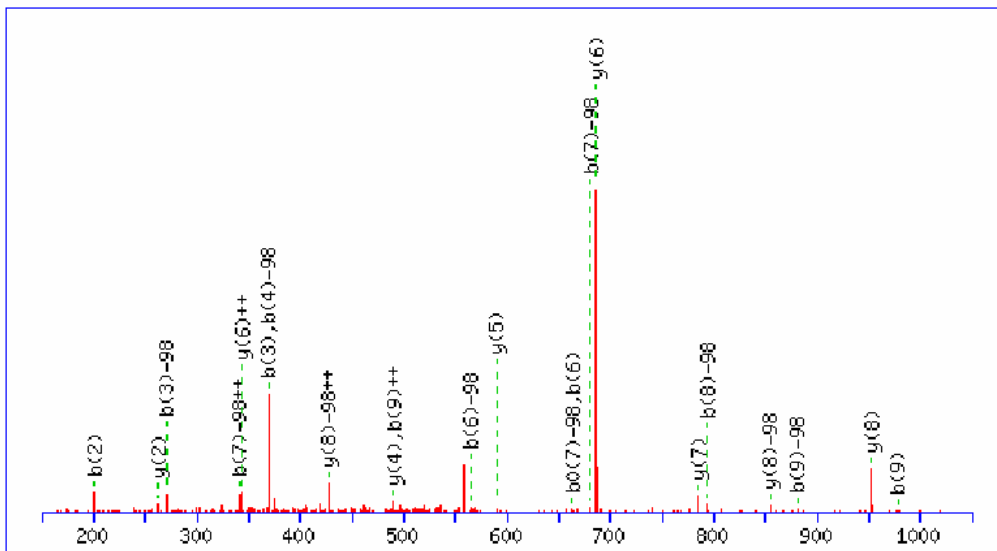


MS/MS Fragmentation of RSsFSEGQTLTVTSGAK  
 Found in IPI00060439, KIAA0226 protein (Fragment)



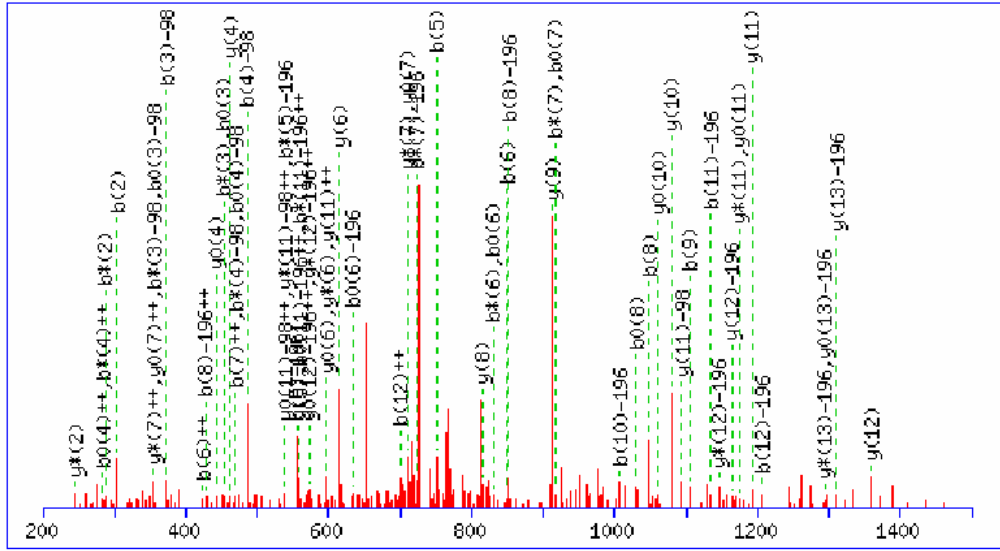
74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	362.2034	y <sub>4</sub>	588.7858 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	796.3892 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1275.6328	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
109.5786 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	367.1668 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	596.3144 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	796.8638 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1278.6536	y <sub>13</sub>
122.5738 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	387.6445 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	637.7743 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	809.8591 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1373.6097	b <sub>12</sub>
138.0893 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	388.7293 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	638.3200 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	831.3033	b <sub>7</sub>	1376.6805	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	411.1388	b <sub>3</sub>	639.8304 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	840.3798 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1425.722	y <sub>14</sub>
157.0846 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	416.1553 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	645.2392	b <sub>5</sub>	845.3776 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1463.7125	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
181.6053 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	431.1961 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	663.3672	y <sub>7</sub>	861.385	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1474.6574	b <sub>13</sub>
206.0730 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	439.2531 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	676.3049	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	869.4419 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1494.7435	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
218.1499	y <sub>2</sub>	460.2303	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	687.3085 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	877.4989	y <sub>9</sub>	1520.734	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
230.6188 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	463.2511	y <sub>5</sub>	688.8439 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	918.4304 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1561.6894	b <sub>14</sub>
232.1292 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	480.1846 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	713.3646 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	959.3619	b <sub>8</sub>	1581.7755	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
244.1404	b <sub>2</sub>	481.7200 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	732.3599 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	962.4326	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1591.7711	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
274.1348 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	503.2824 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	733.3264	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1005.5575	y <sub>10</sub>	1592.7204	y <sub>15</sub>
275.1714	y <sub>3</sub>	530.7084 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	737.8323 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1060.4095	b <sub>9</sub>	1618.7109	b <sub>15</sub>
279.6072 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	531.7931 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	747.8754 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1062.579	y <sub>11</sub>	1679.7524	y <sub>16</sub>
281.6634 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	538.2620 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	760.8706 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1075.5167	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1689.748	b <sub>16</sub>
313.1619	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	547.2623	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	774.2818	b <sub>6</sub>	1173.4936	b <sub>10</sub>	1737.8766	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
323.1232 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	558.2072	b <sub>4</sub>	776.4512	y <sub>8</sub>	1176.5644	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1835.8535	MH
332.1872 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	562.3195	y <sub>6</sub>	781.3483 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1191.6216	y <sub>12</sub>		
338.6561 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	587.2504 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	791.3914 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1274.5413	b <sub>11</sub>		

MS/MS Fragmentation of SLsVPVDSLR  
 Found in IPI00009900, Protein FAM53C



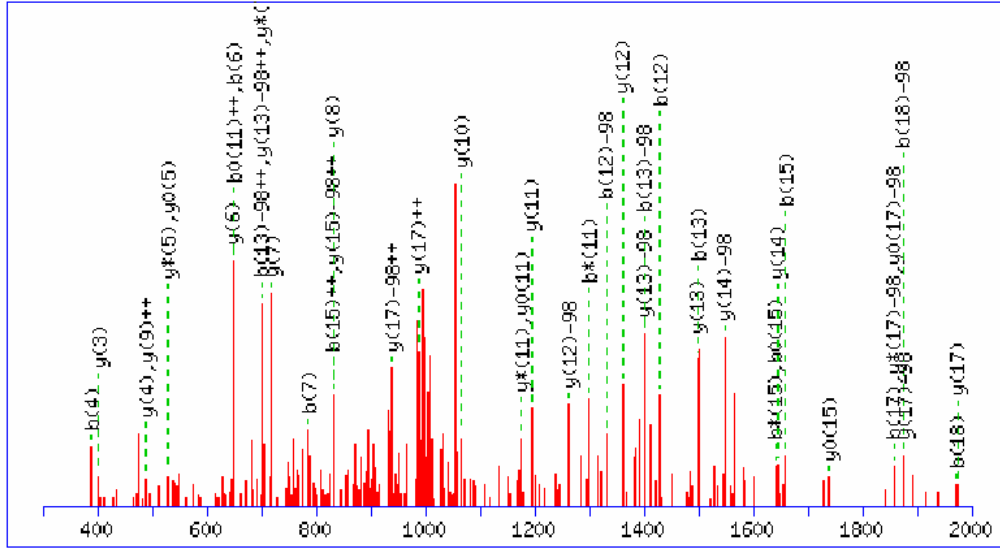
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	343.6952 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	484.2822 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	680.3614	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	967.5571	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
131.5791 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	368.1217	b <sub>3</sub>	490.262	y <sub>4</sub>	686.3832	y <sub>6</sub>	978.4544	b <sub>9</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	369.2132	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	527.7982 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	778.3383	b <sub>7</sub>	1054.5891	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
188.1212 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	375.235	y <sub>3</sub>	533.2706 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	785.4516	y <sub>7</sub>	1065.534	y <sub>9</sub>
201.1234	b <sub>2</sub>	393.2294 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	564.2429	b <sub>5</sub>	793.4454	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1152.566	MH
245.6346 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	427.7402 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	565.3344	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	854.473	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
262.151	y <sub>2</sub>	466.266	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	576.7867 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	880.4775	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
270.1448	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	467.1901	b <sub>4</sub>	589.3304	y <sub>5</sub>	891.4223	b <sub>8</sub>		
295.1688 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	476.7286 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	663.3113	b <sub>6</sub>	952.4499	y <sub>8</sub>		

MS/MS Fragmentation of RFsLsPSLGPQASR  
 Found in IPI00009900, Protein FAM53C



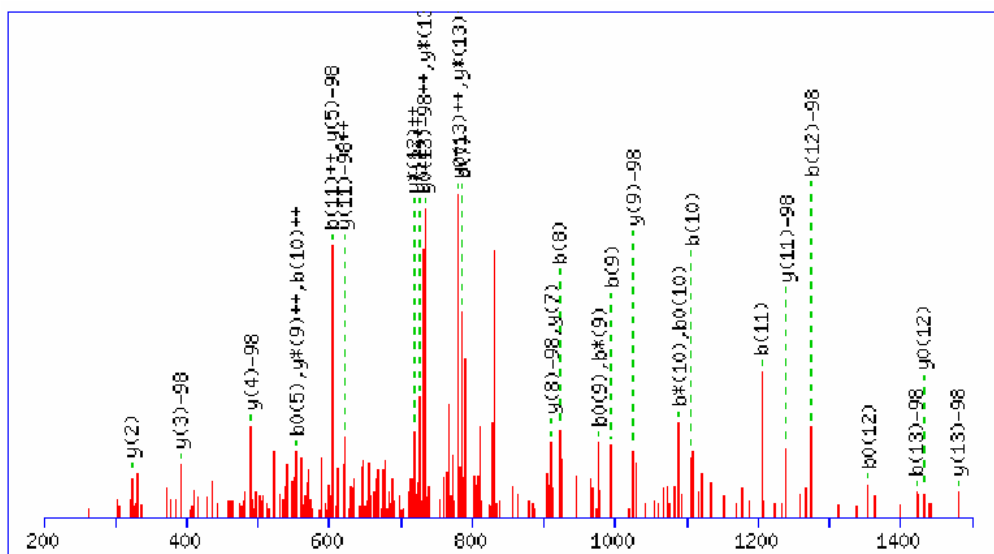
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	376.1324 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	567.8064 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	750.3335	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1163.6167	y <sub>12</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
131.5791 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	408.2221 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	582.3120 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	751.2576	b <sub>5</sub>	1192.5722	y <sub>11</sub>
152.5920 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	419.1864 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	584.2592	b <sub>4</sub>	753.8231 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1202.5007	b <sub>10</sub>
167.0977 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	424.6588 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	596.7897 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	782.8852 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1205.6426	b <sub>12</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	426.7400 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	601.7540 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	815.437	y <sub>8</sub>	1232.5823	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
187.1028 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	455.2507 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	603.3249 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	831.8737 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1261.5936	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
231.1270 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	456.7485 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	615.3209	y <sub>6</sub>	837.3655	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1292.6746	b <sub>13</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
236.0912 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	461.2467	y <sub>4</sub>	616.7948 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	848.3103	b <sub>6</sub>	1303.6195	b <sub>12</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
243.6448 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	468.1748 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	631.3005 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	852.4726	b <sub>8</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1310.6852	y <sub>13</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
262.151	y <sub>2</sub>	471.1752	b <sub>3</sub>	646.8409 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	909.4941	b <sub>9</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1330.5592	b <sub>11</sub>
278.1555 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	475.7284 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	652.3134 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	912.4898	y <sub>9</sub>	1359.5705	y <sub>12</sub>
279.6534 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	486.2823	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	652.3566	b <sub>6</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	935.3424	b <sub>7</sub>	1390.6515	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
292.6333 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	491.2592 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	653.2807	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	950.4495	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1401.5964	b <sub>12</sub>
304.1768	b <sub>2</sub>	503.7771 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	655.8462 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	981.5112	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1408.6621	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
308.1641 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	504.2391 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	665.7833 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	1006.5469	b <sub>10</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1488.6284	b <sub>13</sub>
326.6819 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	524.7169 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	680.2889 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1007.471	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1506.639	y <sub>13</sub>
327.1440 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	540.2477 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	695.8294 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1048.4264	b <sub>8</sub>	1564.7632	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
333.1881	y <sub>3</sub>	547.8013 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	701.3018 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1079.4881	y <sub>10</sub>	1662.7401	MH
364.7061 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	552.7655 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	704.8347 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1094.5953	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
370.1979 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	553.2276 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	728.405	y <sub>7</sub>	1104.5238	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
373.1983	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	555.3038	b <sub>5</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	739.3886	b <sub>7</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1105.4479	b <sub>9</sub>		
375.6704 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	558.2994	y <sub>5</sub>	744.8178 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1134.6055	b <sub>11</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

MS/MS Fragmentation of ATSEIFHsQSFLATGSNLR  
Found in IPI00153055, Isoform 2 of Septin-10



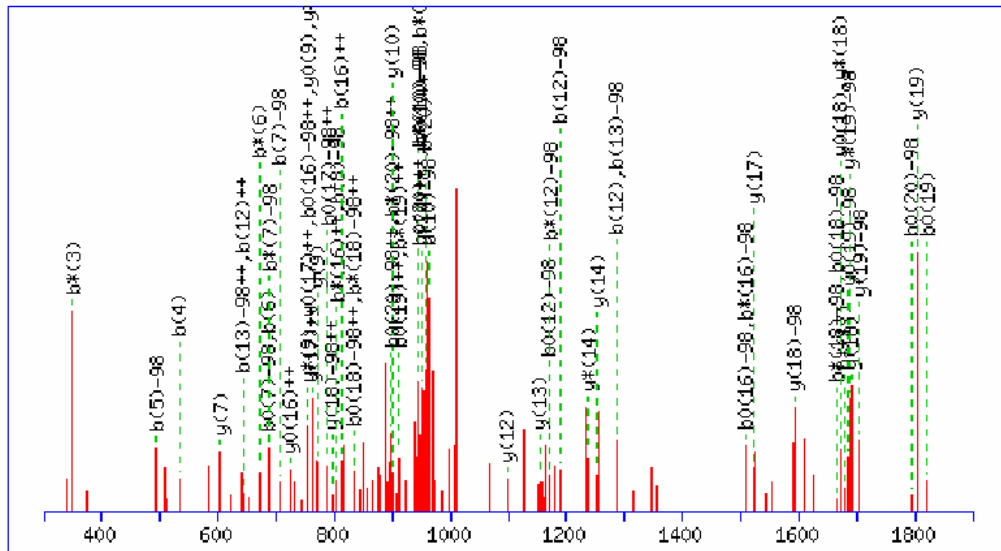
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	533.2880 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	780.3781 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	987.4595 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1546.7761	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
144.6051 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	535.7487 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	786.3781	b <sub>7</sub>	988.9949 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1559.7489	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
173.0921	b <sub>2</sub>	541.2211 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	800.8558 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1024.5134 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1600.7043	b <sub>14</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	546.2994	y <sub>5</sub>	822.8801 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1037.9833 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1644.753	y <sub>14</sub>
201.6266 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	584.7372 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	823.8941 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1065.5687	y <sub>10</sub>	1646.7809	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
245.1426 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	597.3173 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	829.3665 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1070.4901	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1657.7258	b <sub>15</sub>
260.1241	b <sub>3</sub>	609.2829 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	830.4337 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1073.5019 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1659.8602	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
273.6534 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	631.8280 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	831.4683	y <sub>8</sub>	1081.435	b <sub>9</sub>	1744.7578	b <sub>16</sub>
288.203	y <sub>2</sub>	647.3471	y <sub>6</sub>	855.3995	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1168.467	b <sub>10</sub>	1757.8371	y <sub>15</sub>
324.1772 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	649.3192	b <sub>6</sub>	872.8825 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1193.6273	y <sub>11</sub>	1760.8238	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
359.6958 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	658.2714 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	879.4222 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1217.5586	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1788.9028	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
389.1667	b <sub>4</sub>	665.8250 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	880.9156 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1262.6488	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1858.8007	b <sub>17</sub>
393.6927 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	680.8165 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	894.9550 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1315.5355	b <sub>11</sub>	1873.9079	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
402.2459	y <sub>3</sub>	700.3575 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	929.9040 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1330.6426	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1875.9348	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
416.2378 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	701.3435 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	937.4576 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1360.6257	y <sub>12</sub>	1886.8797	y <sub>16</sub>
428.2034 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	714.8134 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	938.4710 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1399.7077	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1971.8848	b <sub>18</sub>
477.1919 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	718.3842	y <sub>7</sub>	943.9435 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1401.6797	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1973.9117	y <sub>17</sub>
489.278	y <sub>4</sub>	749.3459 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	953.3764	b <sub>8</sub>	1428.6195	b <sub>12</sub>	1976.9825	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
489.7720 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	750.3320 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	978.5367	y <sub>9</sub>	1497.6846	y <sub>13</sub>	2048.0196	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
492.2327 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	751.8673 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	983.4581	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1499.6566	b <sub>13</sub>	2074.9594	y <sub>18</sub>
502.2508	b <sub>5</sub>	773.8917 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	986.4460 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1502.7274	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2145.9965	MH

MS/MS Fragmentation of DQLSQNVHALVsFR  
 Found in IPI00414743, PREDICTED: SH2 domain containing 5



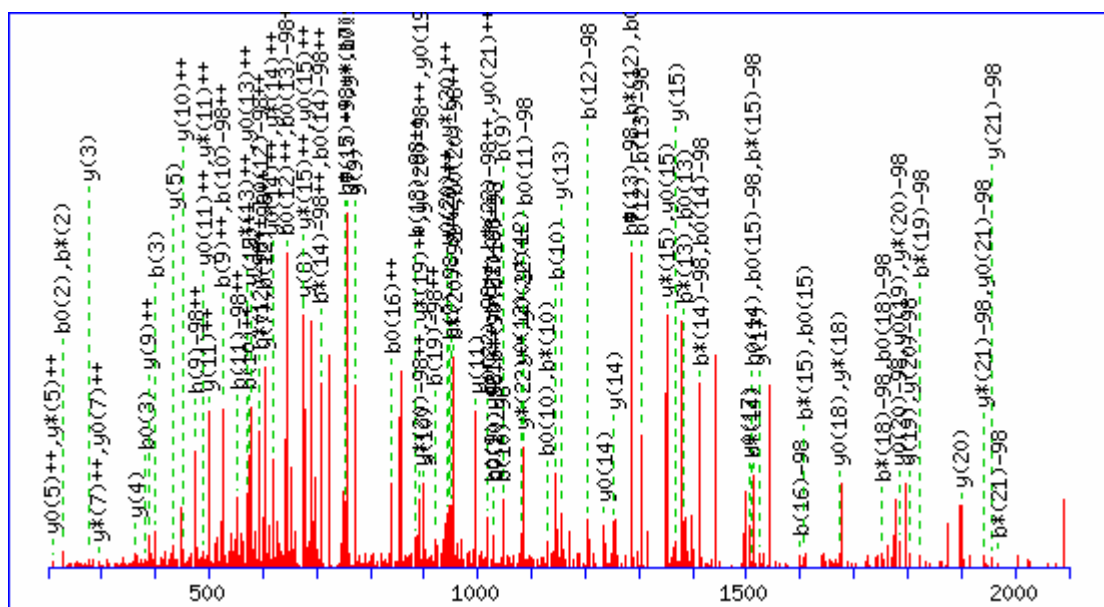
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	406.2323 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	603.3173 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	772.3753	y <sub>6</sub>	1205.6273	b <sub>11</sub>
161.5973 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	444.2089	b <sub>4</sub>	603.3613	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	785.3788	b <sub>7</sub>	1239.6593	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	455.2208 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	620.3333 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	789.8930 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1250.6041	y <sub>10</sub>
196.1081 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	455.7665 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	625.8057 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	798.4181 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1274.6488	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
244.0928	b <sub>2</sub>	461.7225 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	637.8280 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	811.4573	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1337.6362	y <sub>11</sub>
245.0965 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	489.1857	y <sub>3</sub>	669.3217 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	847.4065 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1352.7433	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
245.6423 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	490.2772	y <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	674.3984	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	909.4342	y <sub>7</sub>	1372.6257	b <sub>12</sub>
294.6307 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	497.2411 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	676.8753 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	910.5257	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1421.7172	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
302.1843 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	504.7550 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	686.3104	b <sub>6</sub>	922.4377	b <sub>8</sub>	1450.7202	y <sub>12</sub>
322.1874	y <sub>2</sub>	512.7880 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	686.8165 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	993.4748	b <sub>9</sub>	1480.8019	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
337.7028 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	553.7831 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	701.3382	y <sub>5</sub>	1008.5026	y <sub>8</sub>	1519.6941	b <sub>13</sub>
351.1727 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	561.7764 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	711.3622 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1024.5687	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1578.7788	y <sub>13</sub>
357.1769	b <sub>3</sub>	572.2675	b <sub>5</sub>	725.8638 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1106.5589	b <sub>10</sub>	1595.8289	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
386.6913 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	576.8173 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	740.9046 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1122.5456	y <sub>9</sub>	1693.8058	MH
391.2088	y <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	588.2541	y <sub>4</sub>	760.3507 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1152.6273	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

MS/MS Fragmentation of RPLsGPDVGTGPAGLASGAK  
 Found in IPI00014068, Isoform 1 of Serine/threonine-protein kinase PAK 4



74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	402.7218 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	678.3570 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	901.4758 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1453.6835	b <sub>14</sub>
109.5786 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	431.2325 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	684.8595 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	901.9378 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1465.7645	y <sub>16</sub>
127.5842 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	433.2405	y <sub>5</sub>	688.3178	b <sub>6</sub>	902.4132	b <sub>8</sub>	1510.705	b <sub>15</sub>
138.0893 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	436.2667	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	691.8268 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	906.4736 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1522.786	y <sub>17</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	450.2509 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	705.3678	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	919.9435 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1525.8122	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
181.6053 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	451.7102 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	706.8677 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	950.4642 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1591.8075	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
184.1262 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	480.2209 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	727.3454 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	955.4620 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1596.8493	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
217.1239 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	481.7563 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	733.3859 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	959.4346	b <sub>9</sub>	1623.789	b <sub>16</sub>
218.1499	y <sub>2</sub>	493.2881	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	755.8561 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	962.5054	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1683.8813	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
218.6370 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	498.7773 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	761.8966 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	979.5263 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1689.7844	y <sub>18</sub>
247.1477 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	530.2827 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	763.4097 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	996.5473	y <sub>11</sub>	1694.8262	b <sub>17</sub>
254.1612	b <sub>2</sub>	530.7448 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	771.4359	y <sub>9</sub>	1028.5148 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1704.8915	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
267.6254 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	534.2436	b <sub>4</sub>	796.4074 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1059.5582	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1740.9028	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
273.6659 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	546.3246	y <sub>6</sub>	798.9283 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1060.4823	b <sub>10</sub>	1781.8582	b <sub>18</sub>
275.1714	y <sub>3</sub>	549.3011 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	803.3447	b <sub>7</sub>	1097.5949	y <sub>12</sub>	1801.9443	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
295.6741 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	577.8118 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	804.4363	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1154.6164	y <sub>13</sub>	1802.8684	y <sub>19</sub>
296.1362 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	579.2712 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	812.3982 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1157.5351	b <sub>11</sub>	1811.9399	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
302.1767 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	590.3409	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	842.4443 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1187.6167	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1838.8797	b <sub>19</sub>
337.6952 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	591.265	b <sub>5</sub>	845.3958 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1253.6848	y <sub>14</sub>	1899.9212	y <sub>20</sub>
344.6625 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	594.3120 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	847.9167 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1284.6695	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1909.9168	b <sub>20</sub>
353.1876 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	603.3461	y <sub>7</sub>	852.9494 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1285.5936	b <sub>12</sub>	1958.0454	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
362.2034	y <sub>4</sub>	627.3461 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	861.4577	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1355.7066	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2056.0223	MH
367.2452	b <sub>3</sub>	642.8384 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	870.9550 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1368.7118	y <sub>15</sub>		
386.2216 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	643.3005 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	891.4327 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1382.6464	b <sub>13</sub>		
402.1760 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	674.3832	y <sub>8</sub>	899.4945	y <sub>10</sub>	1412.7281	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

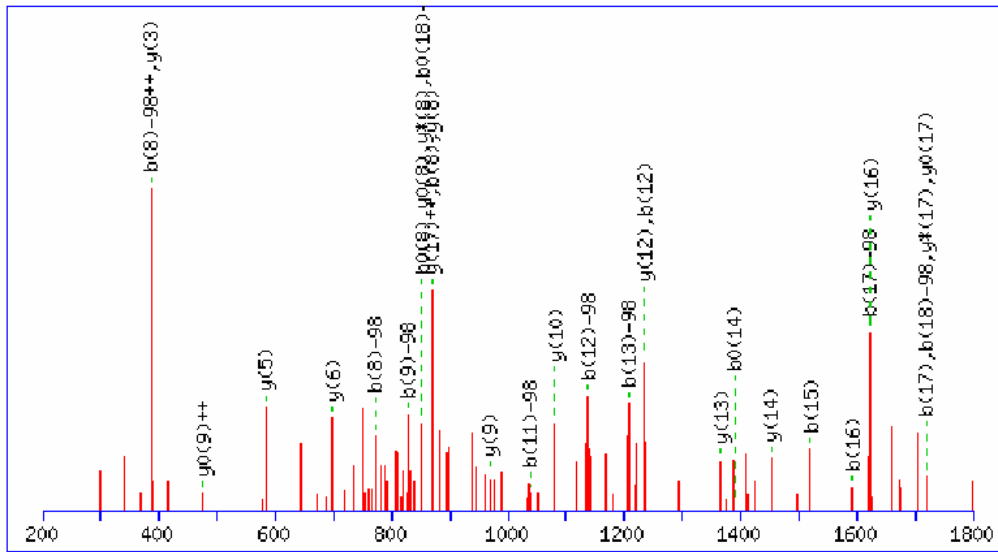
MS/MS Fragmentation of DKRPLsGPDVGTGPAGLASGAK  
 Found in IPI00014068, Isoform 1 of Serine/threonine-protein kinase PAK 4



74.0600 <sup>+2</sup>	$y_1^{+2}$	474.7485 <sup>+2</sup>	$b_9-H_3PO_4^{+2}$	771.4359	$y_9$	1028.0345 <sup>+2</sup>	$b_{22}-H_3PO_4^{+2}$	1598.8285	$b_{16}-H_3PO_4$
109.5786 <sup>+2</sup>	$y_2^{+2}$	497.2831	$b_4$	777.3655	$b_6$	1028.5148 <sup>+2</sup>	$y_{21}^{+2}$	1625.7683	$b_{15}$
122.5682 <sup>+2</sup>	$b_2^{+2}$	498.7773 <sup>+2</sup>	$y_{11}^{+2}$	796.4074 <sup>+2</sup>	$y_{18}-H_3PO_4^{+2}$	1041.5044 <sup>+2</sup>	$b_{21}^{+2}$	1655.85	$b_{17}-H_3PO_4$
138.0893 <sup>+2</sup>	$y_3^{+2}$	523.7370 <sup>+2</sup>	$b_9^{+2}$	799.9179 <sup>+2</sup>	$b_{16}-H_3PO_4^{+2}$	1043.5738 <sup>+2</sup>	$y_{22}-H_3PO_4^{+2}$	1689.7844	$y_{18}$
147.1128	$y_1$	524.2827 <sup>+2</sup>	$b_{10}-H_3PO_4^{+2}$	813.3878 <sup>+2</sup>	$b_{15}^{+2}$	1046.4667	$b_9$	1696.8054	$b_{16}$
181.6053 <sup>+2</sup>	$y_4^{+2}$	546.3246	$y_6$	828.4286 <sup>+2</sup>	$b_{17}-H_3PO_4^{+2}$	1047.5582	$b_{10}-H_3PO_4$	1704.8915	$y_{19}-H_3PO_4$
200.6188 <sup>+2</sup>	$b_2^{+2}$	549.3011 <sup>+2</sup>	$y_{12}^{+2}$	833.4628	$b_8-H_3PO_4$	1077.0230 <sup>+2</sup>	$b_{22}^{+2}$	1753.8269	$b_{17}$
217.1239 <sup>+2</sup>	$y_5^{+2}$	552.7935 <sup>+2</sup>	$b_{11}-H_3PO_4^{+2}$	834.3869	$b_7$	1092.5623 <sup>+2</sup>	$y_{22}^{+2}$	1768.9341	$b_{18}-H_3PO_4$
218.1499	$y_2$	573.2712 <sup>+2</sup>	$b_{10}^{+2}$	845.3958 <sup>+2</sup>	$y_{18}^{+2}$	1097.5949	$y_{12}$	1801.9443	$y_{20}-H_3PO_4$
244.1292	$b_2$	577.8118 <sup>+2</sup>	$y_{13}^{+2}$	848.9064 <sup>+2</sup>	$b_{16}^{+2}$	1101.0873 <sup>+2</sup>	$MH-H_3PO_4^{+2}$	1802.8684	$y_{19}$
249.1452 <sup>+2</sup>	$b_4^{+2}$	601.7819 <sup>+2</sup>	$b_{11}^{+2}$	852.9494 <sup>+2</sup>	$y_{19}-H_3PO_4^{+2}$	1104.5796	$b_{11}-H_3PO_4$	1839.9712	$b_{19}-H_3PO_4$
273.6659 <sup>+2</sup>	$y_6^{+2}$	603.3173 <sup>+2</sup>	$b_{12}-H_3PO_4^{+2}$	877.4171 <sup>+2</sup>	$b_{17}^{+2}$	1145.5351	$b_{10}$	1866.911	$b_{18}$
275.1714	$y_3$	603.3461	$y_7$	884.9707 <sup>+2</sup>	$b_{18}-H_3PO_4^{+2}$	1150.0757 <sup>+2</sup>	$MH^{+2}$	1899.9212	$y_{20}$
302.1767 <sup>+2</sup>	$y_7^{+2}$	610.3671	$b_5$	899.4945	$y_{10}$	1154.6164	$y_{13}$	1927.0032	$b_{20}-H_3PO_4$
305.6872 <sup>+2</sup>	$b_3^{+2}$	627.3461 <sup>+2</sup>	$y_{14}^{+2}$	901.4758 <sup>+2</sup>	$y_{20}-H_3PO_4^{+2}$	1202.5565	$b_{11}$	1937.9481	$b_{19}$
337.6952 <sup>+2</sup>	$y_8^{+2}$	651.8437 <sup>+2</sup>	$b_{13}-H_3PO_4^{+2}$	901.9378 <sup>+2</sup>	$y_{19}^{+2}$	1205.6273	$b_{12}-H_3PO_4$	1958.0454	$y_{21}-H_3PO_4$
340.1979 <sup>+2</sup>	$b_6-H_3PO_4^{+2}$	652.3057 <sup>+2</sup>	$b_{12}^{+2}$	920.4892 <sup>+2</sup>	$b_{19}-H_3PO_4^{+2}$	1253.6848	$y_{14}$	1984.0247	$b_{21}-H_3PO_4$
362.2034	$y_4$	674.3832	$y_8$	931.4397	$b_8$	1302.6801	$b_{13}-H_3PO_4$	2024.9801	$b_{20}$
368.7087 <sup>+2</sup>	$b_7-H_3PO_4^{+2}$	679.3886	$b_6-H_3PO_4$	933.9591 <sup>+2</sup>	$b_{18}^{+2}$	1303.6042	$b_{12}$	2055.0618	$b_{22}-H_3PO_4$
386.2216 <sup>+2</sup>	$y_9^{+2}$	684.8595 <sup>+2</sup>	$y_{15}^{+2}$	948.4898	$b_9-H_3PO_4$	1368.7118	$y_{15}$	2056.0223	$y_{21}$
389.1864 <sup>+2</sup>	$b_6^{+2}$	700.8321 <sup>+2</sup>	$b_{13}^{+2}$	950.4642 <sup>+2</sup>	$y_{20}^{+2}$	1400.657	$b_{13}$	2082.0016	$b_{21}$
400.2303	$b_3$	715.8730 <sup>+2</sup>	$b_{14}-H_3PO_4^{+2}$	964.0052 <sup>+2</sup>	$b_{20}-H_3PO_4^{+2}$	1430.7387	$b_{14}-H_3PO_4$	2086.1404	$y_{22}-H_3PO_4$
417.2350 <sup>+2</sup>	$b_8-H_3PO_4^{+2}$	733.3859 <sup>+2</sup>	$y_{16}^{+2}$	969.4777 <sup>+2</sup>	$b_{19}^{+2}$	1465.7645	$y_{16}$	2153.0387	$b_{22}$
417.6971 <sup>+2</sup>	$b_7^{+2}$	736.41	$b_7-H_3PO_4$	979.5263 <sup>+2</sup>	$y_{21}-H_3PO_4^{+2}$	1522.786	$y_{17}$	2184.1173	$y_{22}$
433.2405	$y_5$	761.8966 <sup>+2</sup>	$y_{17}^{+2}$	992.5160 <sup>+2</sup>	$b_{21}-H_3PO_4^{+2}$	1527.7914	$b_{15}-H_3PO_4$	2201.1673	$MH-H_3PO_4$
450.2509 <sup>+2</sup>	$y_{10}^{+2}$	764.3993 <sup>+2</sup>	$b_{15}-H_3PO_4^{+2}$	996.5473	$y_{11}$	1528.7155	$b_{14}$	2299.1442	$MH$
466.2235 <sup>+2</sup>	$b_8^{+2}$	764.8614 <sup>+2</sup>	$b_{14}^{+2}$	1012.9937 <sup>+2</sup>	$b_{20}^{+2}$	1591.8075	$y_{18}-H_3PO_4$		

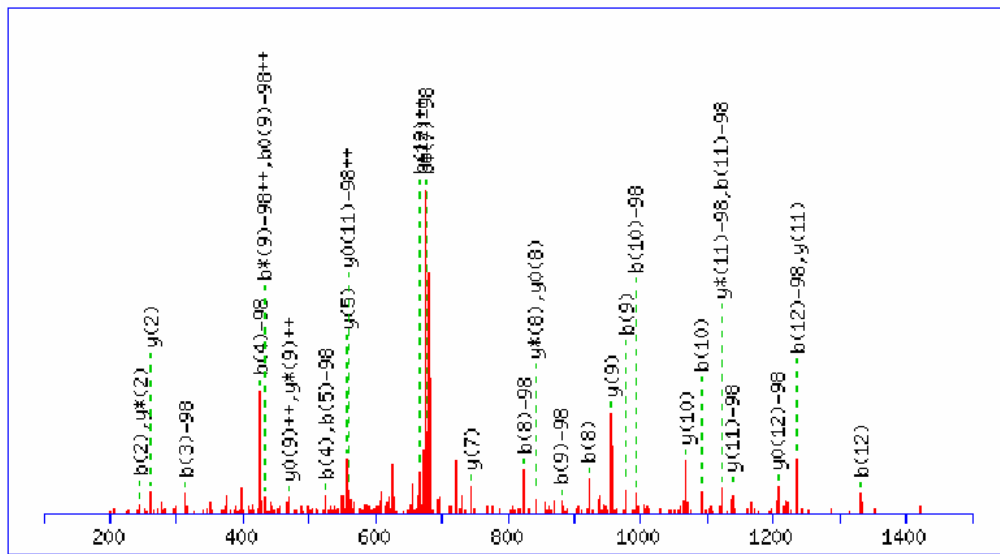


MS/MS Fragmentation of SI<sub>1</sub>LGDSEGPIVATLAQPLR  
 Found in IPI00386732, R34001\_1



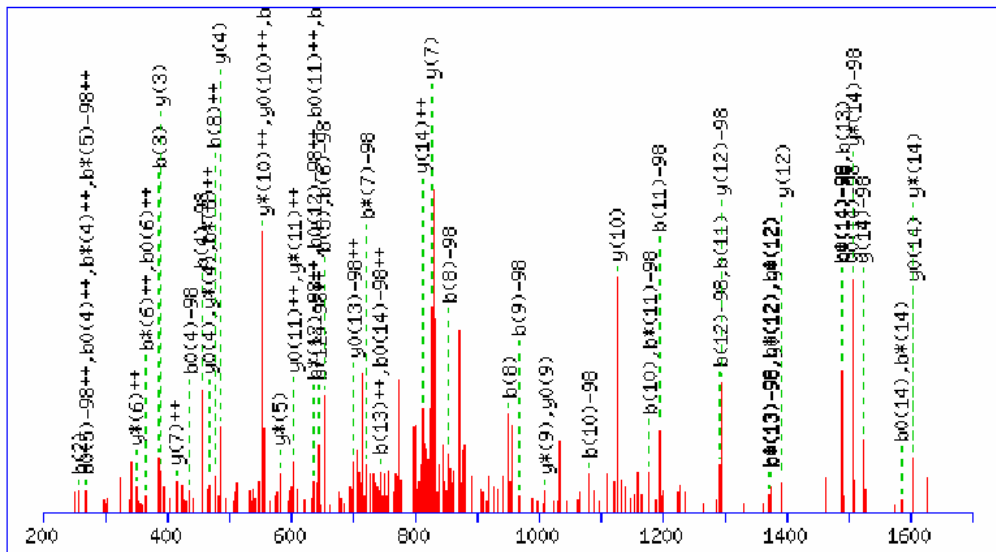
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	484.7980 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	812.4387 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1136.4871	b <sub>11</sub>	1623.8701	y <sub>16</sub>
144.6051 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	513.3144	y <sub>4</sub>	828.3734	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1137.5786	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1718.8959	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	538.2273	b <sub>5</sub>	868.9807 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1178.7256	y <sub>11</sub>	1719.8201	b <sub>17</sub>
193.1315 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	541.3400 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	869.3288	b <sub>8</sub>	1208.6157	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1736.9541	y <sub>17</sub>
201.1234	b <sub>2</sub>	555.2773	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	869.5203	y <sub>8</sub>	1235.5555	b <sub>12</sub>	1805.9756	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
257.1608 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	584.3515	y <sub>5</sub>	903.4914 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1235.747	y <sub>12</sub>	1816.8728	b <sub>18</sub>
270.1448	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	589.8664 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	925.4262	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1306.5926	b <sub>13</sub>	1831.98	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
288.203	y <sub>2</sub>	618.3772 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	926.3503	b <sub>9</sub>	1309.6634	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1903.9525	y <sub>18</sub>
292.6794 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	642.3093	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	952.4799 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1364.7896	y <sub>13</sub>	1919.0597	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
349.2214 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	653.2542	b <sub>6</sub>	960.0335 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1407.6403	b <sub>14</sub>	1929.9569	b <sub>19</sub>
368.1217	b <sub>3</sub>	682.8985 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	968.5887	y <sub>9</sub>	1422.7475	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2006.0917	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
383.2289	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	697.4355	y <sub>6</sub>	1003.5495 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1451.8217	y <sub>14</sub>	2017.0365	y <sub>19</sub>
385.2558	y <sub>3</sub>	726.4145 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1009.0219 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1493.7846	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2104.0686	MH
399.7452 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	740.2862	b <sub>7</sub>	1023.403	b <sub>10</sub>	1520.7244	b <sub>15</sub>		
435.2638 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	771.3519	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1038.5102	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1566.8486	y <sub>15</sub>		
440.2504	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	783.9279 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1052.5379 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1591.7615	b <sub>16</sub>		
481.2058	b <sub>4</sub>	798.4832	y <sub>7</sub>	1081.6728	y <sub>10</sub>	1621.8432	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

MS/MS Fragmentation of RSsLPNGEGLQLK  
 Found in IPI00736251, PREDICTED: similar to protein phosphatase 1H



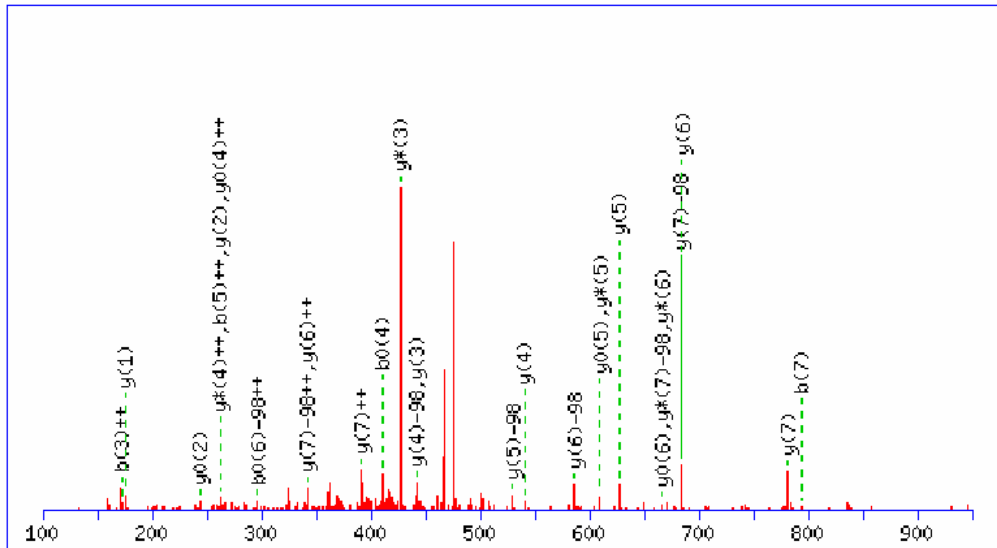
74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	313.1619	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	489.7057 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	637.3416	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	978.4041	b <sub>9</sub>
122.5738 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	319.1745 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	497.2592 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	661.8212 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	993.5112	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
130.6021 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	344.2054 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	501.3395	y <sub>4</sub>	666.8190 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1068.6048	y <sub>10</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	347.6852 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	523.2987	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	687.4036	y <sub>6</sub>	1091.4881	b <sub>10</sub>
157.0846 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	368.1629 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	524.2228	b <sub>4</sub>	690.8833 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1121.5698	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
194.6314 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	372.7162 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	534.8060 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	694.3631	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1137.6262	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
206.0730 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	388.2554	y <sub>3</sub>	546.2477 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	735.3185	b <sub>6</sub>	1219.5467	b <sub>11</sub>
213.6266 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	396.6736 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	558.361	y <sub>5</sub>	739.8718 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1224.6583	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
244.1404	b <sub>2</sub>	411.1388	b <sub>3</sub>	561.2885 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	744.425	y <sub>7</sub>	1234.6539	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
251.1734 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	412.2065 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	569.3168 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	792.34	b <sub>7</sub>	1235.6031	y <sub>11</sub>
260.1969	y <sub>2</sub>	426.2459	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	610.2770 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	823.4057	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1322.6352	y <sub>12</sub>
262.1530 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	429.7376 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	612.8328 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	858.468	y <sub>8</sub>	1332.6308	b <sub>12</sub>
262.6151 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	440.7172 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	617.8306 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	880.4272	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1380.7594	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
279.6841 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	461.1949 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	618.3052 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	921.3826	b <sub>8</sub>	1478.7363	MH
311.1414 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	478.2640 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	621.2756	b <sub>5</sub>	955.5207	y <sub>9</sub>		

MS/MS Fragmentation of RTEsVPSDINNPVDR  
 Found in IPI00013384, Isoform 2 of Kinase suppressor of ras-1



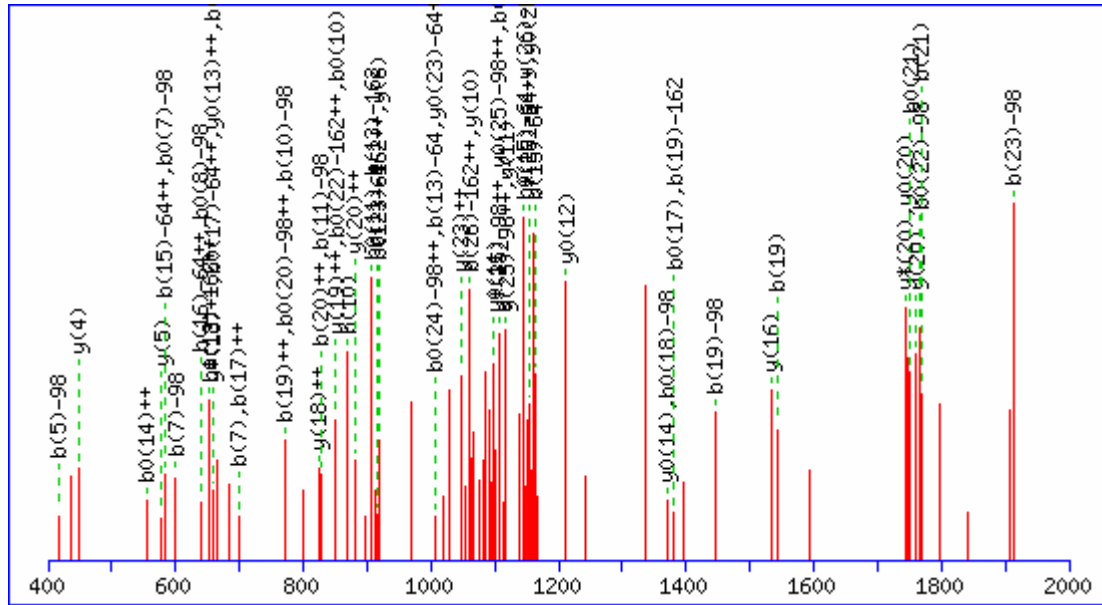
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	387.1987	b <sub>3</sub>	600.31	y <sub>5</sub>	802.8512 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1293.5471	b <sub>11</sub>
129.5817 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	389.2143	y <sub>3</sub>	613.3122 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	811.8565 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1294.6386	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
145.5766 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	414.2221 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	646.8151 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	827.437	y <sub>7</sub>	1390.5998	b <sub>12</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	419.1788 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	647.2772 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	837.3502	b <sub>7</sub>	1391.6914	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
194.1030 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	427.7038 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	647.8229 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	840.9186 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1392.6155	y <sub>12</sub>
195.1108 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	456.2201	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	652.3413	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	854.4003	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1423.6812	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
228.6137 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	471.7356 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	653.2654	b <sub>5</sub>	889.9071 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1489.6683	b <sub>13</sub>
243.6372 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	476.6922 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	695.8036 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	942.4639	y <sub>8</sub>	1506.7183	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
258.1561	b <sub>2</sub>	484.2458 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	696.3493 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	952.3772	b <sub>8</sub>	1521.6581	y <sub>13</sub>
277.6021 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	486.2671	y <sub>4</sub>	696.8114 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	967.4843	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1524.7289	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
278.1479 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	515.2516 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	712.3442 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1029.496	y <sub>9</sub>	1604.6952	b <sub>14</sub>
290.1459	y <sub>2</sub>	533.2343 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	714.3529	y <sub>6</sub>	1065.4612	b <sub>9</sub>	1622.7058	y <sub>14</sub>
300.6586 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	541.2673 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	739.3733	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1081.5273	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1680.83	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
326.6743 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	554.197	b <sub>4</sub>	745.3378 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1126.5487	y <sub>10</sub>	1778.8069	MH
327.1364 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	555.2885	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	750.3182	b <sub>6</sub>	1179.5042	b <sub>10</sub>		
357.6801 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	563.7780 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	753.8628 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1195.5702	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
370.1903 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	590.2557 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	761.3327 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1225.6171	y <sub>11</sub>		
375.6627 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	598.2887 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	762.8681 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1292.623	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

MS/MS Fragmentation of WPGSPtSR  
 Found in IPI00012856, Forkhead box protein O3A



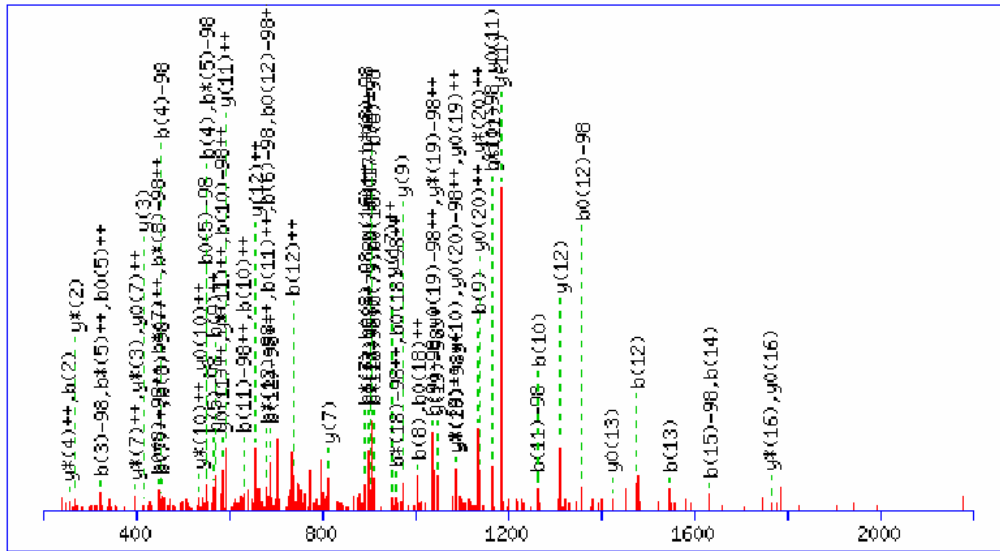
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	270.6125 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	391.1656 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	540.2178	y <sub>4</sub>	781.324	y <sub>7</sub>
131.5791 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	284.1394	b <sub>2</sub>	428.1928	b <sub>4</sub>	586.2944	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	793.2916	b <sub>7</sub>
173.0977 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	293.6508 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	435.2169 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	608.2827	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	869.4264	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	314.1285 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	442.2409	y <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	627.2498	y <sub>5</sub>	967.4033	MH
221.6241 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	341.1608	b <sub>3</sub>	443.165	y <sub>3</sub>	683.3471	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
222.0861 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	342.1772 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	484.2053 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	684.2712	y <sub>6</sub>		
262.151	y <sub>2</sub>	342.6393 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	525.2456	b <sub>5</sub>	695.3148	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
265.1401 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	345.1881	y <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	529.2729	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	706.2596	b <sub>6</sub>		

MS/MS Fragmentation of AGsAmAIGGGGSGTLGSGLLLEDSAR  
 Found in IPI00012856, Forkhead box protein O3A



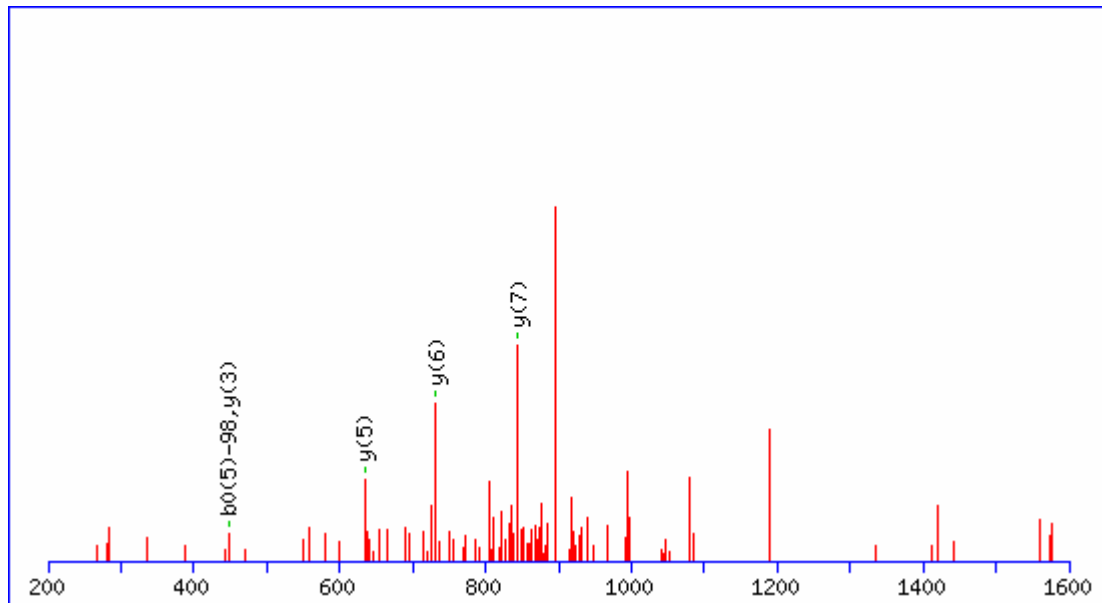
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	559.2960 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	880.9423 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1228.4664	b <sub>15</sub>	1768.7935	b <sub>21</sub>
123.5817 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	577.2576	y <sub>5</sub>	885.3883	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1229.5676 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1783.9007	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
129.0659	b <sub>2</sub>	585.1738	b <sub>6</sub>	916.5098	y <sub>8</sub>	1230.6688	y <sub>12</sub>	1873.9614	y <sub>21</sub>
167.0977 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	600.281	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	926.3438	b <sub>11</sub>	1243.5736	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1881.8776	b <sub>22</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	615.8381 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	937.4843 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1300.595	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1912.9433	b <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
198.0873	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	657.3025	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	972.4204	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1331.7165	y <sub>13</sub>	1944.9985	y <sub>22</sub>
224.6112 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	666.3619 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	973.0029 <sup>+2</sup>	y <sub>22</sub> <sup>+2</sup>	1341.5505	b <sub>16</sub>	2010.9202	b <sub>23</sub>
246.1561	y <sub>2</sub>	690.3417	y <sub>6</sub>	973.5313	y <sub>9</sub>	1387.6271	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2027.9702	b <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
269.1244	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	694.8726 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	983.3652	b <sub>12</sub>	1388.738	y <sub>14</sub>	2092.0339	y <sub>23</sub>
289.1325 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	698.2579	b <sub>7</sub>	1029.4418	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1398.5719	b <sub>17</sub>	2115.0023	b <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
296.0642	b <sub>3</sub>	714.3239	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1046.5206 <sup>+2</sup>	y <sub>23</sub> <sup>+2</sup>	1444.6485	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2125.9471	b <sub>24</sub>
333.1881	y <sub>3</sub>	738.3886 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1060.5633	y <sub>10</sub>	1475.77	y <sub>15</sub>	2163.071	y <sub>24</sub>
345.6745 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	755.2794	b <sub>8</sub>	1070.3973	b <sub>13</sub>	1485.6039	b <sub>18</sub>	2186.0394	b <sub>26</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
367.1013	b <sub>4</sub>	766.8994 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1082.0391 <sup>+2</sup>	y <sub>24</sub> <sup>+2</sup>	1532.7915	y <sub>16</sub>	2212.9792	b <sub>25</sub>
402.2165 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	771.3454	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1116.5499 <sup>+2</sup>	y <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1542.6254	b <sub>19</sub>	2232.0925	y <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
416.1598	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	795.4101 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1117.5848	y <sub>11</sub>	1557.7326	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2284.0163	b <sub>26</sub>
448.215	y <sub>4</sub>	803.4258	y <sub>7</sub>	1127.4187	b <sub>14</sub>	1589.8129	y <sub>17</sub>	2289.1139	y <sub>26</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
458.7585 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	812.3008	b <sub>9</sub>	1130.4895	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1646.8344	y <sub>18</sub>	2330.0694	y <sub>25</sub>
487.1969	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	823.9208 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1145.0606 <sup>+2</sup>	y <sub>26</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1655.7095	b <sub>20</sub>	2360.1511	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
487.2693 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	828.3669	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1165.5383 <sup>+2</sup>	y <sub>25</sub> <sup>+2</sup>	1670.8166	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2387.0908	y <sub>26</sub>
514.1367	b <sub>5</sub>	852.4316 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1180.5792 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1703.8559	y <sub>19</sub>	2458.128	MH
530.7853 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	869.3223	b <sub>10</sub>	1194.0491 <sup>+2</sup>	y <sub>26</sub> <sup>+2</sup>	1760.8773	y <sub>20</sub>		

MS/MS Fragmentation of RVsQDLEVEKPDASPTSLQLR  
 Found in IPI00304817, SAM and SH3 domain-containing protein 1



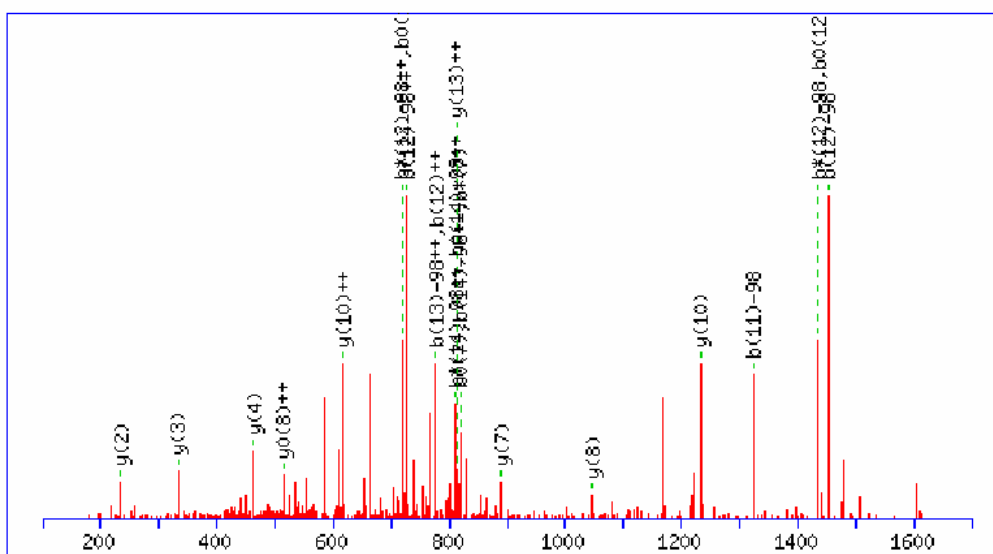
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	454.6973 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	770.9201 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1048.0369 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1634.7422	b <sub>14</sub>
128.5920 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	455.2431 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	774.3587 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1081.0123 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1669.8755	y <sub>15</sub>
144.6051 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	486.7773 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	779.3447	b <sub>6</sub>	1087.5742	y <sub>10</sub>	1731.7949	b <sub>15</sub>
163.1028 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	504.2315 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	810.4104	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1088.5659 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1734.8657	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	519.7644 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	814.4781	y <sub>7</sub>	1097.0254 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1782.9596	y <sub>16</sub>
208.6344 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	529.3457	y <sub>4</sub>	817.4127 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1097.5711 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1821.8977	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
212.0912 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	544.2907 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	817.8747 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1136.4983	b <sub>9</sub>	1832.8426	b <sub>16</sub>
227.1321 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	551.2337	b <sub>4</sub>	835.4414 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1137.5543 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1897.9865	y <sub>17</sub>
256.1768	b <sub>2</sub>	568.2838	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	866.4011 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1146.5596 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1919.8746	b <sub>17</sub>
265.1765 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	568.7528 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	867.9365 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1166.6164	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1934.9818	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
276.1205 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	583.8118 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	891.9834 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1175.6217 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2026.0451	y <sub>18</sub>
284.6455 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	592.8171 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	901.5102	y <sub>8</sub>	1184.627	y <sub>11</sub>	2032.9587	b <sub>18</sub>
288.203	y <sub>2</sub>	616.3777	y <sub>5</sub>	908.3873	b <sub>7</sub>	1224.6101 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	2063.0404	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
308.6925 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	632.3382 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	909.4789	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1263.6692	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2095.0666	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
325.1983	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	632.8003 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	911.4525 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1264.5933	b <sub>10</sub>	2161.0173	b <sub>19</sub>
333.6340 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	656.8646 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	916.9249 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1312.7219	y <sub>12</sub>	2176.1244	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
341.1876 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	666.2607	b <sub>5</sub>	949.4969 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1361.6461	b <sub>11</sub>	2193.0435	y <sub>19</sub>
359.2163 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	681.3267 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	960.4410 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1378.6961	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2194.135	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
390.1760 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	681.3678	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	967.9945 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1441.7645	y <sub>13</sub>	2274.1013	b <sub>20</sub>
405.7089 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	689.8517 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	972.5473	y <sub>9</sub>	1449.7332	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2292.1119	y <sub>20</sub>
407.7427 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	717.4254	y <sub>6</sub>	1007.4558	b <sub>8</sub>	1476.673	b <sub>12</sub>	2350.2361	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
416.2616	y <sub>3</sub>	721.3859 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1013.5262 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1536.7653	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2448.213	MH
423.1752	b <sub>3</sub>	725.3703 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1016.9830 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1540.8329	y <sub>14</sub>		
451.2587 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	738.8401 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1032.0238 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1547.7101	b <sub>13</sub>		
453.2568	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	768.8863 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1038.5214	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1633.818	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

MS/MS Fragmentation of sLPVSICR  
 Found in IPI00304817, SAM and SH3 domain-containing protein 1



88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	278.1281	y <sub>2</sub>	379.234	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	477.7276 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	677.327	b <sub>6</sub>
139.5677 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	280.1656	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	391.2122	y <sub>3</sub>	478.2442	y <sub>4</sub>	682.3593	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	281.0897	b <sub>2</sub>	394.2284 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	564.2429	b <sub>5</sub>	780.3362	b <sub>7</sub>
183.1128	b <sub>2</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	289.1600 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	428.7391 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	577.3126	y <sub>5</sub>	787.4495	y <sub>7</sub>
196.1097 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	337.6863 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	466.266	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	579.3501	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	856.4709	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
239.6258 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	378.1425	b <sub>3</sub>	477.2109	b <sub>4</sub>	674.3654	y <sub>6</sub>	954.4478	MH

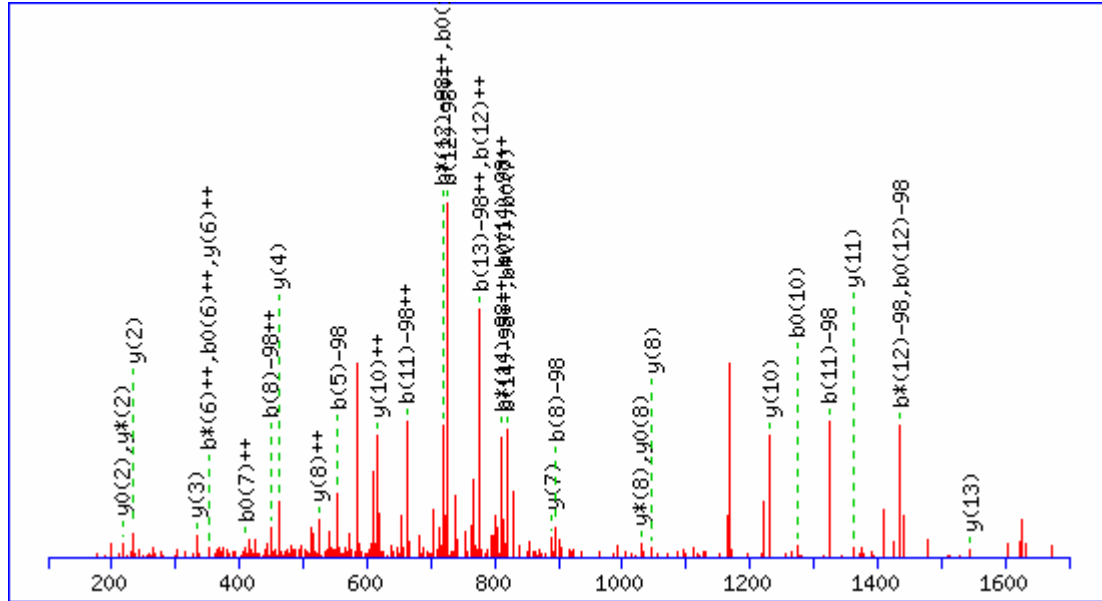
MS/MS Fragmentation of RTPsEADRWLEEVSK  
 Found in IPI00028059, Isoform 1 of Protein numb homolog



74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	361.6471 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	646.7928 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	837.3138	b <sub>7</sub>	1430.691	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
117.5761 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	370.1721 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	651.2498	b <sub>5</sub>	863.8878 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1452.6866	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
129.5817 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	419.1606 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	662.3257 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	868.8856 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1527.7438	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	424.2303	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	681.3384 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	890.4618	y <sub>7</sub>	1528.6679	y <sub>12</sub>
167.1103 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	445.7345 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	704.3825	y <sub>6</sub>	892.9499 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1550.6635	b <sub>12</sub>
178.1081 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	448.2227 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	711.3141 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	895.4381	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1551.755	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
212.6188 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	462.2558	y <sub>4</sub>	715.8492 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	941.9384 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1625.7207	y <sub>13</sub>
231.6316 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	497.2111 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	722.2869	b <sub>6</sub>	993.4149	b <sub>8</sub>	1628.7915	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
234.1448	y <sub>2</sub>	522.2072	b <sub>4</sub>	726.8469 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1046.5629	y <sub>8</sub>	1638.7871	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
258.1561	b <sub>2</sub>	523.7851 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	739.3369	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1081.5174	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1649.7319	b <sub>13</sub>
261.6072 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	541.2623 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	764.3755 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1161.5899	y <sub>9</sub>	1726.7684	y <sub>14</sub>
277.1401 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	553.2729	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	764.8376 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1179.4943	b <sub>9</sub>	1736.764	b <sub>14</sub>
296.1529 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	581.2986 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	775.8354 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1194.6014	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1784.8926	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
312.6586 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	590.2508 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	776.3812 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1232.627	y <sub>10</sub>	1882.8695	MH
326.1285 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	591.2984	y <sub>5</sub>	813.3640 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1292.5783	b <sub>10</sub>		
333.2132	y <sub>3</sub>	597.8044 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	814.8994 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1323.644	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
352.6949 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	616.8171 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	819.8972 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1361.6696	y <sub>11</sub>		
355.2088	b <sub>3</sub>	624.31	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	825.3696 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1421.6209	b <sub>11</sub>		

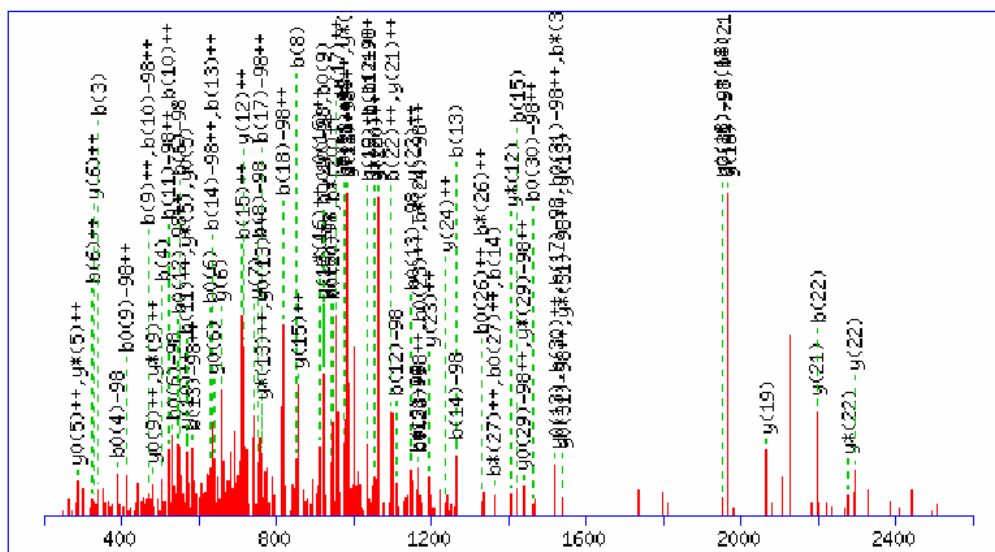


MS/MS Fragmentation of RtPSEADRWLEEVSK  
 Found in IPI00180920, Isoform 4 of Protein numb homolog



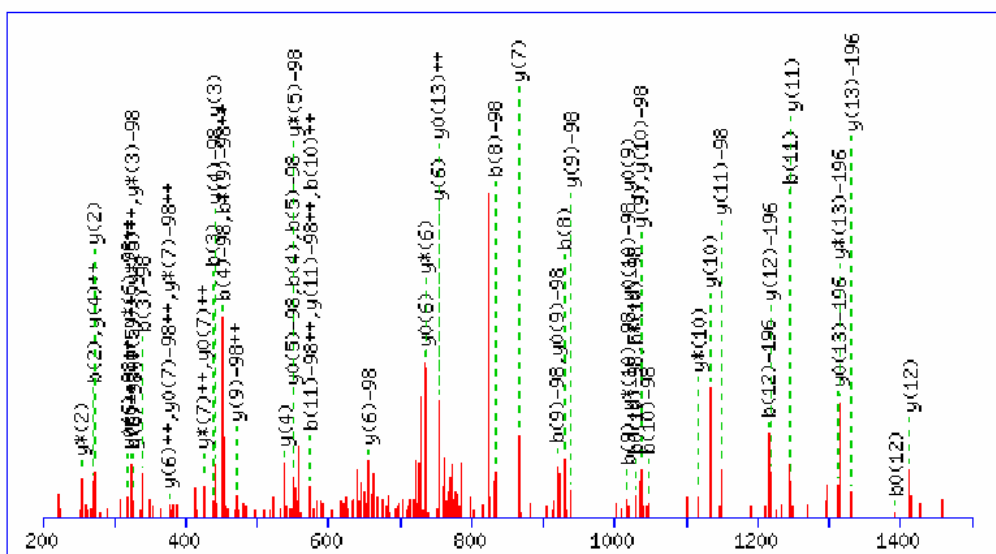
74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	337.1983	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	591.2984	y <sub>5</sub>	819.8972 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1361.6696	y <sub>11</sub>
117.5761 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	338.1224	b <sub>2</sub>	597.8044 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	825.3696 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1421.6209	b <sub>11</sub>
120.5764 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	352.6949 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	616.8171 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	837.3138	b <sub>7</sub>	1448.7016	y <sub>12</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	361.6471 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	624.31	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	863.8878 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1452.6866	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
167.1103 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	370.1721 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	646.7928 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	868.8856 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1545.7544	y <sub>13</sub>
169.1028 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	419.1606 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	651.2498	b <sub>5</sub>	890.4618	y <sub>7</sub>	1550.6635	b <sub>12</sub>
169.5648 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	424.2303	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	662.3257 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	892.9499 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1551.755	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
212.6188 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	435.1752	b <sub>3</sub>	681.3384 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	895.4381	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1628.7915	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
218.0912 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	445.7345 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	704.3825	y <sub>6</sub>	941.9384 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1638.7871	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
231.6316 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	448.2227 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	711.3141 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	993.4149	b <sub>8</sub>	1649.7319	b <sub>13</sub>
234.1448	y <sub>2</sub>	462.2558	y <sub>4</sub>	722.2869	b <sub>6</sub>	1046.5629	y <sub>8</sub>	1726.7684	y <sub>14</sub>
240.1455	b <sub>2</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	497.2111 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	724.8544 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1081.5174	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1736.764	b <sub>14</sub>
261.6072 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	522.2072	b <sub>4</sub>	726.8469 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1161.5899	y <sub>9</sub>	1784.8926	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
277.1401 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	523.7851 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	739.3369	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1179.4943	b <sub>9</sub>	1882.8695	MH
296.1529 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	541.2623 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	773.3808 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1194.6014	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
312.6586 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	553.2729	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	775.8354 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1232.627	y <sub>10</sub>		
326.1285 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	581.2986 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	776.3812 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1292.5783	b <sub>10</sub>		
333.2132	y <sub>3</sub>	590.2508 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	814.8994 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1323.644	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

MS/MS Fragmentation of HSL(SS)GGFSPVAGVGAQGDYQRPHSAQPADR  
 Found in IPI00337612, Discoidin, CUB and LCCL domain-containing protein 1 precursor



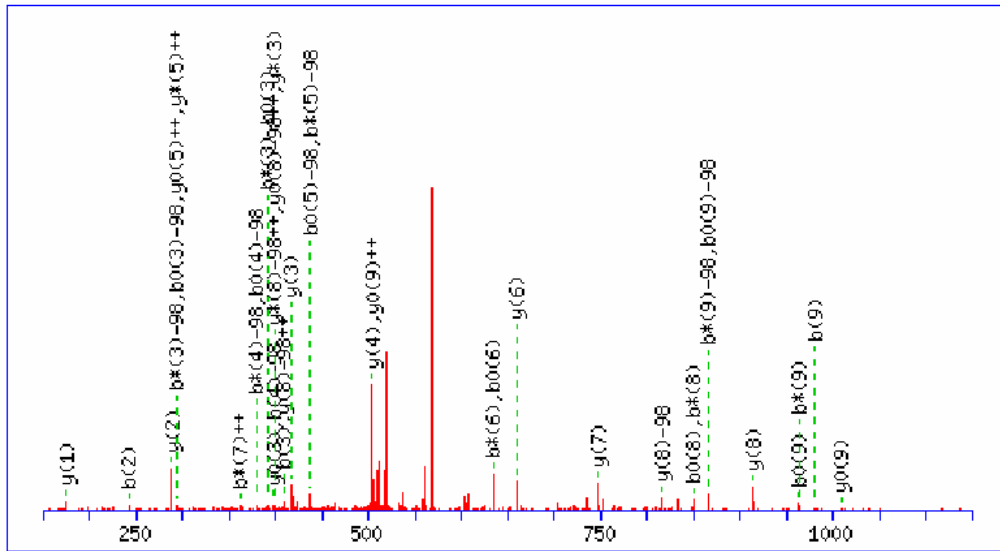
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	568.7422 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	978.4752	y <sub>9</sub>	1393.6859	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2124.9806	y <sub>20</sub>
113.0527 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	583.7831 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	984.9490 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1414.1608 <sup>+2</sup>	y <sub>28</sub> <sup>+2</sup>	2196.0177	y <sub>21</sub>
145.5766 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	586.2944	y <sub>5</sub>	986.4452 <sup>+2</sup>	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1420.6257	b <sub>15</sub>	2197.9186	b <sub>22</sub>
169.5948 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	592.2127	b <sub>5</sub>	1034.4832 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1425.6982	y <sub>12</sub>	2256.0428	b <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	604.2608 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1035.4337 <sup>+2</sup>	b <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1437.1711 <sup>+2</sup>	b <sub>29</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2295.0861	y <sub>22</sub>
181.0951 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	608.2787	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1037.4088	b <sub>10</sub>	1437.6332 <sup>+2</sup>	b <sub>28</sub> <sup>+2</sup>	2353.0956	b <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
204.1055 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	631.8211 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	1038.5003	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1448.6715 <sup>+2</sup>	y <sub>29</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2354.0197	b <sub>23</sub>
225.0982	b <sub>2</sub>	632.7715 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1050.4745 <sup>+2</sup>	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1472.6897 <sup>+2</sup>	b <sub>30</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2392.1389	y <sub>23</sub>
229.6215 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	633.3173 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1062.9939 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1486.1596 <sup>+2</sup>	b <sub>29</sub> <sup>+2</sup>	2451.0725	b <sub>24</sub>
247.6215 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	649.2341	b <sub>6</sub>	1098.5125 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1491.6628	b <sub>16</sub>	2479.1709	y <sub>24</sub>
253.0940 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	657.3315	y <sub>6</sub>	1099.4629 <sup>+2</sup>	b <sub>22</sub> <sup>+2</sup>	1497.6599 <sup>+2</sup>	y <sub>29</sub> <sup>+2</sup>	2490.1545	b <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
276.1323 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	661.8280 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1109.5374	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1505.2135 <sup>+2</sup>	y <sub>30</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2577.1865	b <sub>26</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
290.1459	y <sub>2</sub>	682.3057 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1128.5251 <sup>+2</sup>	b <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1521.6781 <sup>+2</sup>	b <sub>30</sub> <sup>+2</sup>	2588.1314	b <sub>25</sub>
293.6508 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	697.3466 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1134.5763	y <sub>10</sub>	1521.7445	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2626.2393	y <sub>25</sub>
296.6100 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	706.2556	b <sub>7</sub>	1136.4772	b <sub>11</sub>	1530.2032 <sup>+2</sup>	b <sub>31</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2648.2237	b <sub>27</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
304.6430 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	710.8165 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1148.0467 <sup>+2</sup>	y <sub>22</sub> <sup>+2</sup>	1540.7251	y <sub>13</sub>	2675.1634	b <sub>26</sub>
325.1207 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	713.3527 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1166.5589	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1548.7295 <sup>+2</sup>	y <sub>31</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2683.2608	y <sub>26</sub>
329.1694 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	744.3635	y <sub>7</sub>	1177.0514 <sup>+2</sup>	b <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1554.2020 <sup>+2</sup>	y <sub>30</sub> <sup>+2</sup>	2740.2822	y <sub>27</sub>
338.1823	b <sub>3</sub>	746.3350 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1177.5135 <sup>+2</sup>	b <sub>23</sub> <sup>+2</sup>	1579.1916 <sup>+2</sup>	b <sub>31</sub> <sup>+2</sup>	2746.2005	b <sub>27</sub>
353.6314 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	755.3471	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1196.5731 <sup>+2</sup>	y <sub>23</sub> <sup>+2</sup>	1597.7180 <sup>+2</sup>	y <sub>31</sub> <sup>+2</sup>	2776.2822	b <sub>28</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
361.183	y <sub>3</sub>	761.3759 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1207.5143	b <sub>12</sub>	1597.7466	y <sub>14</sub>	2827.3143	y <sub>28</sub>
372.6854 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	770.8662 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1226.0399 <sup>+2</sup>	b <sub>24</sub> <sup>+2</sup>	1617.2590 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2873.335	b <sub>29</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
378.1772 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	799.3769 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1240.0891 <sup>+2</sup>	y <sub>24</sub> <sup>+2</sup>	1619.7214	b <sub>17</sub>	2874.2591	b <sub>28</sub>
407.2037	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	810.3643 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1245.5809 <sup>+2</sup>	b <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1636.7714	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2896.3357	y <sub>29</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
421.6932 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	818.8893 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1262.6349	y <sub>11</sub>	1666.2474 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	2944.3721	b <sub>30</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
427.1656 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	842.3791	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1264.5358	b <sub>13</sub>	1693.7929	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2971.3119	b <sub>29</sub>
441.2148 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	847.4001 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1265.6273	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1712.7735	y <sub>15</sub>	2994.3126	y <sub>29</sub>
458.2358	y <sub>4</sub>	853.324	b <sub>8</sub>	1289.0969 <sup>+2</sup>	b <sub>26</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1734.7483	b <sub>18</sub>	3009.4198	y <sub>30</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
470.2196 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	856.8904 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1294.5693 <sup>+2</sup>	b <sub>25</sub> <sup>+2</sup>	1791.7698	b <sub>19</sub>	3042.349	b <sub>30</sub>
470.6817 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	867.8778 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1313.6233 <sup>+2</sup>	y <sub>25</sub> <sup>+2</sup>	1808.8198	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	3059.399	b <sub>31</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
489.7412 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	881.4224	y <sub>8</sub>	1322.6488	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1840.8321	y <sub>16</sub>	3096.4518	y <sub>31</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
494.2358	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	896.3885 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1324.6155 <sup>+2</sup>	b <sub>27</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1906.7967	b <sub>20</sub>	3107.3967	y <sub>30</sub>
505.1806	b <sub>4</sub>	904.9135 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1338.0854 <sup>+2</sup>	b <sub>26</sub> <sup>+2</sup>	1911.8692	y <sub>17</sub>	3157.3759	b <sub>31</sub>
519.2080 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	920.9197 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1342.1340 <sup>+2</sup>	y <sub>26</sub> <sup>+2</sup>	1968.8907	y <sub>18</sub>	3194.4287	y <sub>31</sub>
519.7538 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	939.4319	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1363.6042	b <sub>14</sub>	1971.8831	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	3233.5107	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
551.2572	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	940.356	b <sub>9</sub>	1370.6448 <sup>+2</sup>	y <sub>27</sub> <sup>+2</sup>	2067.9591	y <sub>19</sub>	3331.4876	MH
555.2724 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	953.9020 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1373.6039 <sup>+2</sup>	b <sub>27</sub> <sup>+2</sup>	2069.86	b <sub>21</sub>		
567.7918 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	956.4383 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1388.6448 <sup>+2</sup>	b <sub>28</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2099.9417	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

MS/MS Fragmentation of RLsLPGLLSQVSPR  
 Found in IPI00295004, Isoform 1 of Alsin



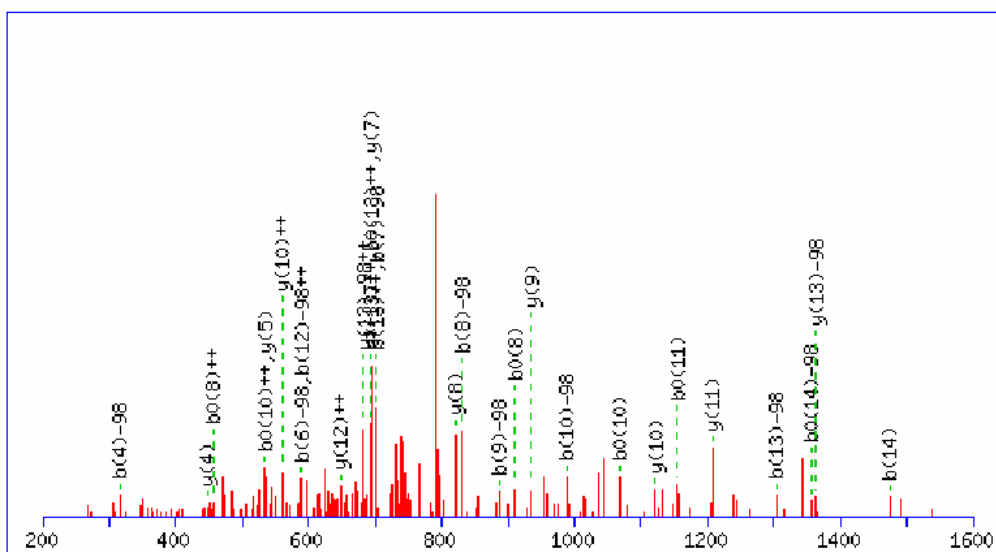
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	337.1850 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	524.3191 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	673.3628	y <sub>6</sub>	1047.6309	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
135.5999 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	339.2139	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	527.3062 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	674.9010 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1053.6051	y <sub>10</sub>
136.5895 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	352.6782 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	549.3507	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	704.3491	b <sub>6</sub>	1145.6078	b <sub>10</sub>
170.1106 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	359.2037	y <sub>3</sub>	550.2749	b <sub>4</sub>	714.8842 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1146.6994	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	360.2318 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	573.3076 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	719.4563	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1166.6892	y <sub>11</sub>
180.1055 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	393.7271 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	573.8533 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	723.8894 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1233.7314	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
219.0990 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	409.2202 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	583.8482 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	752.9515 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1235.7106	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
226.6526 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	416.7738 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	586.3307	y <sub>5</sub>	786.4468	y <sub>7</sub>	1244.6762	b <sub>11</sub>
229.6397 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	437.1908	b <sub>3</sub>	606.3722	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	801.9400 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1330.7841	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
270.1925	b <sub>2</sub>	450.2691 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	617.3693 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	817.4332	b <sub>7</sub>	1331.7083	b <sub>12</sub>
272.1717	y <sub>2</sub>	452.298	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	618.3590 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	832.5403	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1333.6875	y <sub>12</sub>
275.1790 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	458.2722	y <sub>4</sub>	622.8418 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	899.5309	y <sub>8</sub>	1348.7947	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
275.6411 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	460.2898 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	647.3276	b <sub>5</sub>	919.5724	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1428.761	b <sub>13</sub>
293.6690 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	465.7623 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	665.8957 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	930.5172	b <sub>8</sub>	1446.7716	y <sub>13</sub>
303.6897 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	478.7798 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	666.3578 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	956.5524	y <sub>9</sub>	1504.8958	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
324.1675 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	509.2783 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	667.3474 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1017.5493	b <sub>9</sub>	1602.8727	MH

MS/MS Fragmentation of QLsSGVSEIR  
 Found in IPI00025512, Heat-shock protein beta-1



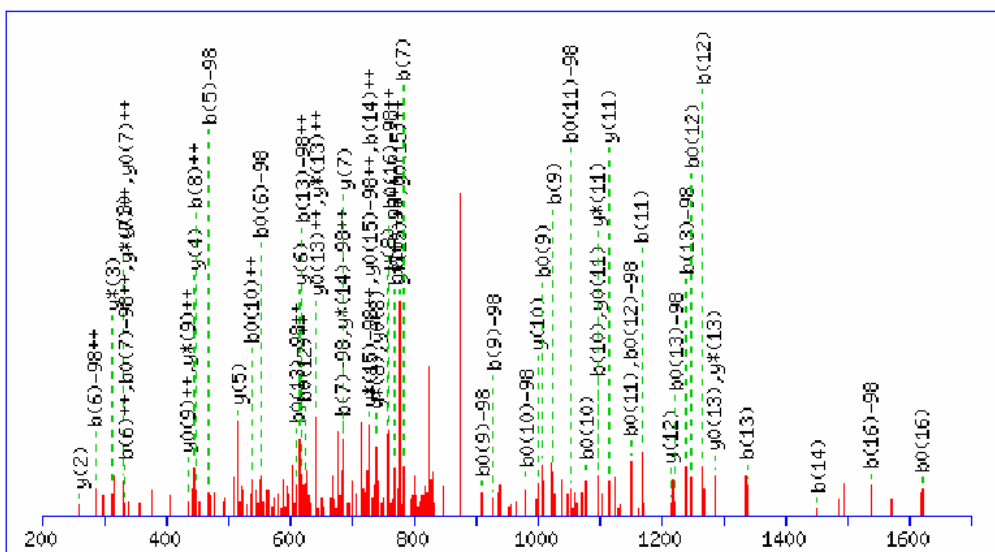
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	330.6874 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	496.1803	b <sub>4</sub>	652.2702	b <sub>6</sub>	929.5051	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
144.6051 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	374.2034 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	504.2776	y <sub>4</sub>	660.3675	y <sub>6</sub>	981.4289	b <sub>9</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	398.2034	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	514.2446 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	739.3022	b <sub>7</sub>	1027.482	y <sub>9</sub>
209.1264 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	408.7141 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	529.2855 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	747.3995	y <sub>7</sub>	1057.5636	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
242.1499	b <sub>2</sub>	409.1483	b <sub>3</sub>	553.2018	b <sub>5</sub>	770.3679	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1155.5405	MH
252.6425 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	417.2456	y <sub>3</sub>	554.2933	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	816.421	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
288.203	y <sub>2</sub>	455.2249	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	578.2739 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	868.3448	b <sub>8</sub>		
302.1767 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	457.7026 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	603.3461	y <sub>5</sub>	883.452	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
311.1714	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	465.2562 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	641.3253	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	914.3979	y <sub>8</sub>		

MS/MS Fragmentation of SAsSSWLEGTSTQAK  
 Found in IPI00014340, Myosin binding subunit 85



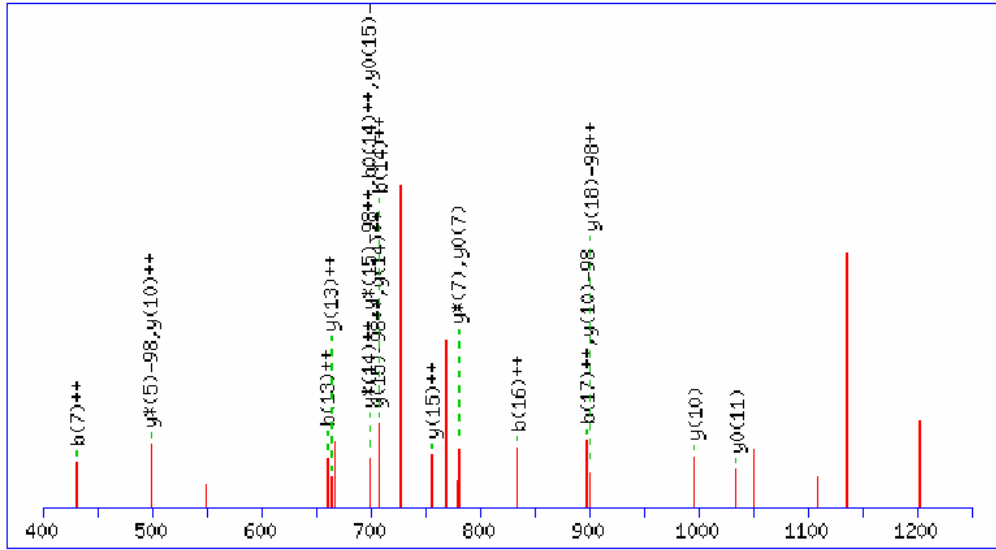
74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	346.6823 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	682.3281 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	928.3448	b <sub>8</sub>	1363.6488	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
109.5786 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	402.1619	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	686.2181	b <sub>6</sub>	934.484	y <sub>9</sub>	1375.6124	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	411.2036 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	692.3573	y <sub>7</sub>	985.3663	b <sub>9</sub>	1402.5522	b <sub>13</sub>
159.0764	b <sub>2</sub>	413.1068	b <sub>4</sub>	701.3253	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	988.4371	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1434.6859	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
173.6079 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	447.2562	y <sub>4</sub>	717.8466 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1075.4691	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1461.6257	y <sub>13</sub>
218.1499	y <sub>2</sub>	467.7456 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	731.3165 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1086.4139	b <sub>10</sub>	1473.5893	b <sub>14</sub>
224.1317 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	500.1388	b <sub>5</sub>	761.3626 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1120.5633	y <sub>10</sub>	1521.718	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
228.0979	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	534.2882	y <sub>5</sub>	766.8351 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1173.446	b <sub>11</sub>	1532.6628	y <sub>14</sub>
267.6477 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	560.7853 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	799.3022	b <sub>7</sub>	1176.5168	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1619.6949	MH
315.1299	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	588.2413	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	810.3511 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1207.5953	y <sub>11</sub>		
318.1716 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	604.3013 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	821.3999	y <sub>8</sub>	1274.4937	b <sub>12</sub>		
326.0748	b <sub>3</sub>	635.3359	y <sub>6</sub>	830.3679	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1294.6274	y <sub>12</sub>		
346.2085	y <sub>3</sub>	647.8173 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	887.3894	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1304.5753	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

MS/MS Fragmentation of VL(ST)STDLEAAVADALK  
 Found in IPI00396279, CLIP-associating protein 1



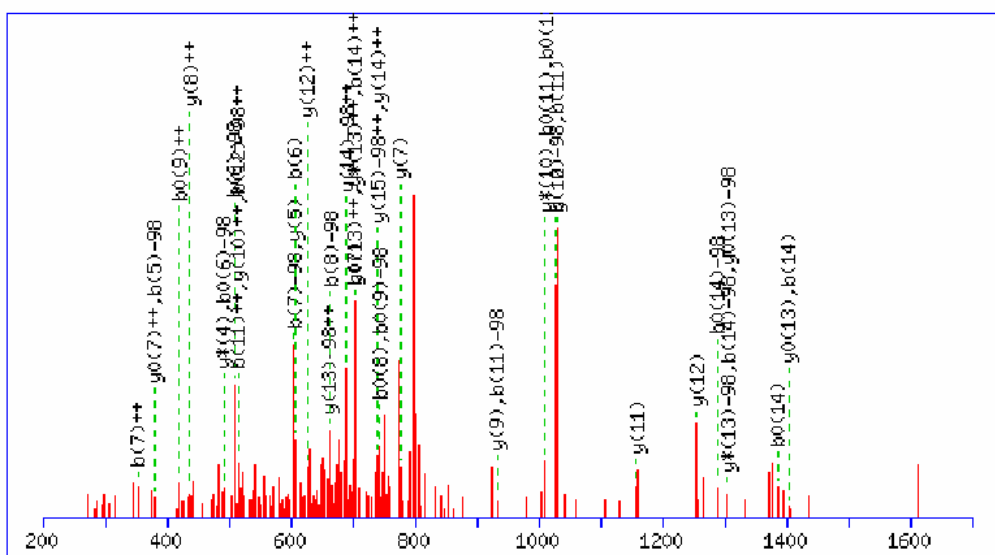
74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	444.2453 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	687.4036	y <sub>7</sub>	928.4622	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1355.6689	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
130.6021 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	446.2609	y <sub>4</sub>	693.8592 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	999.4993	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1386.7111	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	470.2609	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	737.3752 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1000.5673	y <sub>10</sub>	1426.706	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
166.1206 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	481.2058	b <sub>4</sub>	742.8476 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1026.4391	b <sub>9</sub>	1453.6458	b <sub>14</sub>
213.1598	b <sub>2</sub>	500.7873 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	758.4407	y <sub>8</sub>	1070.5364	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1473.7431	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
223.6341 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	517.298	y <sub>5</sub>	784.3124	b <sub>7</sub>	1097.4762	b <sub>10</sub>	1484.688	y <sub>14</sub>
259.1527 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	558.3008 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	786.3637 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1115.5943	y <sub>11</sub>	1524.6829	b <sub>15</sub>
260.1969	y <sub>2</sub>	568.2378	b <sub>5</sub>	793.9172 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1168.5133	b <sub>11</sub>	1539.7901	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
300.1918	b <sub>3</sub>	571.3086	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	799.4196	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1169.6048	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1571.72	y <sub>15</sub>
308.6869 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	608.8246 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	842.9057 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1216.642	y <sub>12</sub>	1586.8272	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
331.234	y <sub>3</sub>	616.3665	y <sub>6</sub>	843.4514 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1240.642	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1637.767	b <sub>16</sub>
344.2054 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	652.3406 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	887.4833	y <sub>9</sub>	1267.5817	b <sub>12</sub>	1684.8041	y <sub>16</sub>
379.7240 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	669.2855	b <sub>6</sub>	892.4399 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1303.674	y <sub>13</sub>	1685.8956	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
383.2289	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	686.3355	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	897.3965	b <sub>8</sub>	1338.6189	b <sub>13</sub>	1783.8725	MH

MS/MS Fragmentation of ECDIVSRDGGGAASPAAtEGR  
 Found in IPI00396279, CLIP-associating protein 1



88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	449.7225 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	657.3133 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	869.8914 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1313.6193	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
116.5738 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	459.7029 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	662.7857 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	870.3507 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1324.5641	y <sub>13</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	461.1701	b <sub>4</sub>	679.8039 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	872.4076 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1358.6005	b <sub>14</sub>
181.0951 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	470.2002 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	699.342	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	898.4377	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1411.5962	y <sub>14</sub>
222.6137 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	478.2332 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	706.3017 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	898.8615 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1412.6877	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
232.1404	y <sub>2</sub>	488.2136 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	706.8475 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	918.3986	b <sub>8</sub>	1429.6376	b <sub>15</sub>
233.0591	b <sub>2</sub>	498.7109 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	710.2869	y <sub>6</sub>	921.3960 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1510.6646	y <sub>15</sub>
258.1323 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	515.2572	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	715.3224 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	936.9289 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1512.6747	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
271.6021 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	516.7244 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	755.8359 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	939.3932	y <sub>9</sub>	1525.7717	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
306.6586 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	527.2217 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	756.8410 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	955.4592	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1610.6516	b <sub>16</sub>
307.1207 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	535.7467 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	763.3895 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	975.42	b <sub>9</sub>	1623.7486	y <sub>16</sub>
348.086	b <sub>3</sub>	542.197	y <sub>4</sub>	770.3791	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	985.9173 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1640.7987	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
350.1747 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	552.2429 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	797.3189	y <sub>7</sub>	996.4146	y <sub>10</sub>	1641.7173	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
355.6471 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	560.2385	b <sub>5</sub>	803.3716	b <sub>7</sub>	1032.4415	b <sub>10</sub>	1698.7388	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
361.183	y <sub>3</sub>	584.7351 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	805.8295 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1053.4361	y <sub>11</sub>	1738.7756	y <sub>17</sub>
385.6932 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	587.7615 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	812.3780 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1070.4861	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1739.6942	b <sub>17</sub>
399.1631 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	612.31	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	820.9030 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1103.4786	b <sub>11</sub>	1743.8079	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
402.1894 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	613.2341	y <sub>5</sub>	821.3623 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1168.463	y <sub>12</sub>	1796.7157	b <sub>18</sub>
421.2118 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	613.7973 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	841.4163	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1174.5157	b <sub>12</sub>	1841.7848	y <sub>18</sub>
434.6817 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	631.2775 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	849.8730 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1226.5872	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1872.8505	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
444.2201	y <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	647.2705	b <sub>6</sub>	868.356	y <sub>8</sub>	1261.5477	b <sub>13</sub>	1970.8274	MH

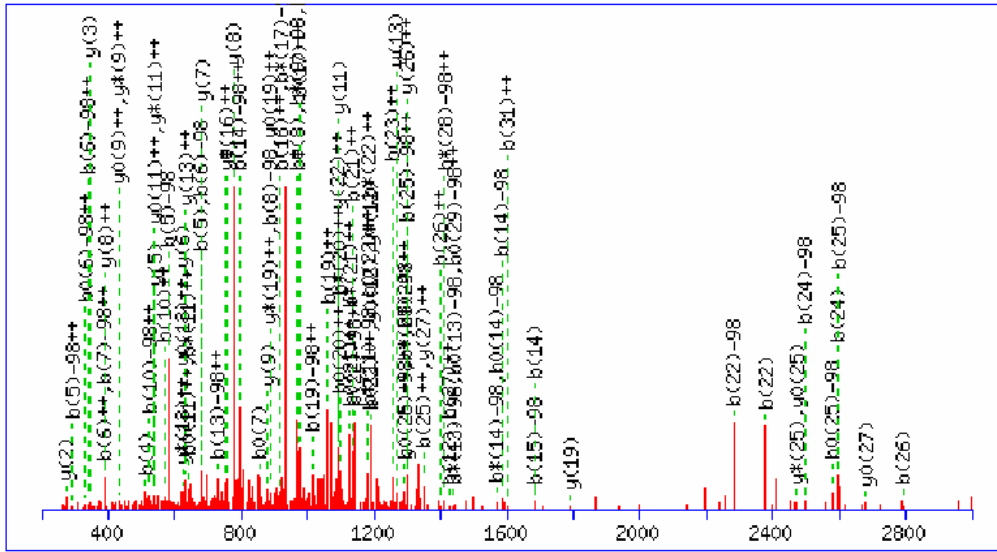
MS/MS Fragmentation of GVGsPEPGPTAPYLGR  
 Found in IPI00216546, Isoform 2 of Probable palmitoyltransferase ZDHHC5



88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	389.2163 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	676.3777	y <sub>6</sub>	874.4781	y <sub>8</sub>	1362.6688	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
116.5738 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	437.7427 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	690.8490 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	931.4996	y <sub>9</sub>	1380.6906	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
157.0972	b <sub>2</sub>	466.2534 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	704.2651	b <sub>7</sub>	932.4472	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1403.6243	b <sub>14</sub>
173.1159 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	478.1697	b <sub>5</sub>	711.3267 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	959.387	b <sub>10</sub>	1421.6461	y <sub>13</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	508.2878	y <sub>4</sub>	739.8374 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1028.5524	y <sub>10</sub>	1460.6457	b <sub>15</sub>
214.1186	b <sub>3</sub>	509.2354	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	740.3832 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1029.5	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1478.6675	y <sub>14</sub>
232.1404	y <sub>2</sub>	514.7798 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	760.3624	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1030.4241	b <sub>11</sub>	1479.7591	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
254.6475 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	579.3011 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	761.2866	b <sub>8</sub>	1127.4769	b <sub>12</sub>	1536.7805	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
283.1401	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	605.3406	y <sub>5</sub>	768.8939 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1157.5949	y <sub>11</sub>	1577.7359	y <sub>15</sub>
303.1739 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	606.2882	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	777.4254	y <sub>7</sub>	1192.5633	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1634.7574	MH
338.6925 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	607.2123	b <sub>6</sub>	789.3716 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1254.6477	y <sub>12</sub>		
345.2245	y <sub>3</sub>	627.8275 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	817.8823 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1290.5402	b <sub>13</sub>		
380.1928	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	662.3382 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	858.3393	b <sub>9</sub>	1305.6474	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
381.117	b <sub>4</sub>	663.3097	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	861.4101	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1323.6692	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

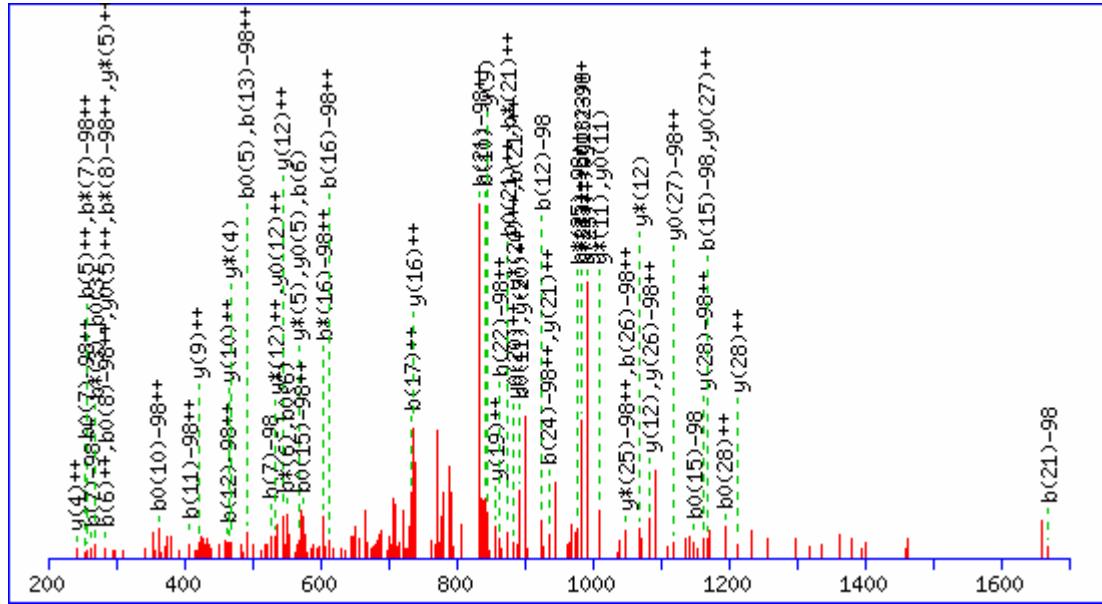


MS/MS Fragmentation of LLRQsPPLPGREEEPGLGDSGIQSTPGSGHAPR  
 Found in IPI00328272, Isoform 1 of Probable palmitoyltransferase ZDHHC5



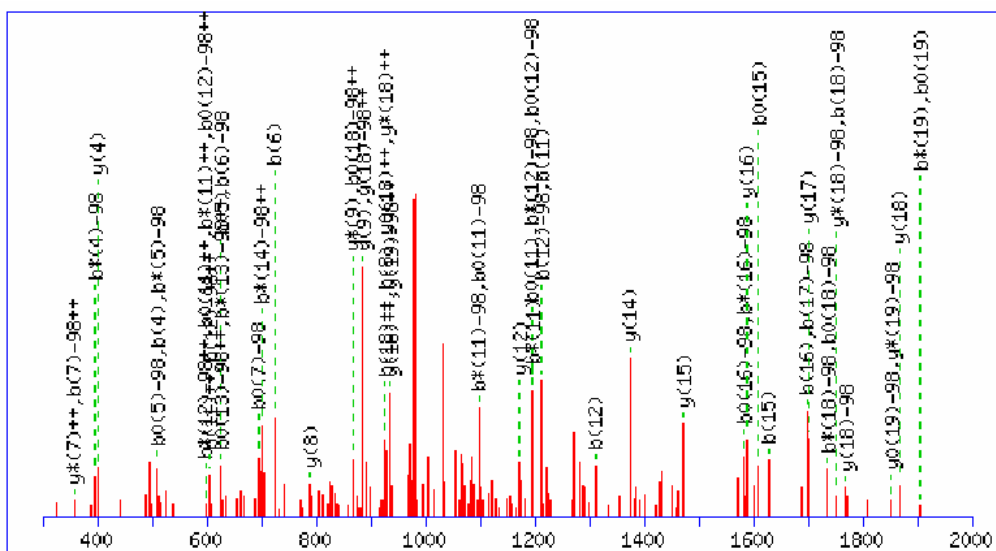
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	663.8857 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1084.5584 <sup>+2</sup>	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1497.2218 <sup>+2</sup>	b <sub>29</sub> <sup>+2</sup>	2334.1069	y <sub>23</sub>
136.5895 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	676.3393 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1089.5065 <sup>+2</sup>	y <sub>22</sub> <sup>+2</sup>	1516.7629 <sup>+2</sup>	b <sub>30</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2379.1704	b <sub>22</sub>
172.1081 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	677.4093	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1094.5337	y <sub>11</sub>	1523.7197	y <sub>16</sub>	2391.1284	y <sub>24</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	678.3335	b <sub>5</sub>	1105.0361 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1545.7175 <sup>+2</sup>	y <sub>30</sub> <sup>+2</sup>	2409.2521	b <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
192.1419 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	681.3427	y <sub>7</sub>	1133.5468 <sup>+2</sup>	b <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1552.2814 <sup>+2</sup>	b <sub>31</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2488.1811	y <sub>25</sub>
227.1754	b <sub>2</sub>	712.8741 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1139.5973	b <sub>10</sub>	1553.7836	b <sub>13</sub>	2496.2841	b <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
240.6375 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	728.4070 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1141.1004 <sup>+2</sup>	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1565.7513 <sup>+2</sup>	b <sub>30</sub> <sup>+2</sup>	2507.229	b <sub>23</sub>
256.1712 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	733.8528 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1167.5571 <sup>+2</sup>	y <sub>23</sub> <sup>+2</sup>	1574.7796 <sup>+2</sup>	y <sub>31</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2594.261	b <sub>24</sub>
269.1482 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	762.3635 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1190.0888 <sup>+2</sup>	b <sub>22</sub> <sup>+2</sup>	1584.8493	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2597.3318	b <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
272.1717	y <sub>2</sub>	774.4621	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1196.0678 <sup>+2</sup>	y <sub>24</sub> <sup>+2</sup>	1600.8078 <sup>+2</sup>	b <sub>32</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2601.2652	y <sub>26</sub>
290.6819 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	775.3862	b <sub>6</sub>	1197.7215	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1601.2699 <sup>+2</sup>	b <sub>31</sub> <sup>+2</sup>	2694.3846	b <sub>26</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
312.6643 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	777.3954 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1205.1297 <sup>+2</sup>	b <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1623.7680 <sup>+2</sup>	y <sub>31</sub> <sup>+2</sup>	2695.3087	b <sub>25</sub>
339.2083 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	778.3955	y <sub>8</sub>	1207.6178	y <sub>12</sub>	1631.3216 <sup>+2</sup>	y <sub>32</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2698.3179	y <sub>27</sub>
339.6704 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	792.9283 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1244.5942 <sup>+2</sup>	y <sub>25</sub> <sup>+2</sup>	1636.8038	y <sub>17</sub>	2751.406	b <sub>27</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
341.1750 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	818.9055 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1248.6457 <sup>+2</sup>	b <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1649.7962 <sup>+2</sup>	b <sub>32</sub> <sup>+2</sup>	2792.3615	b <sub>26</sub>
343.2088	y <sub>3</sub>	841.4547 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1254.1181 <sup>+2</sup>	b <sub>23</sub> <sup>+2</sup>	1680.3100 <sup>+2</sup>	y <sub>32</sub> <sup>+2</sup>	2795.3707	y <sub>28</sub>
383.2765	b <sub>3</sub>	841.9167 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1264.6393	y <sub>13</sub>	1681.902	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2838.4381	b <sub>28</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
387.7347 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	847.4163 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1295.6984	b <sub>11</sub>	1682.8262	b <sub>14</sub>	2849.3829	b <sub>27</sub>
388.1967 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	869.9654 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1297.6341 <sup>+2</sup>	b <sub>24</sub> <sup>+2</sup>	1687.8636 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2864.3922	y <sub>29</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
389.7014 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	872.439	b <sub>7</sub>	1299.1695 <sup>+2</sup>	b <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1693.8252	y <sub>18</sub>	2895.4595	b <sub>29</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
436.7231 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	879.4431	y <sub>9</sub>	1301.1362 <sup>+2</sup>	y <sub>26</sub> <sup>+2</sup>	1736.8521 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	2936.415	b <sub>28</sub>
440.2252 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	887.5461	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1326.7641	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1738.9235	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2962.3691	y <sub>29</sub>
444.2767 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	890.4431 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1347.6959 <sup>+2</sup>	b <sub>26</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1779.8789	b <sub>15</sub>	2992.4508	y <sub>30</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
480.2677	y <sub>4</sub>	895.9426 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1348.1580 <sup>+2</sup>	b <sub>25</sub> <sup>+2</sup>	1790.878	y <sub>19</sub>	2993.4364	b <sub>29</sub>
483.7412 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	918.9538 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1349.6626 <sup>+2</sup>	y <sub>27</sub> <sup>+2</sup>	1836.9004	b <sub>16</sub>	3032.5184	b <sub>30</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
492.8031 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	926.5074 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1351.6713	y <sub>14</sub>	1852.0076	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	3090.4276	y <sub>30</sub>
493.2652 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	955.0181 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1376.2067 <sup>+2</sup>	b <sub>27</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1909.029	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	3103.5556	b <sub>31</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
511.3351	b <sub>4</sub>	960.4639 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1396.6844 <sup>+2</sup>	b <sub>26</sub> <sup>+2</sup>	1919.9206	y <sub>20</sub>	3130.4953	b <sub>30</sub>
521.3138 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	966.4752	y <sub>10</sub>	1398.1890 <sup>+2</sup>	y <sub>28</sub> <sup>+2</sup>	1949.9845	b <sub>17</sub>	3148.5519	y <sub>31</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
537.2892	y <sub>5</sub>	975.4959 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1419.7227 <sup>+2</sup>	b <sub>28</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2007.0059	b <sub>18</sub>	3200.6083	b <sub>32</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
541.7915 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	984.5989	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1424.741	b <sub>12</sub>	2024.056	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	3201.5324	b <sub>31</sub>
547.7705 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	985.523	b <sub>8</sub>	1425.1951 <sup>+2</sup>	b <sub>27</sub> <sup>+2</sup>	2048.9632	y <sub>21</sub>	3246.5288	y <sub>31</sub>
570.3023 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	1004.0066 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1432.6997 <sup>+2</sup>	y <sub>29</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2111.088	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	3261.6359	y <sub>32</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
580.3566	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1012.5316 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1448.2334 <sup>+2</sup>	b <sub>29</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2122.0329	b <sub>19</sub>	3298.5852	b <sub>32</sub>
599.3644 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1024.9852 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1455.8067	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2168.1095	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	3359.6128	y <sub>32</sub>
604.3125 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1041.6204	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1466.6982	y <sub>15</sub>	2178.0058	y <sub>22</sub>	3374.72	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
624.3212	y <sub>6</sub>	1056.0476 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1468.7111 <sup>+2</sup>	b <sub>28</sub> <sup>+2</sup>	2209.0649	b <sub>20</sub>	3472.6969	MH
632.8233 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1061.5201 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1481.6882 <sup>+2</sup>	y <sub>29</sub> <sup>+2</sup>	2266.0864	b <sub>21</sub>		
648.3528 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	1082.5758	b <sub>9</sub>	1496.7290 <sup>+2</sup>	y <sub>30</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2281.1935	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

MS/MS Fragmentation of KASGSGGsAALGPSFGPSGGSGTKLPK  
 Found in IPI00014414, Bromodomain-containing protein 2



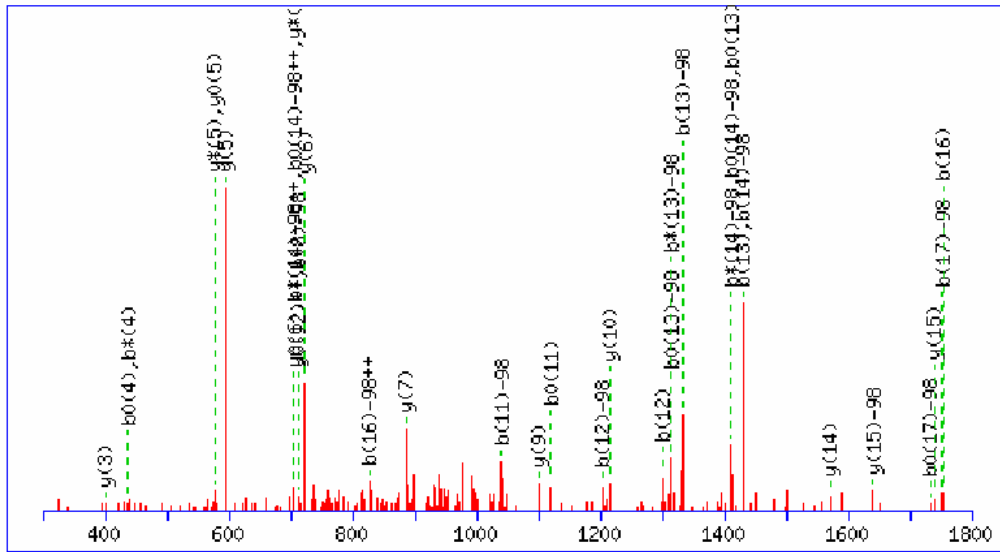
74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	512.7266 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	840.3247	b <sub>10</sub>	1099.4973 <sup>+2</sup>	b <sub>26</sub> <sup>+2</sup>	1726.8143	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
100.5733 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	514.7904 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	844.4887	y <sub>9</sub>	1106.0257 <sup>+2</sup>	y <sub>25</sub> <sup>+2</sup>	1767.7698	b <sub>21</sub>
122.5864 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	540.7753 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	855.8778 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1107.0509 <sup>+2</sup>	b <sub>27</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1785.9494	y <sub>20</sub>
144.0893 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	541.2373 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	857.9598 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1129.0640 <sup>+2</sup>	y <sub>27</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1813.8464	b <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	543.3011 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	863.9108 <sup>+2</sup>	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1134.5364 <sup>+2</sup>	y <sub>26</sub> <sup>+2</sup>	1824.7912	b <sub>22</sub>
172.6001 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	545.2678	b <sub>7</sub>	884.3885 <sup>+2</sup>	b <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1155.5773 <sup>+2</sup>	b <sub>28</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1854.9708	y <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
179.1285 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	584.2913 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	893.4783 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1156.0394 <sup>+2</sup>	b <sub>27</sub> <sup>+2</sup>	1870.8678	b <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
200.1394	b <sub>2</sub>	586.3923	y <sub>5</sub>	907.4268 <sup>+2</sup>	b <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1164.5826 <sup>+2</sup>	y <sub>28</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1911.8233	b <sub>23</sub>
216.1161 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	589.7637 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	911.3619	b <sub>11</sub>	1167.5753	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1911.9923	y <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
243.1759 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	602.2893	b <sub>8</sub>	912.8993 <sup>+2</sup>	b <sub>22</sub> <sup>+2</sup>	1178.0525 <sup>+2</sup>	y <sub>27</sub> <sup>+2</sup>	1952.9477	y <sub>21</sub>
244.1656	y <sub>2</sub>	612.8020 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	926.469	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1178.5201	b <sub>14</sub>	1968.8447	b <sub>24</sub>
244.6268 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	616.8353 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	927.9891 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1204.5657 <sup>+2</sup>	b <sub>28</sub> <sup>+2</sup>	1969.0138	y <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
273.1375 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	633.2797 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	931.5207	y <sub>10</sub>	1213.5710 <sup>+2</sup>	y <sub>28</sub> <sup>+2</sup>	1971.9155	b <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
287.1714	b <sub>3</sub>	643.4137	y <sub>6</sub>	935.9376 <sup>+2</sup>	b <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1224.5967	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2009.9692	y <sub>22</sub>
293.6998 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	645.3461 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	956.4153 <sup>+2</sup>	b <sub>23</sub> <sup>+2</sup>	1228.6301 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2026.0352	y <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
301.6483 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	661.7905 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	956.4998 <sup>+2</sup>	y <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1232.6634	y <sub>13</sub>	2066.9907	y <sub>23</sub>
322.2105 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	671.3107	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	976.9775 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1265.5522	b <sub>15</sub>	2069.8924	b <sub>25</sub>
336.1590 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	686.3362 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	983.4905	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1277.6185 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	2100.0105	b <sub>26</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
344.1928	b <sub>4</sub>	688.8621 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	984.9260 <sup>+2</sup>	b <sub>24</sub> <sup>+2</sup>	1289.6848	y <sub>14</sub>	2113.0673	y <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
357.2496	y <sub>3</sub>	714.8469 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	985.0105 <sup>+2</sup>	y <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1322.5736	b <sub>16</sub>	2124.0121	y <sub>24</sub>
365.7265 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	730.4458	y <sub>7</sub>	986.4614 <sup>+2</sup>	b <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1371.6652	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2170.0887	y <sub>26</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
371.6776 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	735.3247 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1005.4882 <sup>+2</sup>	y <sub>22</sub> <sup>+2</sup>	1376.7169	y <sub>15</sub>	2197.9874	b <sub>26</sub>
385.1475 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	737.3884 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1013.5213 <sup>+2</sup>	y <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1428.6866	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2211.0442	y <sub>25</sub>
394.2373 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	742.3478	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1024.4459	b <sub>12</sub>	1469.642	b <sub>17</sub>	2213.0945	b <sub>27</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
407.1961 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	763.3733 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1028.5735	y <sub>11</sub>	1473.7696	y <sub>16</sub>	2257.1207	y <sub>27</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
420.6660 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	763.8354 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1033.9990 <sup>+2</sup>	y <sub>23</sub> <sup>+2</sup>	1525.7394	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2268.0656	y <sub>26</sub>
422.7480 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	765.8992 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1035.4498 <sup>+2</sup>	b <sub>25</sub> <sup>+2</sup>	1526.6635	b <sub>18</sub>	2310.1473	b <sub>28</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
431.2249	b <sub>5</sub>	769.2876	b <sub>9</sub>	1050.5089 <sup>+2</sup>	b <sub>26</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1530.7911	y <sub>17</sub>	2311.0714	b <sub>27</sub>
456.1846 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	787.4672	y <sub>8</sub>	1057.0373 <sup>+2</sup>	y <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1612.7714	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2328.1579	y <sub>28</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
463.7381 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	806.8893 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1062.5097 <sup>+2</sup>	y <sub>24</sub> <sup>+2</sup>	1623.7163	b <sub>19</sub>	2355.0976	y <sub>27</sub>
466.2640 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	812.3618 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1080.5432	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1643.8751	y <sub>18</sub>	2408.1242	b <sub>28</sub>
485.3446	y <sub>4</sub>	813.385	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1081.4674	b <sub>13</sub>	1669.7929	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2426.1348	y <sub>28</sub>
488.2463	b <sub>6</sub>	822.4412 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1085.5480 <sup>+2</sup>	y <sub>26</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1710.7483	b <sub>20</sub>	2456.2528	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
492.2489 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	835.4001 <sup>+2</sup>	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1085.5949	y <sub>12</sub>	1714.9123	y <sub>19</sub>	2554.2297	MH

MS/MS Fragmentation of KT<sub>5</sub>LDVNSAEPGFLAPGAR  
 Found in IPI00171636, Neuron navigator 1



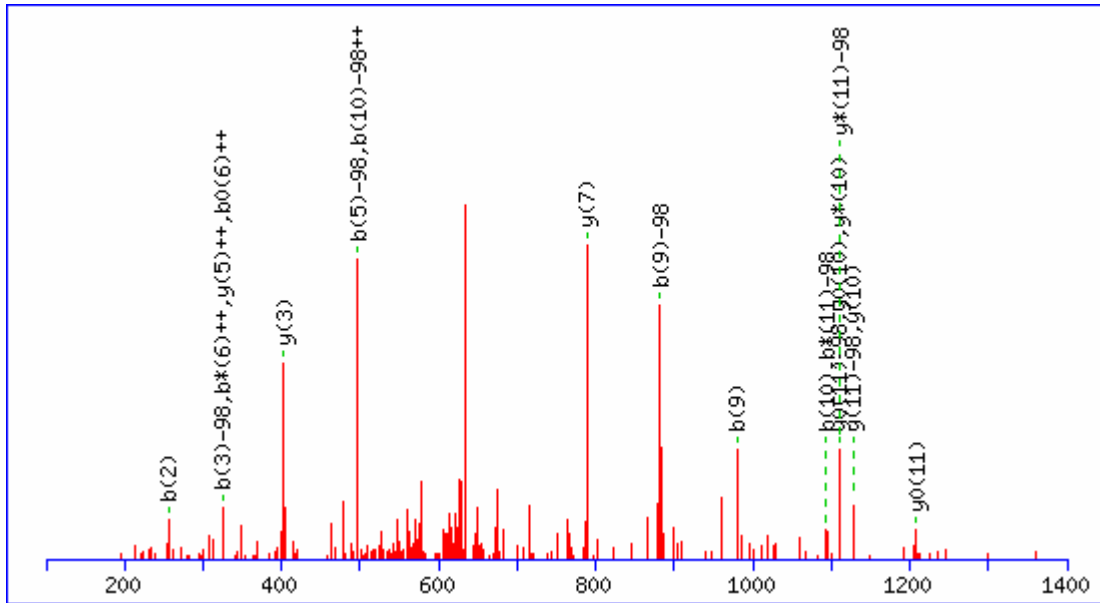
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	400.2303	y <sub>4</sub>	655.2872 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	914.4578	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1472.7492	y <sub>15</sub>
115.5786 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	406.1835 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	683.7979 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	925.4027	b <sub>8</sub>	1513.657	b <sub>14</sub>
123.5817 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	412.2554	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	687.3440 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	926.4299 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1528.7642	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
150.0893 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	414.2165 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	708.3437 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	934.4329 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1587.7762	y <sub>16</sub>
152.0924 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	443.2507 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	713.3828	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	935.9683 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1599.8013	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	457.7325 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	724.3277	b <sub>6</sub>	961.9484 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1626.7411	b <sub>15</sub>
199.0778 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	463.2050 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	731.4199	y <sub>7</sub>	984.9568 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1696.8541	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
200.6188 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	471.2674	y <sub>5</sub>	736.8782 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	985.4949	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1697.7782	b <sub>16</sub>
206.6314 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	493.2511 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	757.3322 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1000.0158 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1700.8602	y <sub>17</sub>
230.1499	b <sub>2</sub>	506.7210 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	764.8857 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1012.4347	b <sub>9</sub>	1753.8755	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
236.1373 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	507.7720 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	788.4413	y <sub>8</sub>	1014.5367	y <sub>10</sub>	1769.8817	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
246.1561	y <sub>2</sub>	510.2323	b <sub>4</sub>	794.3917 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1049.0043 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1794.831	b <sub>17</sub>
255.6198 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	527.2824	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	800.4043 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1083.4718	b <sub>10</sub>	1824.9127	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
264.1448 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	542.2395 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	811.3597	b <sub>7</sub>	1085.5738	y <sub>11</sub>	1851.8524	b <sub>18</sub>
292.6794 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	543.2905 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	813.8742 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1114.5375	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1867.8586	y <sub>18</sub>
299.1714	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	557.7724 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	827.4258	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1172.6058	y <sub>12</sub>	1870.9294	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
303.1775	y <sub>3</sub>	584.3515	y <sub>6</sub>	848.9307 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1211.5903	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1922.8895	b <sub>19</sub>
313.1333 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	586.8066 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	849.3927 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1212.5144	b <sub>11</sub>	1968.9063	y <sub>19</sub>
313.6790 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	606.2988 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	850.9338 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1268.6117	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1999.0243	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
357.1951 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	606.7608 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	877.4414 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1286.6488	y <sub>13</sub>	2097.0012	MH
362.6675 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	625.2593	b <sub>5</sub>	885.4445 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1309.5672	b <sub>12</sub>		
366.2136 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	626.3508	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	885.4941	y <sub>9</sub>	1366.5886	b <sub>13</sub>		
394.7243 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	634.8095 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	897.9191 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1373.6808	y <sub>14</sub>		
397.1483	b <sub>3</sub>	643.8280 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	912.9600 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1415.6801	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

MS/MS Fragmentation of ASQsAGDINTIYQPPEPR  
 Found in IPI00181703, mitogen-activated protein kinase kinase kinase 3 isoform 1



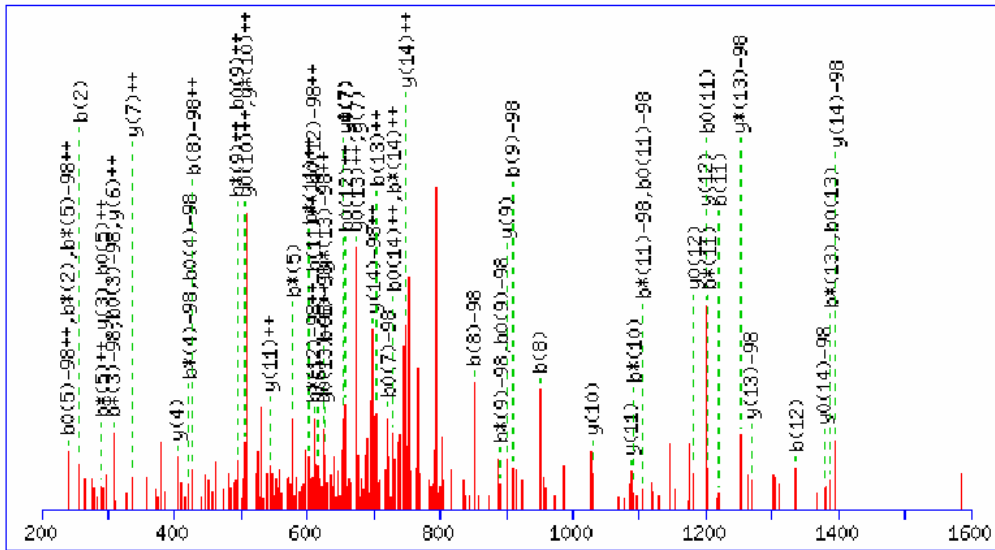
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	484.215	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	785.8966 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1025.3935	b <sub>10</sub>	1570.786	y <sub>14</sub>
136.5895 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	498.2671	y <sub>4</sub>	810.3029	b <sub>8</sub>	1040.5007	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1623.705	b <sub>15</sub>
159.0764	b <sub>2</sub>	500.2665 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	820.4074 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1100.5735	y <sub>9</sub>	1639.8075	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	525.1705	b <sub>5</sub>	826.369	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1138.4776	b <sub>11</sub>	1654.7707	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
201.1108 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	550.7904 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	869.3958 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1203.564	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1737.7844	y <sub>15</sub>
249.6372 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	582.1919	b <sub>6</sub>	884.4367 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1214.6164	y <sub>10</sub>	1751.8235	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
272.1717	y <sub>2</sub>	595.3198	y <sub>5</sub>	886.4417	y <sub>7</sub>	1301.5409	b <sub>12</sub>	1752.7476	b <sub>16</sub>
287.135	b <sub>3</sub>	599.242	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	924.3459	b <sub>9</sub>	1327.7005	y <sub>11</sub>	1767.866	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
298.1636 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	607.8118 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	927.4167	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1331.6226	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1849.8004	b <sub>17</sub>
356.1565	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	664.3539 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	927.9527 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1428.6754	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1854.8981	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
362.1928 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	697.2189	b <sub>7</sub>	933.4251 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1429.5995	b <sub>13</sub>	1865.8429	y <sub>16</sub>
401.2143	y <sub>3</sub>	712.326	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	963.4712 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1442.7274	y <sub>12</sub>	1925.9352	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
427.1936	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	721.8673 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	976.9411 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1499.7489	y <sub>13</sub>	1952.875	y <sub>17</sub>
443.7245 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	723.3784	y <sub>6</sub>	999.5258	y <sub>8</sub>	1525.7281	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2023.9121	MH
454.1334	b <sub>4</sub>	750.3781 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1012.4597 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1526.6523	b <sub>14</sub>		

MS/MS Fragmentation of RVsGDAAQDLDR  
 Found in IPI00464978, Insulin receptor substrate 2 insertion mutant (Fragment)



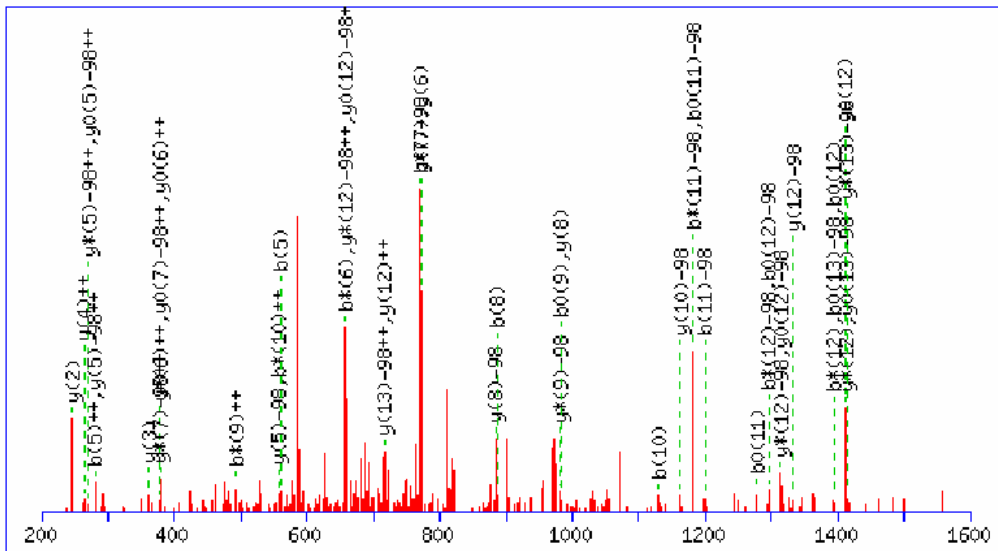
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	298.1154 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	452.2120 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	604.7508 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	960.4381	y <sub>9</sub>
128.5920 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	320.1641 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	480.1966	b <sub>4</sub>	613.7561 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	980.3833	b <sub>9</sub>
145.5766 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	323.6614 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	480.7227 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	639.3209	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	995.4905	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
163.1028 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	325.1983	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	490.6953 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	642.8182 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1029.4596	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	333.6340 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	497.2467	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	646.3155	y <sub>5</sub>	1093.4674	b <sub>10</sub>
191.6135 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	359.1799 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	498.2489 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	666.2607	b <sub>6</sub>	1110.5174	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
202.1186 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	369.1525 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	515.2334 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	691.8066 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1127.4365	y <sub>10</sub>
212.0912 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	382.2197	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	518.2569	y <sub>4</sub>	717.3526	y <sub>6</sub>	1128.528	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
240.6020 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	384.1934 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	547.2373 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	737.2978	b <sub>7</sub>	1208.4943	b <sub>11</sub>
249.1270 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	394.6985 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	555.7624 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	767.3795	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1226.5049	y <sub>11</sub>
256.1768	b <sub>2</sub>	403.23	y <sub>3</sub>	564.2219 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	788.3897	y <sub>7</sub>	1284.6291	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
259.6321 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	423.1752	b <sub>3</sub>	564.7676 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	865.3564	b <sub>8</sub>	1382.606	MH
284.6455 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	433.1818 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	568.2838	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	882.4064	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
290.1459	y <sub>2</sub>	441.7068 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	595.2236	b <sub>5</sub>	903.4167	y <sub>8</sub>		

MS/MS Fragmentation of KQsLGELIGTLNAAK  
 Found in IPI00465028, Triosephosphate isomerase



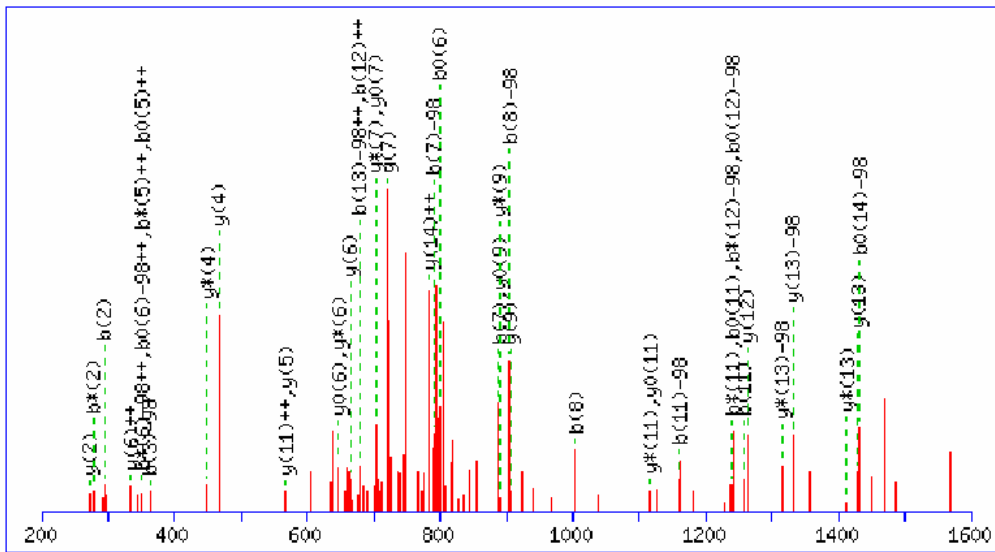
74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	326.1823	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	537.2432	b <sub>4</sub>	723.3073	b <sub>6</sub>	1199.6994	y <sub>12</sub>
109.5786 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	337.6952 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	543.8113 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	738.4145	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1220.6286	b <sub>11</sub>
129.0840 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	362.1573 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	554.2759 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	738.8765 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1236.6947	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
145.0972 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	369.7109 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	561.8295 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	747.8818 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1268.7209	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	394.2373 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	594.2647	b <sub>5</sub>	762.9408 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1307.7318	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
163.5948 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	403.23	y <sub>4</sub>	600.3533 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	787.4672	y <sub>8</sub>	1334.6716	b <sub>12</sub>
202.1186 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	418.6993 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	610.8180 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	811.9293 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1366.6978	y <sub>13</sub>
212.5832 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	424.1592	b <sub>3</sub>	617.3617	y <sub>6</sub>	836.3914	b <sub>7</sub>	1378.7689	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
218.1499	y <sub>2</sub>	426.2529 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	618.8510 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	851.4985	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1396.7795	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
220.1368 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	439.2663	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	625.3304	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	900.5513	y <sub>9</sub>	1405.7087	b <sub>13</sub>
248.6475 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	450.7793 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	634.8641 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	908.52	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1476.7458	b <sub>14</sub>
257.1608	b <sub>2</sub>	454.7636 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	654.3695 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	949.4754	b <sub>8</sub>	1494.7564	y <sub>14</sub>
258.6606 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	475.2414 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	667.8394 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1006.4969	b <sub>9</sub>	1524.8744	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
269.1253 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	496.2878	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	674.3832	y <sub>7</sub>	1009.5677	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1622.8513	MH
289.187	y <sub>3</sub>	503.7521 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	683.8525 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1029.5939	y <sub>10</sub>		
297.6360 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	505.2875 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	689.8881 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1086.6154	y <sub>11</sub>		
309.1845 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	515.3006 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	698.8934 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1107.5446	b <sub>10</sub>		
313.1688 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	516.314	y <sub>5</sub>	703.3580 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1122.6517	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

MS/MS Fragmentation of KVAVYIIVDEsNVK  
 Found in IPI00419166, hypothetical protein LOC644815



74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	337.7154 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	561.3395	b <sub>5</sub>	715.8981 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1161.615	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
114.5890 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	360.2241	y <sub>3</sub>	565.8264 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	755.8813 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1199.6671	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
123.5942 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	386.1497 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	581.3111 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	764.8866 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1259.5919	y <sub>10</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	386.6954 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	600.3372 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	771.292	y <sub>6</sub>	1260.6834	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
150.1075 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	394.2575 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	630.2996 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	772.3836	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1297.6439	b <sub>11</sub>
180.6157 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	398.2762	b <sub>4</sub>	630.8454 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	779.9456 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1313.71	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
199.6417 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	429.2456	y <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	649.3256 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	787.5076	b <sub>7</sub>	1331.7205	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
215.1264 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	435.6839 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	656.2651	y <sub>5</sub>	828.9340 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1358.6603	y <sub>11</sub>
228.1707	b <sub>2</sub>	443.2374 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	657.3586 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	870.3605	y <sub>7</sub>	1411.6869	b <sub>12</sub>
246.1812	y <sub>2</sub>	443.7917 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	666.3639 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	885.4676	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1412.7784	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
264.1149 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	492.2259 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	673.3151	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	886.5761	b <sub>8</sub>	1429.6974	y <sub>12</sub>
279.6477 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	499.7795 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	674.4236	b <sub>6</sub>	983.4445	y <sub>8</sub>	1430.789	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
281.1734 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	501.3051 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	679.8338 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	998.5517	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1510.7553	b <sub>13</sub>
299.2078	b <sub>3</sub>	527.2225	y <sub>4</sub>	706.3471 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1001.603	b <sub>9</sub>	1528.7659	y <sub>13</sub>
328.6362 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	548.7679 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	706.8928 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1096.5286	y <sub>9</sub>	1558.8839	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
337.1612 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	558.2882	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	715.3524 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1130.6456	b <sub>10</sub>	1656.8608	MH

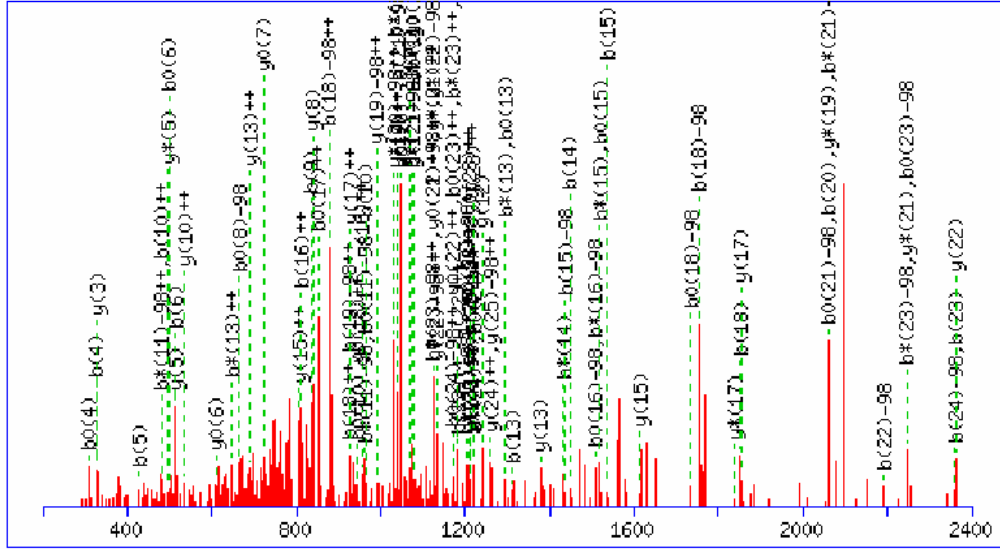
MS/MS Fragmentation of RHsEQVANGPTPPPR  
 Found in IPI00419166, hypothetical protein LOC644815



88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	363.1888	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	578.7484 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	774.8514 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1256.6131	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
136.5895 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	369.2245	y <sub>3</sub>	580.2838 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	783.8567 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1257.5372	b <sub>11</sub>
147.5873 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	395.7014 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	590.2083	b <sub>4</sub>	790.3955	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1262.6488	y <sub>12</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	409.1713 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	620.2899	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	812.9188 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1331.6702	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
182.0980 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	418.2247 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	628.8102 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	817.3352	b <sub>6</sub>	1353.6658	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
185.1159 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	444.6898 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	629.2722 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	835.4421	y <sub>8</sub>	1354.59	b <sub>12</sub>
231.0865 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	452.7228 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	631.8280 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	861.9072 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1429.6471	y <sub>13</sub>
233.6423 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	453.7432 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	664.3777	y <sub>6</sub>	888.3724	b <sub>7</sub>	1450.7186	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
246.6193 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	461.1657	b <sub>3</sub>	666.3388 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	904.4384	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1451.6427	b <sub>13</sub>
272.1717	y <sub>2</sub>	466.2772	y <sub>4</sub>	677.3365 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	906.4792	y <sub>9</sub>	1468.7292	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
284.1661 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	481.2336 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	677.7986 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	961.4599	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1548.6955	b <sub>14</sub>
294.1673	b <sub>2</sub>	492.2314	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	715.3272 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1002.4153	b <sub>8</sub>	1566.706	y <sub>14</sub>
295.6078 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	501.7113 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	718.2668	b <sub>5</sub>	1005.5476	y <sub>10</sub>	1624.8303	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
310.6486 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	503.2774 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	719.3583	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1058.5126	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1722.8072	MH
332.6925 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	529.7599 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	721.3991	y <sub>7</sub>	1059.4367	b <sub>9</sub>		
359.6371 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	530.2220 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	725.8629 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1133.6062	y <sub>11</sub>		
360.1828 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	567.3067 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	726.3250 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1156.4895	b <sub>10</sub>		
361.2032 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	567.3249	y <sub>5</sub>	734.8682 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1159.5603	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

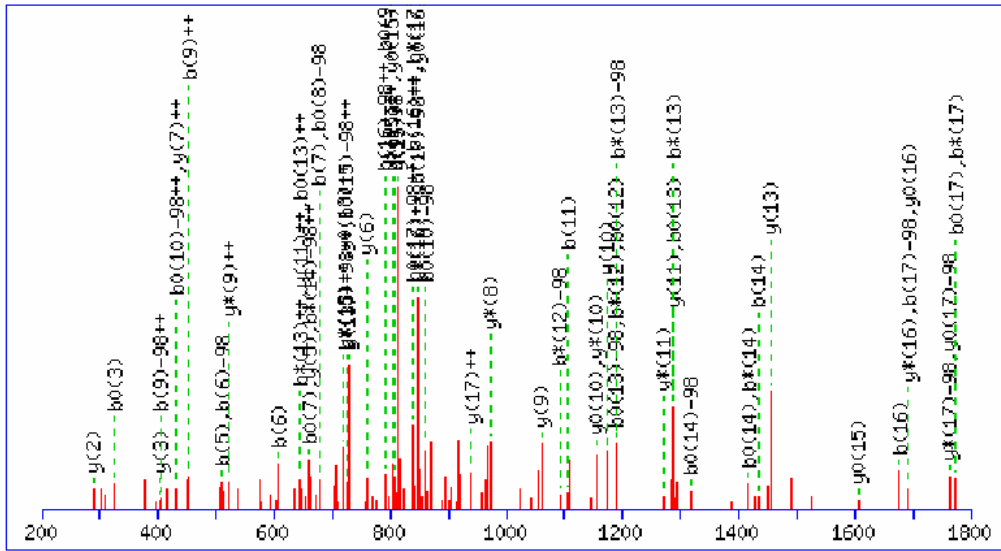


MS/MS Fragmentation of APSATSPsGQLPHHSSTQPLDLAPGR  
 Found in IPI00735239, PREDICTED: similar to Ataxin-1



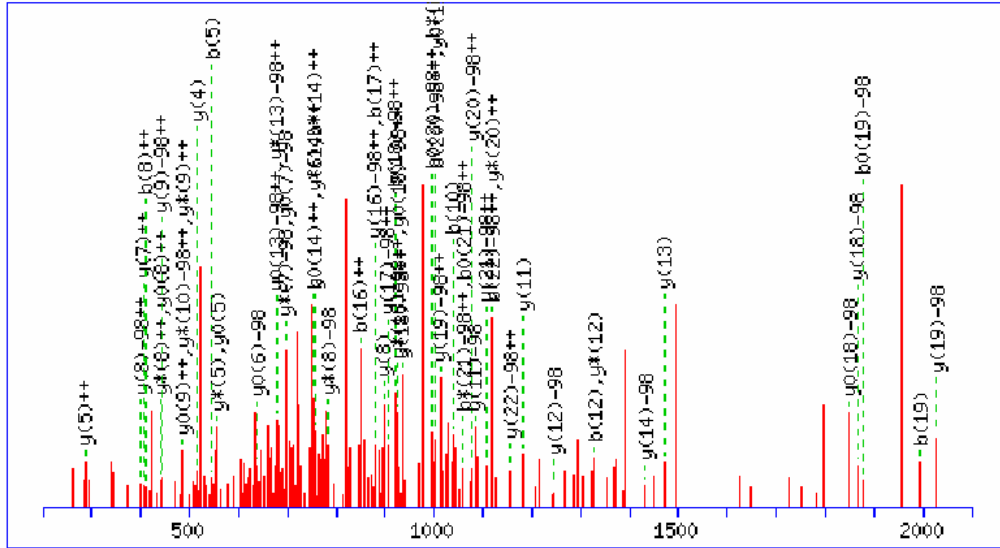
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	689.8573 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1031.4731 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1260.6331 <sup>+2</sup>	y <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2077.9815	y <sub>19</sub>
116.5738 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	719.3471 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1039.0323 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1261.0952 <sup>+2</sup>	y <sub>24</sub> <sup>+2</sup>	2078.989	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
165.1002 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	724.8195 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1039.4944 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1296.1517 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2164.0894	y <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
169.0972	b <sub>2</sub>	738.3417	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1039.9981 <sup>+2</sup>	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1309.6216 <sup>+2</sup>	y <sub>25</sub> <sup>+2</sup>	2175.0343	y <sub>20</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	741.4254	y <sub>7</sub>	1067.5844	y <sub>10</sub>	1311.5729	b <sub>13</sub>	2176.9659	b <sub>21</sub>
200.6188 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	758.3868 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1076.5371	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1345.1401 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	2192.0731	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
232.1404	y <sub>2</sub>	762.8631 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1077.4612	b <sub>11</sub>	1350.6549	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2262.0663	y <sub>21</sub>
256.1292	b <sub>3</sub>	768.3356 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1082.5483 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1378.7074	y <sub>13</sub>	2263.1102	b <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
257.1608 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	779.2971	b <sub>8</sub>	1088.0208 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1437.687	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2265.1371	y <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
314.6743 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	806.9132 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1088.9866 <sup>+2</sup>	b <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1448.6318	b <sub>14</sub>	2290.05	b <sub>22</sub>
327.1663	b <sub>4</sub>	811.8516 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1096.5402 <sup>+2</sup>	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1515.7663	y <sub>14</sub>	2336.1742	y <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
329.1932	y <sub>3</sub>	813.3870 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1131.5368 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1524.719	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2360.1629	b <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
371.2163 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	836.3186	b <sub>9</sub>	1132.0587 <sup>+2</sup>	b <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1535.6638	b <sub>15</sub>	2361.0871	b <sub>23</sub>
400.2303	y <sub>4</sub>	838.4781	y <sub>8</sub>	1133.0722 <sup>+2</sup>	y <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1612.819	y <sub>15</sub>	2363.114	y <sub>22</sub>
419.7427 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	862.3754 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1145.5286 <sup>+2</sup>	b <sub>22</sub> <sup>+2</sup>	1622.6959	b <sub>16</sub>	2417.1844	b <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
428.214	b <sub>5</sub>	863.4552 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1154.6164	y <sub>11</sub>	1625.7667	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2423.2062	y <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
483.7720 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	866.4003	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1168.5907 <sup>+2</sup>	y <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1723.7436	b <sub>17</sub>	2434.1511	y <sub>23</sub>
513.3144	y <sub>5</sub>	877.4163 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1174.514	b <sub>12</sub>	1725.9031	y <sub>16</sub>	2458.1398	b <sub>24</sub>
515.246	b <sub>6</sub>	925.9426 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1180.5851 <sup>+2</sup>	b <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1753.8252	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2515.1613	b <sub>25</sub>
534.2958 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	926.4047 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1181.0472 <sup>+2</sup>	b <sub>23</sub> <sup>+2</sup>	1850.878	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2520.259	y <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
577.8118 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	927.4845 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1182.0606 <sup>+2</sup>	y <sub>22</sub> <sup>+2</sup>	1851.8021	b <sub>18</sub>	2521.1831	y <sub>24</sub>
607.3016 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	955.9952 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1209.0958 <sup>+2</sup>	b <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1853.9617	y <sub>17</sub>	2591.2961	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
612.2988	b <sub>7</sub>	964.3772	b <sub>10</sub>	1212.1067 <sup>+2</sup>	y <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1910.9831	y <sub>18</sub>	2618.2359	y <sub>25</sub>
621.3279 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	966.5367	y <sub>9</sub>	1213.596	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1948.8549	b <sub>19</sub>	2689.273	MH
628.3413	y <sub>6</sub>	974.9311 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1217.5792 <sup>+2</sup>	y <sub>23</sub> <sup>+2</sup>	1963.9621	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
656.2901 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	979.4843	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1229.5736 <sup>+2</sup>	b <sub>24</sub> <sup>+2</sup>	1980.0046	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
675.8311 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	982.4847 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1241.6484	y <sub>12</sub>	2061.939	b <sub>20</sub>		
681.3202	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	990.5059 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1258.0843 <sup>+2</sup>	b <sub>25</sub> <sup>+2</sup>	2077.0574	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

MS/MS Fragmentation of S(SS)PAPADIAQTVQEDLR  
 Found in IPI00012442, Ras-GTPase-activating protein-binding protein 1



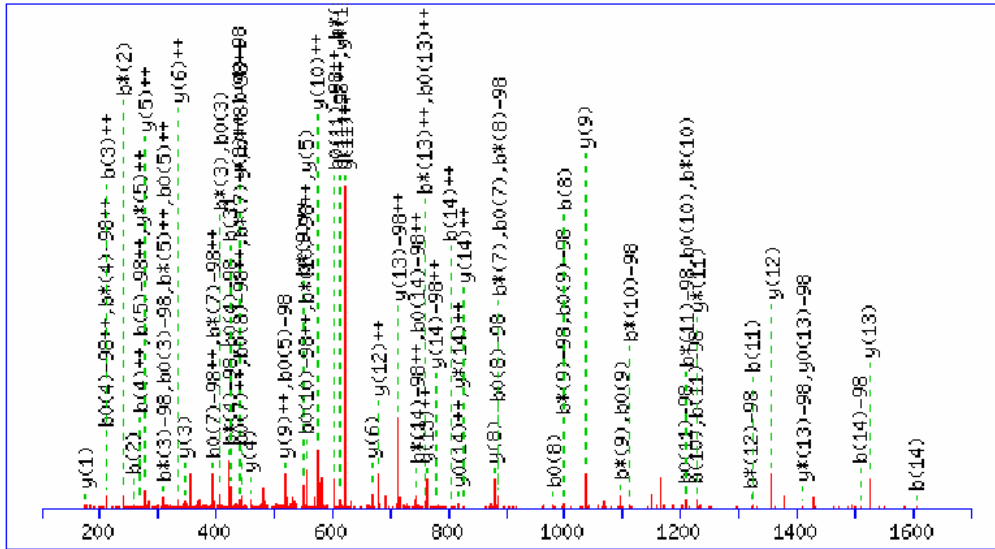
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	430.7272 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	728.3755 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	988.5058	y <sub>8</sub>	1526.7809	y <sub>14</sub>
144.6051 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	439.1225	b <sub>4</sub>	759.3995	y <sub>6</sub>	1007.4793	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1562.6734	b <sub>15</sub>
157.0608	b <sub>2</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	494.7565 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	763.8941 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1059.5429	y <sub>9</sub>	1579.7235	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	509.2354	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	793.2764	b <sub>8</sub>	1105.4561	b <sub>11</sub>	1623.8337	y <sub>15</sub>
202.1186 <sup>-2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	510.1596	b <sub>5</sub>	808.3836	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1108.5269	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1677.7004	b <sub>16</sub>
244.0928	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	530.2751 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	812.4205 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1172.627	y <sub>10</sub>	1692.8075	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
255.0377	b <sub>2</sub>	532.2726	y <sub>4</sub>	855.9365 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1206.5038	b <sub>12</sub>	1710.8657	y <sub>16</sub>
266.6399 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	580.2726	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	860.4472	y <sub>7</sub>	1207.5953	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1779.8872	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
288.203	y <sub>2</sub>	586.8171 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	879.4207	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1287.6539	y <sub>11</sub>	1790.7844	b <sub>17</sub>
330.6692 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	607.2123	b <sub>6</sub>	890.4472 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1305.5722	b <sub>13</sub>	1866.9192	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
341.1456	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	644.3306 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	906.3605	b <sub>9</sub>	1335.6539	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1877.8641	y <sub>17</sub>
342.0697	b <sub>3</sub>	660.3311	y <sub>5</sub>	933.9632 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1358.691	y <sub>12</sub>	1964.8961	MH
380.2034 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	678.2494	b <sub>7</sub>	939.4357 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1433.6308	b <sub>14</sub>		
403.23	y <sub>3</sub>	679.8492 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	977.3976	b <sub>10</sub>	1455.7438	y <sub>13</sub>		
412.1827	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	695.2995	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	982.9517 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1464.6965	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

MS/MS Fragmentation of VVGKCGGYCGKCTPSSGtGLEVR  
 Found in IPI00386763, Isoform 1 of ADAMTS-9 precursor



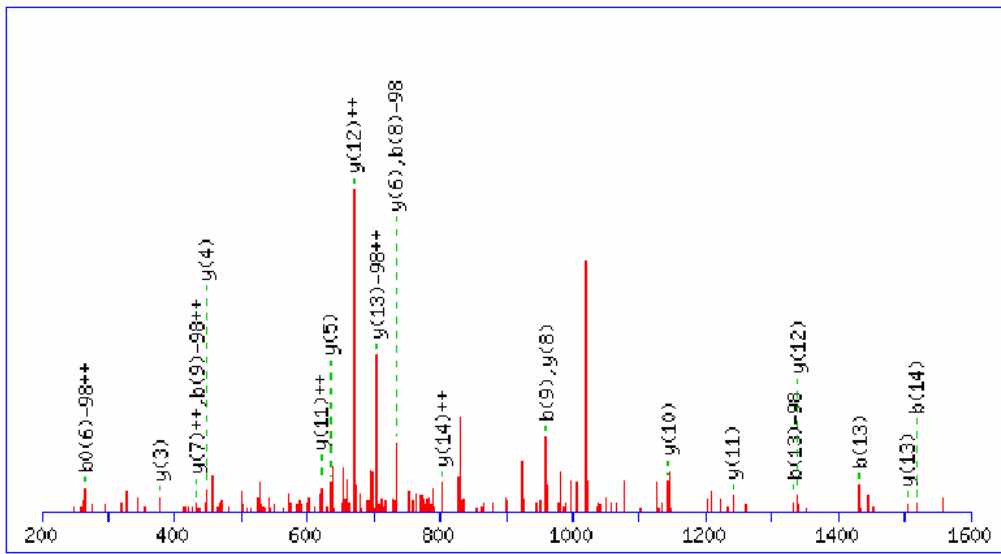
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	493.2211 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	800.4261	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1041.9440 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1696.7782	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
137.5973 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	516.314	y <sub>4</sub>	811.371	y <sub>7</sub>	1052.5016	b <sub>11</sub>	1724.7553	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	526.7544 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	820.3820 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1070.4547 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1737.7336	y <sub>16</sub>
192.6339 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	541.7475 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	834.3706 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1071.0005 <sup>+2</sup>	y <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1753.7996	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
199.1441	b <sub>2</sub>	543.2829 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	848.8927 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1082.4673 <sup>+2</sup>	b <sub>22</sub> <sup>+2</sup>	1765.7107	b <sub>18</sub>
202.1186 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	544.2912	b <sub>6</sub>	862.8813 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1082.4878	y <sub>10</sub>	1794.755	y <sub>17</sub>
244.1385 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	573.3355	y <sub>5</sub>	867.3852	b <sub>9</sub>	1085.5586	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1822.7322	b <sub>19</sub>
256.1656	b <sub>3</sub>	578.2590 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	869.3704 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1119.9889 <sup>+2</sup>	y <sub>22</sub> <sup>+2</sup>	1837.8394	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
258.6606 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	592.2714 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	877.4034 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1120.5347 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1851.7765	y <sub>18</sub>
272.6492 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	594.7875 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	883.3590 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1155.5108	b <sub>12</sub>	1856.8088	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
274.1874	y <sub>2</sub>	601.3126	b <sub>7</sub>	887.4581	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1169.5231 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1935.8163	b <sub>20</sub>
287.1714 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	628.7829 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	897.8812 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1183.5355	y <sub>11</sub>	1954.7857	y <sub>19</sub>
301.1600 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	643.7760 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	898.403	y <sub>8</sub>	1188.5677	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1966.882	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
328.6899 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	656.3726	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	911.8697 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1256.5584	b <sub>13</sub>	1984.9038	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
357.2007 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	658.8350 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	919.4233 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1286.5446	y <sub>12</sub>	2041.9252	y <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
377.6784 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	677.3092 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	924.4066	b <sub>10</sub>	1316.6627	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2064.8589	b <sub>21</sub>
382.6916 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	687.3457 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	926.3919 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1353.6112	b <sub>14</sub>	2065.9504	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
384.2605	b <sub>4</sub>	707.8234 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	928.9080 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1373.6842	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2082.8807	y <sub>20</sub>
400.7167 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	713.3941	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	968.4118 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1414.6396	y <sub>13</sub>	2139.9021	y <sub>21</sub>
403.23	y <sub>3</sub>	720.8253 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	977.8965 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1440.6432	b <sub>15</sub>	2140.9936	y <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
406.1891 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	736.3342 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	983.9446 <sup>+2</sup>	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1471.6611	y <sub>14</sub>	2163.9273	b <sub>22</sub>
434.1962 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	738.8503 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	984.5109	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1476.6934	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2238.9705	y <sub>22</sub>
444.2327 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	754.3495	y <sub>6</sub>	985.435	y <sub>9</sub>	1527.6753	b <sub>16</sub>	2240.0621	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
449.7051 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	764.3413 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	992.9555 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1574.6703	y <sub>15</sub>	2338.0389	MH
462.7069 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	764.376	b <sub>8</sub>	1021.4663 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1584.6967	b <sub>17</sub>		
487.2697	b <sub>5</sub>	787.8388 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1032.9331 <sup>+2</sup>	b <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1639.7567	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
492.7591 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	792.8520 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1033.4788 <sup>+2</sup>	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1667.7338	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

MS/MS Fragmentation of QQsLPLRPIIPLVAR  
 Found in IPI00002515, TBC1 domain family member 22B



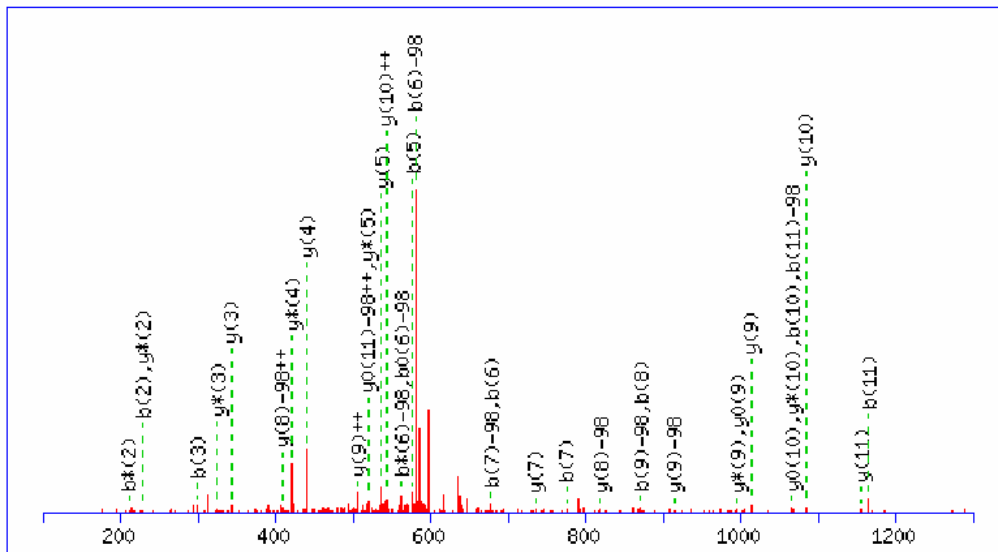
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	451.7640 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	649.3668	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	826.9842 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1338.8256	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
123.5817 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	452.2260 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	662.3629 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	842.0250 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1357.9042	y <sub>12</sub>
173.1159 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	458.3085	y <sub>4</sub>	668.4454	y <sub>6</sub>	878.5822	y <sub>8</sub>	1426.9257	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	500.7524 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	669.9164 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	891.0135 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1436.8025	b <sub>12</sub>
229.6579 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	508.3060 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	679.4557 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	902.5207	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1437.894	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
246.1561	y <sub>2</sub>	517.8453 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	713.9665 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	903.4448	b <sub>7</sub>	1508.9311	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
257.1244	b <sub>2</sub>	536.2827	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	718.9049 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1000.4976	b <sub>8</sub>	1524.9026	y <sub>13</sub>
278.1843 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	537.2069	b <sub>4</sub>	719.4507 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1015.6047	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1535.8709	b <sub>13</sub>
326.1459	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	555.3613	y <sub>5</sub>	747.3437	b <sub>6</sub>	1034.6833	y <sub>9</sub>	1554.9842	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
334.7263 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	557.2944 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	754.9692 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1113.5816	b <sub>9</sub>	1606.908	b <sub>14</sub>
345.2245	y <sub>3</sub>	564.8480 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	762.9549 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1128.6888	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1652.9611	y <sub>14</sub>
391.2684 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	574.3873 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	768.4391 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1147.7674	y <sub>10</sub>	1683.0428	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
403.2376 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	613.3744 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	777.9958 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1225.7416	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1781.0197	MH
424.1228	b <sub>3</sub>	613.8365 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	781.5294	y <sub>7</sub>	1226.6657	b <sub>10</sub>		
439.23	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	622.9137 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	803.9577 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1244.8201	y <sub>11</sub>		
439.7947 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	634.2596	b <sub>5</sub>	805.4679	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1323.7184	b <sub>11</sub>		

MS/MS Fragmentation of STsPPPSPEVWADSR  
 Found in IPI00216633, Isoform Short of Dematin



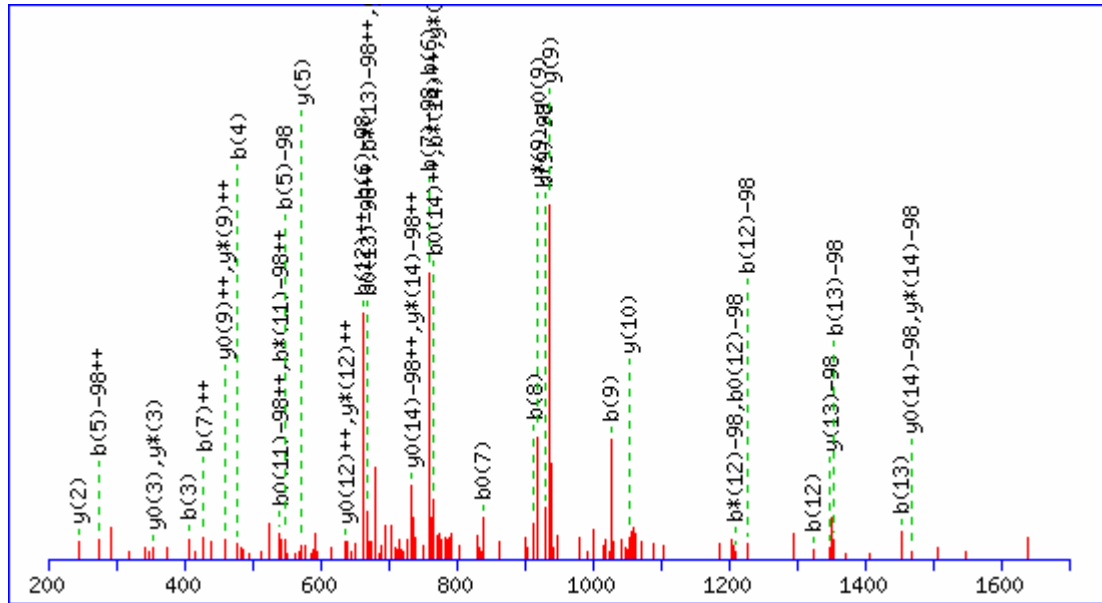
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	431.7063 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	669.3279 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	959.4581	y <sub>8</sub>	1406.6699	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
131.5791 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	448.215	y <sub>4</sub>	703.8386 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	960.371	b <sub>9</sub>	1420.6379	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	452.214	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	733.3515	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	961.4625	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1431.5828	b <sub>13</sub>
189.087	b <sub>2</sub>	453.1381	b <sub>4</sub>	733.3628	y <sub>6</sub>	1046.4901	y <sub>9</sub>	1504.6468	y <sub>13</sub>
189.0926 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	480.2327 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	734.2757	b <sub>7</sub>	1059.4394	b <sub>10</sub>	1507.7176	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
224.6112 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	523.7487 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	752.8270 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1143.5429	y <sub>10</sub>	1518.6148	b <sub>14</sub>
258.1084	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	549.2667	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	754.3624 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1147.5419	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1594.7496	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
262.151	y <sub>2</sub>	550.1909	b <sub>5</sub>	797.8784 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1218.579	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1605.6945	y <sub>14</sub>
317.6508 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	572.2751 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	803.3509 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1240.5957	y <sub>11</sub>	1692.7265	MH
355.1612	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	620.8015 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	831.3284	b <sub>8</sub>	1245.5187	b <sub>11</sub>		
356.0853	b <sub>3</sub>	634.2944	y <sub>5</sub>	846.8669 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1316.5559	b <sub>12</sub>		
367.1850 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	636.2988	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	862.3941	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1333.6059	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
377.1779	y <sub>3</sub>	647.2436	b <sub>6</sub>	862.4054	y <sub>7</sub>	1337.6484	y <sub>12</sub>		

MS/MS Fragmentation of RAAPtTPPPVK  
 Found in IPI00009319, Isoform 1 of SH3 adapter protein SPIN90



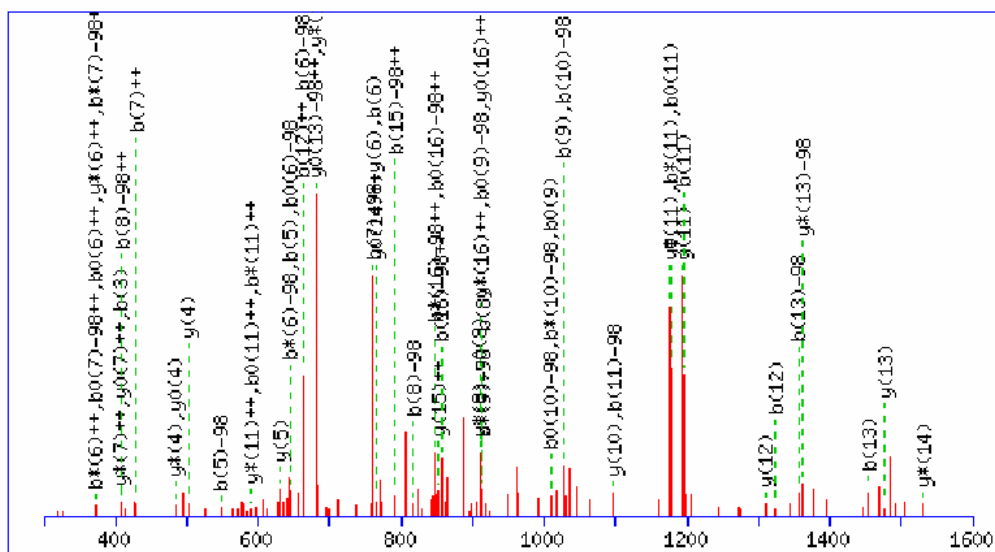
74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	299.1826	b <sub>3</sub>	458.7306 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	583.2919 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	968.5312	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
114.5764 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	317.6998 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	479.2725	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	607.3562 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	969.4554	b <sub>9</sub>
123.5942 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	339.1901 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	484.7693 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	634.3923	y <sub>6</sub>	986.5669	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	339.6522 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	485.2313 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	656.3447 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1013.5067	y <sub>9</sub>
150.0949 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	343.234	y <sub>3</sub>	493.7871 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	677.3729	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1057.6041	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
172.1206 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	368.2236 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	507.2570 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	678.2971	b <sub>6</sub>	1066.5081	b <sub>10</sub>
198.6213 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	387.7165 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	529.3057 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	735.44	y <sub>7</sub>	1067.5996	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
220.6470 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	388.1786 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	533.7577 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	774.4257	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1084.5438	y <sub>10</sub>
228.1455	b <sub>2</sub>	396.2354	b <sub>4</sub>	534.3035 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	775.3498	b <sub>7</sub>	1155.581	y <sub>11</sub>
240.1399 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	409.7422 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	537.3395	y <sub>5</sub>	818.4771	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1165.5765	b <sub>11</sub>
246.1812	y <sub>2</sub>	436.2429 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	542.7756 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	871.4785	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1213.7052	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
269.1734 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	436.7049 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	577.2494	b <sub>5</sub>	872.4026	b <sub>8</sub>	1311.6821	MH
289.1283 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	440.2867	y <sub>4</sub>	578.2941 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	915.5298	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
290.6637 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	458.2686 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	580.3202	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	916.454	y <sub>8</sub>		

MS/MS Fragmentation of IHRAsDPGLPAECPK  
 Found in IPI00301263, CAD protein



74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	392.2160 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	596.7959 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	783.4247	y <sub>7</sub>	1219.5242	y <sub>11</sub>
122.5864 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	407.2514	b <sub>3</sub>	598.2846 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	792.3643 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1226.6276	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
126.0788 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	408.7092 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	610.2658 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	799.9179 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1290.5613	y <sub>12</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	420.7267 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	613.8175 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	816.4111	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1324.6045	b <sub>12</sub>
187.1077 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	429.1869 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	645.2868	b <sub>5</sub>	840.4462	y <sub>8</sub>	1348.6856	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
204.1293 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	457.6976 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	645.7843 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	848.9064 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1355.6702	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
239.6479 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	465.2512 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	662.3369	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	857.3665	b <sub>7</sub>	1446.6625	y <sub>13</sub>
244.1656	y <sub>2</sub>	469.2531 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	662.8059 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	914.388	b <sub>8</sub>	1452.723	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
251.1503	b <sub>2</sub>	478.2885	b <sub>4</sub>	670.3406	y <sub>6</sub>	929.4952	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1453.6471	b <sub>13</sub>
251.6290 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	502.2508	y <sub>4</sub>	674.8464 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	937.4989	y <sub>9</sub>	1485.7445	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
274.1586 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	513.7776 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	678.3388 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1026.5479	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1550.6999	b <sub>14</sub>
287.1476 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	514.2397 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	723.8349 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1027.4721	b <sub>9</sub>	1583.7214	y <sub>14</sub>
323.1471 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	526.7666 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	726.8651 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1052.5259	y <sub>10</sub>	1598.8285	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
331.6721 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	547.3099	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	727.3272 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1097.5851	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1696.8054	MH
335.6740 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	549.2962 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	743.3759 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1121.5473	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
373.2082	y <sub>3</sub>	561.2773 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	759.3896	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1124.5248	b <sub>10</sub>		
380.1985 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	562.7661 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	760.3138	b <sub>6</sub>	1192.5844	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
380.6605 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	573.2879	y <sub>5</sub>	775.8536 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1195.5619	b <sub>11</sub>		

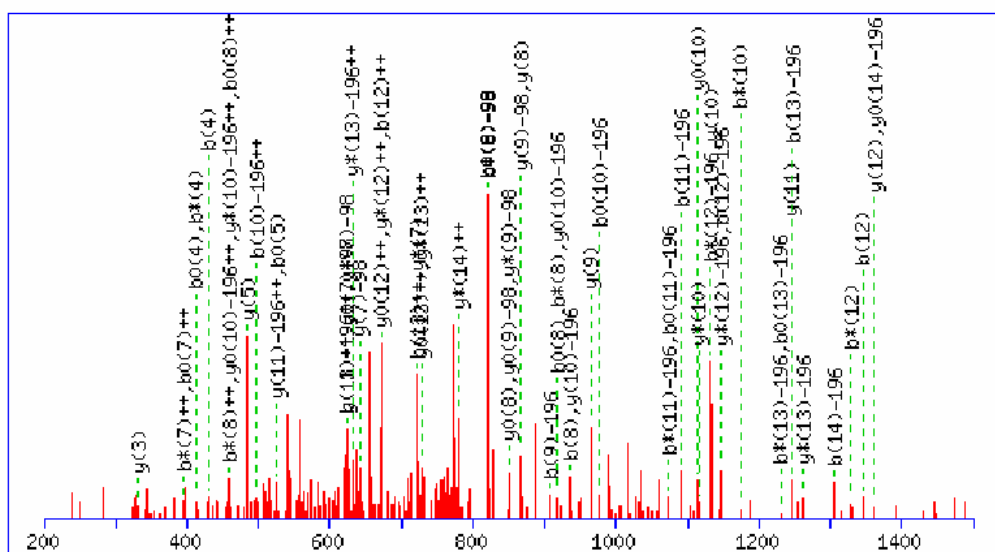
MS/MS Fragmentation of IHRAsDPGLPAEEPKEK  
 Found in IPI00301263, CAD protein



74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	415.7164 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	662.3369	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	857.3665	b <sub>7</sub>	1355.6702	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
126.0788 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	429.1869 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	662.8059 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	871.9446 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1378.6849	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
138.5813 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	457.6976 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	678.3388 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	904.4224 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1449.722	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	464.2427 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	689.8461 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	914.388	b <sub>8</sub>	1452.723	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
202.6288 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	465.2512 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	725.3646 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	920.9331 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1453.6471	b <sub>13</sub>
204.1293 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	478.2885	b <sub>4</sub>	726.8651 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	927.4782	y <sub>8</sub>	1476.6618	y <sub>13</sub>
239.6479 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	501.3031	y <sub>4</sub>	727.3272 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	928.4867 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1547.6989	y <sub>14</sub>
251.1503	b <sub>2</sub>	513.7776 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	738.8345 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	929.4952	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1550.6999	b <sub>14</sub>
251.1552 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	514.2397 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	759.3883	y <sub>6</sub>	977.4751 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1580.818	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
274.1586 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	520.7848 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	759.3896	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1026.5479	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1605.8231	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
276.1554	y <sub>2</sub>	547.3099	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	760.3138	b <sub>6</sub>	1027.4721	b <sub>9</sub>	1678.7949	b <sub>15</sub>
315.6765 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	549.2955 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	774.3531 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1040.5623	y <sub>9</sub>	1703.8	y <sub>15</sub>
323.1471 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	549.2962 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	775.8536 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1097.5837	y <sub>10</sub>	1709.8606	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
331.6721 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	562.7661 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	790.9126 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1097.5851	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1742.882	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
380.1978 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	597.8219 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	803.4152 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1124.5248	b <sub>10</sub>	1807.8375	b <sub>16</sub>
380.1985 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	598.2846 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	816.4111	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1194.6365	y <sub>11</sub>	1840.8589	y <sub>16</sub>
380.6605 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	613.8175 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	830.4254	y <sub>7</sub>	1195.5619	b <sub>11</sub>	1855.9661	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
404.2504	y <sub>3</sub>	630.3457	y <sub>5</sub>	839.9011 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1226.6276	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1953.943	MH
407.2514	b <sub>3</sub>	645.2868	b <sub>5</sub>	852.4036 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1309.6634	y <sub>12</sub>		
408.7092 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	655.3353 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	855.4339 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1324.6045	b <sub>12</sub>		

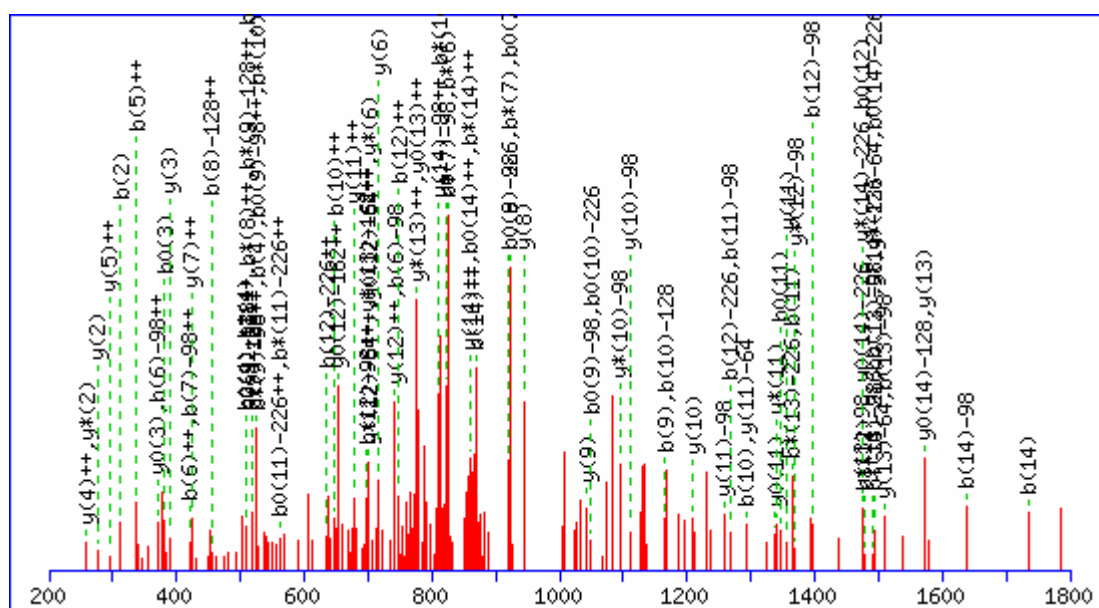


MS/MS Fragmentation of VTNDIsPEsSPGVGR  
 Found in IPI00006213, Pericentriol material 1



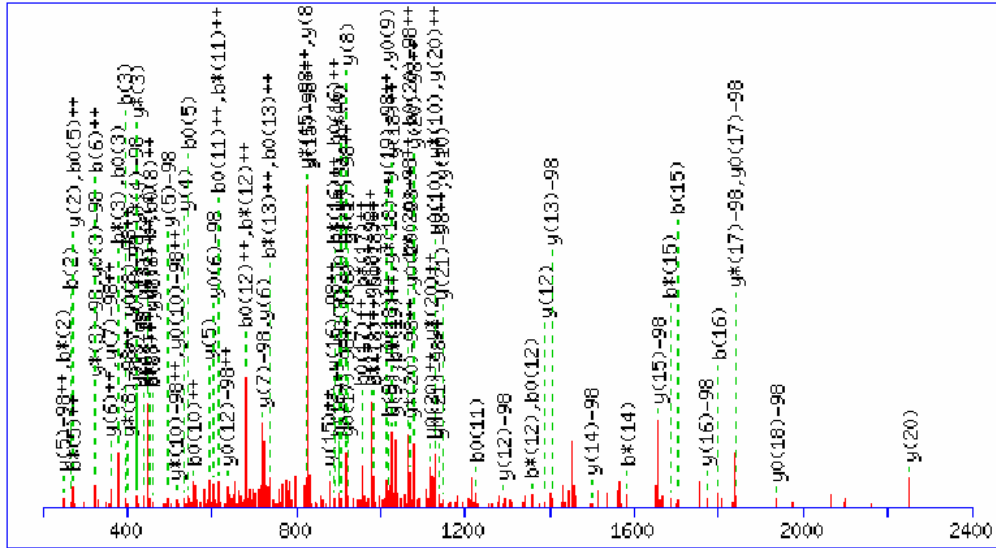
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	468.7303 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	709.3515	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1005.3925	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1304.6117	b <sub>14</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
116.5738 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	483.2080 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	710.2757	b <sub>6</sub>	1034.4303	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1344.4756	b <sub>12</sub>
166.1081 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	485.2831	y <sub>5</sub>	737.7842 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1049.5374	y <sub>11</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1345.5672	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	517.7188 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	739.3134	y <sub>7</sub>	1091.5004	b <sub>11</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1360.5182	y <sub>12</sub>
194.6188 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	525.2724 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	739.3196 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1092.4245	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1376.5842	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
201.1234	b <sub>2</sub>	543.2773	b <sub>5</sub>	770.3791	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1103.3694	b <sub>9</sub>	1379.655	y <sub>14</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
232.1404	y <sub>2</sub>	566.7072 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	788.3080 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1132.4072	y <sub>10</sub>	1402.5886	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
243.1452 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	572.3151	y <sub>6</sub>	788.8538 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1147.5143	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1443.544	b <sub>13</sub>
286.6612 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	574.2608 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	807.3284	b <sub>7</sub>	1148.5218	b <sub>12</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1474.5611	y <sub>13</sub>
315.1663	b <sub>3</sub>	582.7858 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	837.8422 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1164.5644	y <sub>12</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1477.6319	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
321.1719 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	612.2988	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	838.3941	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1189.4773	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1500.5655	b <sub>14</sub>
331.2088	y <sub>3</sub>	623.2493 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	867.4319	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1190.4014	b <sub>10</sub>	1575.6088	y <sub>14</sub>
370.1604 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	631.7743 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	868.356	y <sub>8</sub>	1245.4912	y <sub>11</sub>	1576.7003	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
385.6932 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	639.8073 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	907.4156	b <sub>9</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1246.4987	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1674.6772	MH
388.2303	y <sub>4</sub>	641.3365	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	936.371	b <sub>8</sub>	1247.5903	b <sub>13</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
430.1932	b <sub>4</sub>	680.7627 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	936.4534	y <sub>10</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1262.5413	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
434.2196 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	688.7957 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	965.4088	y <sub>9</sub>	1278.6073	y <sub>13</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
434.6817 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	690.3311 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	994.4476	b <sub>10</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1287.4542	b <sub>11</sub>		

MS/MS Fragmentation of YmSQmsVPEQAELEK  
 Found in IPI00006213, Pericentriol material 1



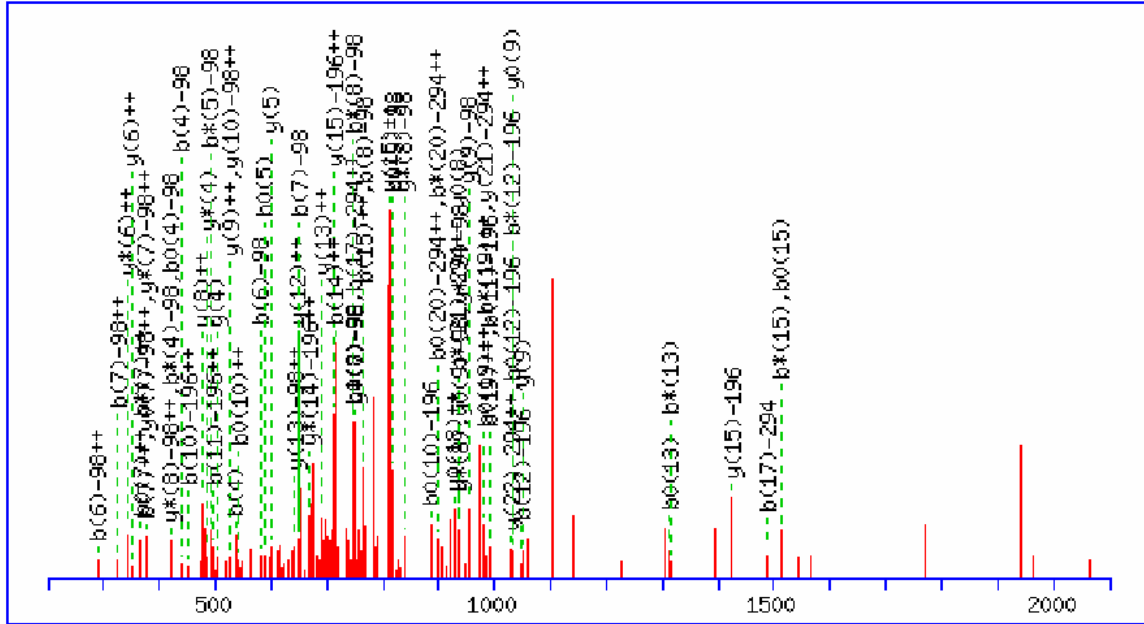
74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	518.2821	y <sub>4</sub>	742.8206 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1042.5415	y <sub>9</sub>	1473.689	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
138.5813 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	521.7744 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	786.3366 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1067.4172	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1484.6339	y <sub>12</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	526.1966	b <sub>4</sub>	810.8658 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1111.563	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1493.5324	b <sub>12</sub>
195.1234 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	556.2851 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	840.2304	b <sub>6</sub>	1165.3941	b <sub>9</sub>	1508.6396	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
259.6447 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	589.3192	y <sub>5</sub>	841.3219	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1195.4758	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1571.6659	y <sub>13</sub>
276.1554	y <sub>2</sub>	605.2736 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	846.4203	y <sub>7</sub>	1209.5399	y <sub>10</sub>	1606.6165	b <sub>13</sub>
295.1632 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	629.8028 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	859.8543 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1258.5984	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1620.7244	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
311.106	b <sub>2</sub>	673.232	b <sub>5</sub>	892.3975 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1266.5129	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1637.6822	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
359.1925 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	678.7913 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	938.3747	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1293.4527	b <sub>10</sub>	1718.7013	y <sub>14</sub>
389.2395	y <sub>3</sub>	693.8321 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	939.2988	b <sub>7</sub>	1356.5753	y <sub>11</sub>	1735.6591	b <sub>14</sub>
398.138	b <sub>3</sub>	717.3777	y <sub>6</sub>	941.3859 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1364.4898	b <sub>11</sub>	1783.7877	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
423.7138 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	737.3481 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	943.4731	y <sub>8</sub>	1386.657	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1881.7646	MH
472.2402 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	742.2535	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1036.3515	b <sub>8</sub>	1395.5555	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

MS/MS Fragmentation of QHEAPSNRPLNELLTPQGPpR  
 Found in IPI00020578, ARAF protein



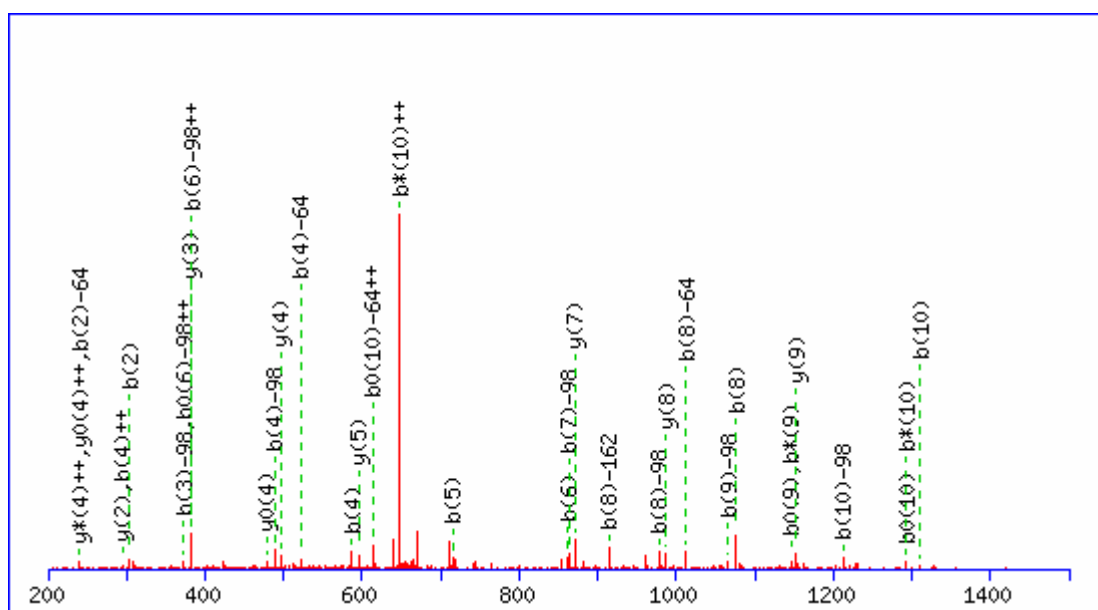
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	460.2053 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	751.3742 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1062.5335 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1700.8715	b <sub>15</sub>
133.5660 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	460.7203 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	764.3322	b <sub>7</sub>	1075.0429 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1754.8949	y <sub>15</sub>
136.5895 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	466.2045	b <sub>4</sub>	799.9005 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1078.0664 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1770.9609	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
171.1002 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	467.7589 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	800.4155 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1123.5693 <sup>+2</sup>	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1797.9242	b <sub>16</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	495.2674	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	818.3556	y <sub>7</sub>	1124.0313 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1857.993	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
198.0873 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	509.2467 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	821.4264	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1127.0548 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1868.9378	y <sub>16</sub>
219.6266 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	516.7473 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	828.9626 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1130.5701	b <sub>10</sub>	1925.9828	b <sub>17</sub>
220.0887 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	524.3009 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	850.9394 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1145.5715	y <sub>10</sub>	1955.0457	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
233.6059 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	536.2228	y <sub>4</sub>	877.9511 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1146.5958 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1955.9699	y <sub>17</sub>
248.1373 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	563.2572	b <sub>5</sub>	885.9841 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1172.5577 <sup>+2</sup>	b <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1983.0043	b <sub>18</sub>
266.1248	b <sub>2</sub>	565.7887 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	899.4657 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1176.6371	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2026.0828	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
268.6151 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	573.2894 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	919.4033	y <sub>8</sub>	1195.5843 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	2053.0226	y <sub>18</sub>
272.1717	y <sub>2</sub>	588.8222 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	920.4333	b <sub>8</sub>	1210.6251 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2080.057	b <sub>19</sub>
282.1323 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	593.2443	y <sub>5</sub>	929.5001 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1244.6131	b <sub>11</sub>	2124.0597	y <sub>19</sub>
297.1258 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	622.8102 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	934.5105	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1259.6136 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	2149.0785	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
312.1666 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	623.326	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	934.9726 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1274.614	y <sub>11</sub>	2155.1254	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
325.6483 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	637.8107 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	963.4950 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1290.6801	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2246.1313	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
341.1932	y <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	645.8437 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	978.0265 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1373.6557	b <sub>12</sub>	2247.0554	b <sub>20</sub>
360.6930 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	650.2893	b <sub>6</sub>	978.4886 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1388.657	y <sub>12</sub>	2253.1023	y <sub>20</sub>
361.1551 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	687.3315 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	992.0058 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1403.7641	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2292.1844	y <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
382.6697 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	694.8321 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1013.5451 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1486.7397	b <sub>13</sub>	2344.1081	b <sub>21</sub>
395.1674	b <sub>3</sub>	702.3857 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1017.4861	b <sub>9</sub>	1500.8169	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2390.1612	y <sub>21</sub>
409.6815 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	720.3787	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1027.0150 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1501.741	y <sub>13</sub>	2420.2429	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
411.2169 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	721.3029	y <sub>6</sub>	1032.4874	y <sub>9</sub>	1598.7938	y <sub>14</sub>	2518.2198	MH
438.2459	y <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	743.8735 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1040.5322 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1599.8238	b <sub>14</sub>		
439.1701	y <sub>3</sub>	750.9121 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1047.5946	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1656.918	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

MS/MS Fragmentation of QPEtAAALAsSGSVVSSVPKAQR  
 Found in IPI00216664, Isoform 6 of CKLF-like MARVEL  
 transmembrane domain-containing protein 1



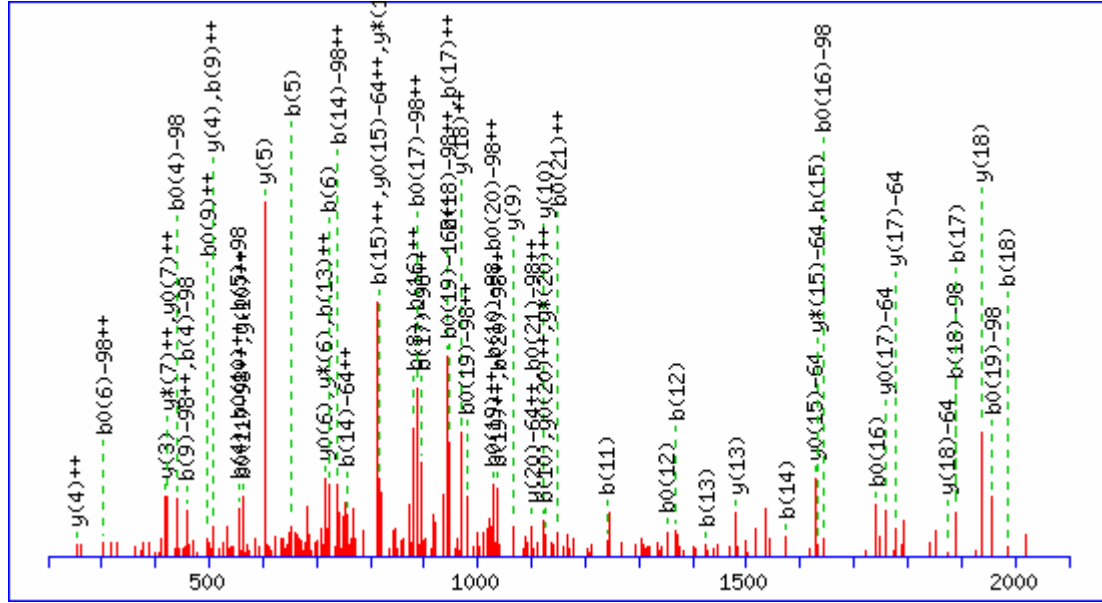
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	698.4308	y <sub>6</sub>	991.4843	b <sub>11</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1241.0448 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1783.8262	b <sub>19</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
152.0924 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	712.3862 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	991.9828 <sup>+2</sup>	b <sub>21</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1244.4596	b <sub>12</sub>	1784.7504	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	725.8561 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1002.4292	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1283.7066	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1803.8402	y <sub>17</sub>
187.6110 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	749.2866	b <sub>7</sub>	1005.4527 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1294.6515	y <sub>12</sub>	1813.9443	b <sub>20</sub> -3H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
226.1186	b <sub>2</sub>	761.3747 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1007.0236 <sup>+2</sup>	b <sub>22</sub> -3H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1331.4916	b <sub>13</sub>	1832.9977	y <sub>20</sub> -3H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
251.6584 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	764.3937	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1014.9794 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1332.5831	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1847.9375	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
300.1848 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	767.4522	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1030.0502 <sup>+2</sup>	y <sub>22</sub> -3H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1333.6747	b <sub>15</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1874.8773	y <sub>18</sub>
303.1775	y <sub>2</sub>	768.9283 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1030.5122 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1352.7281	y <sub>14</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1881.8031	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
349.7190 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	774.8446 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1040.9712 <sup>+2</sup>	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1381.6835	y <sub>13</sub>	1882.7272	b <sub>18</sub>
355.1612	b <sub>3</sub>	804.4468 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1048.5058	b <sub>12</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1420.7067	b <sub>16</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1884.9814	b <sub>21</sub> -3H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
374.2146	y <sub>3</sub>	810.3631 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1051.5296	y <sub>9</sub>	1423.7652	y <sub>15</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1911.9212	b <sub>20</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
384.2298 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	817.9167 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1052.6211	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1430.56	b <sub>14</sub>	1930.9746	y <sub>20</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
427.7458 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	835.4308	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1054.4411 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1431.6516	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1945.9144	y <sub>19</sub>
433.2182 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	839.9654 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1056.0121 <sup>+2</sup>	b <sub>22</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1450.705	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1962.0403	y <sub>21</sub> -3H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
438.1983	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	853.4353 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1063.9678 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1489.7281	b <sub>17</sub> -3H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1979.78	b <sub>19</sub>
476.7342 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	854.4843	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1079.0386 <sup>+2</sup>	y <sub>22</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1518.6836	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1982.9583	b <sub>21</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
477.2800 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	862.3706	b <sub>8</sub>	1079.5007 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1521.7421	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2009.8981	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
502.3096	y <sub>4</sub>	865.4291	y <sub>7</sub>	1089.4612	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1529.6284	b <sub>15</sub>	2013.04	b <sub>22</sub> -3H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
509.2354	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	866.9052 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1089.9597 <sup>+2</sup>	b <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1536.8493	y <sub>16</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2028.9515	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
526.2684 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	875.4839 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1100.4061	b <sub>10</sub>	1548.6819	y <sub>14</sub>	2059.0931	y <sub>22</sub> -3H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
526.8142 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	888.9538 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1105.0005 <sup>+2</sup>	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1587.705	b <sub>17</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2060.0172	y <sub>21</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
536.1752	b <sub>4</sub>	902.4237 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1128.0271 <sup>+2</sup>	y <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1588.7966	b <sub>18</sub> -3H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2080.9352	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
570.3302 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	904.4523	b <sub>10</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1128.4891 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1607.8864	y <sub>17</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2107.875	b <sub>20</sub>
575.8026 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	907.4758 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> -3H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1135.5378	b <sub>13</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1616.6605	b <sub>16</sub>	2111.0169	b <sub>22</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
580.2726	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	917.0025 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> -3H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1139.6531	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1619.719	y <sub>15</sub>	2126.9284	y <sub>20</sub>
598.8409 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	924.4724 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1146.4827	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1634.8262	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2157.07	y <sub>22</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
599.3624	y <sub>5</sub>	933.4077	b <sub>9</sub>	1150.598	y <sub>10</sub>	1678.9235	y <sub>18</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2157.9941	y <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
607.2123	b <sub>5</sub>	937.9423 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1153.9890 <sup>+2</sup>	b <sub>22</sub> <sup>+2</sup>	1685.6819	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2178.9121	b <sub>21</sub>
619.3187 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	942.9943 <sup>+2</sup>	b <sub>21</sub> -3H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1177.0155 <sup>+2</sup>	y <sub>22</sub> <sup>+2</sup>	1685.8493	b <sub>19</sub> -3H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2208.9938	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
642.3570 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	952.4612	y <sub>8</sub>	1187.4381	b <sub>11</sub>	1686.7735	b <sub>18</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2255.0469	y <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
647.8294 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	953.5527	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1192.0564 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1705.8633	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2255.971	y <sub>21</sub>
651.3097	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	956.4642 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1196.6746	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1732.8031	y <sub>16</sub>	2306.9707	b <sub>22</sub>
676.8677 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	965.9909 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1233.5147	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1749.9606	y <sub>19</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2353.0238	y <sub>22</sub>
678.2494	b <sub>6</sub>	973.4608 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1234.6062	b <sub>14</sub> -2H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1776.9004	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2383.1054	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
691.3454 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	981.5238 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> -3H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1237.63	y <sub>11</sub>	1783.6588	b <sub>17</sub>	2481.0823	MH

MS/MS Fragmentation of RmsDEFVDSFK  
 Found in IPI00024291, Bcl2 antagonist of cell death



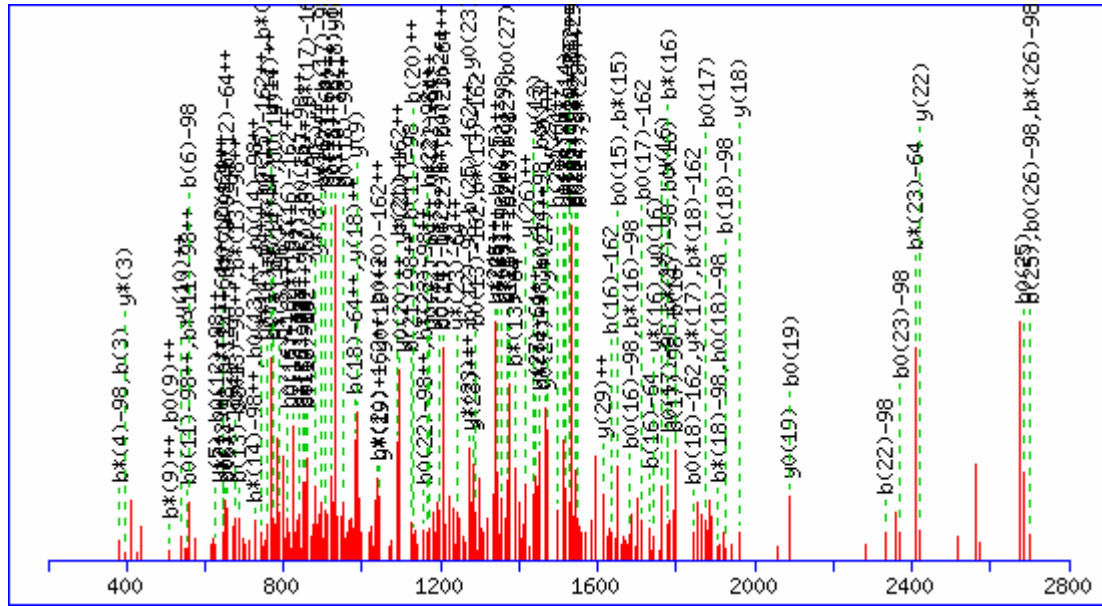
74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	309.1210 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	493.7269 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	655.7416 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	1065.4306	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	358.1095 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	496.2402	y <sub>4</sub>	679.8059 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1076.3755	b <sub>8</sub>
147.5942 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	371.6921 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	528.2376 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	715.2117	b <sub>5</sub>	1153.4449	y <sub>9</sub>
152.5755 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	373.1653	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	533.2189 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	728.7943 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1163.4075	b <sub>9</sub>
187.0863 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	381.2132	y <sub>3</sub>	538.6914 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	742.377	y <sub>6</sub>	1202.5034	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
191.1103 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	382.6552 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	577.2261 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	764.3032	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1212.499	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
236.0747 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	431.6437 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	582.2074 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	862.2801	b <sub>6</sub>	1300.4803	y <sub>10</sub>
244.5997 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	432.1894 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	586.1691	b <sub>4</sub>	863.3716	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1310.4759	b <sub>10</sub>
248.6237 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	436.2134 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	595.3086	y <sub>5</sub>	871.4196	y <sub>7</sub>	1358.6045	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
293.5882 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	471.1421	b <sub>3</sub>	601.7553 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	961.3485	b <sub>7</sub>	1456.5814	MH
294.1812	y <sub>2</sub>	481.1779 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	606.7531 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	978.3986	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
298.1579 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	488.1922	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	617.2348	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	986.4466	y <sub>8</sub>		
304.1438	b <sub>2</sub>	489.7029 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	650.7438 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	1055.468	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		

MS/MS Fragmentation of HSsYPAGTEDDEGmGEEPSFR  
 Found in IPI00024291, Bcl2 antagonist of cell death



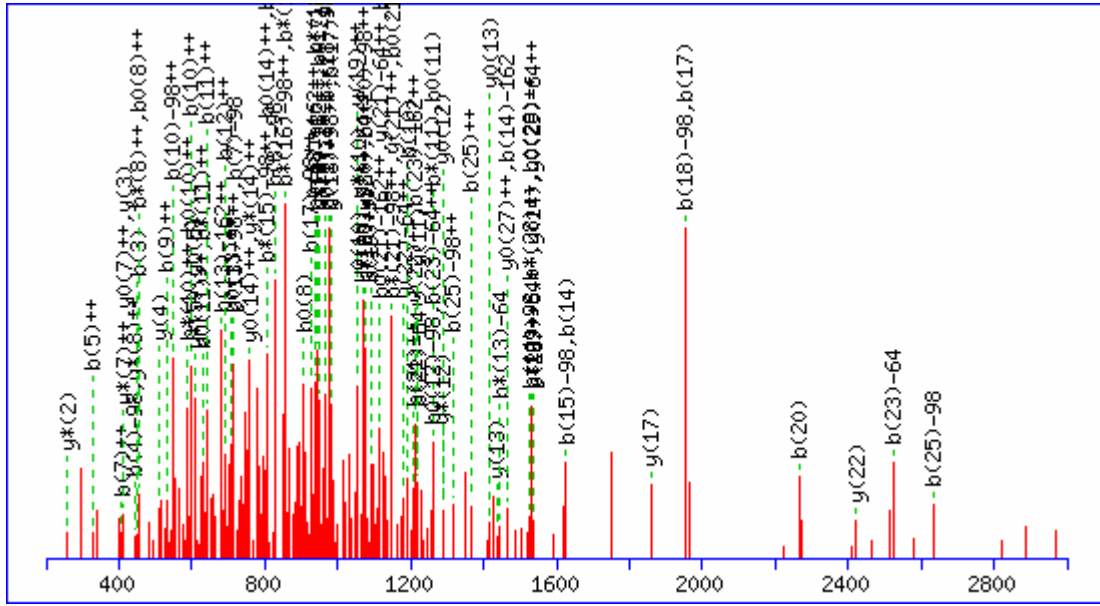
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	456.6959 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	741.2961 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1050.4286 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1630.5363	b <sub>15</sub>
113.0527 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	457.183	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	766.7834 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1065.467	y <sub>9</sub>	1661.602	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
147.5635 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	459.7194 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	780.2712	b <sub>7</sub>	1084.9393 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1711.6752	y <sub>15</sub>
161.5973 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	505.6844 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	783.342	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1085.3832 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1759.5789	b <sub>16</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	506.2722	y <sub>4</sub>	787.2611 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1109.9289 <sup>+2</sup>	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1768.6966	y <sub>16</sub>
196.5519 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	514.2094 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	805.8174 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1122.4884	y <sub>10</sub>	1790.6446	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
210.1237 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	533.2371 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	815.7718 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1125.3885	b <sub>10</sub>	1839.7338	y <sub>17</sub>
225.0982	b <sub>2</sub>	554.2358	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	831.3046 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1128.4553 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1887.6974	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
229.0951 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	555.1599	b <sub>4</sub>	856.3412 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1133.9277 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1888.6215	b <sub>17</sub>
253.6397 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	561.7479 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	861.4101	y <sub>7</sub>	1142.4385	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1936.7865	y <sub>18</sub>
277.6215 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	563.1979 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	880.2931 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1158.9174 <sup>+2</sup>	b <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1974.7294	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
278.0836 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	571.7229 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	881.3189	b <sub>8</sub>	1177.4438 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1985.6743	b <sub>18</sub>
294.1197	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	603.3249	y <sub>5</sub>	884.8520 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1196.9848 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2071.7822	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
302.1661 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	620.7113 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	895.8259 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1240.4154	b <sub>11</sub>	2072.7063	b <sub>19</sub>
313.1401 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	625.2729	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	912.3846	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1245.9732 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	2099.8499	y <sub>19</sub>
322.1874	y <sub>2</sub>	626.2692 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	918.4316	y <sub>8</sub>	1251.531	y <sub>11</sub>	2168.8713	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
326.6100 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	636.2442 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	920.3705 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1271.4811	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2169.7591	b <sub>20</sub>
341.6508 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	652.2127	b <sub>5</sub>	944.3523 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1328.5026	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2218.8506	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
362.1285 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	664.7549 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	944.8144 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1366.558	y <sub>12</sub>	2255.9033	y <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
366.6874 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	682.2944	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	968.8969 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1369.458	b <sub>12</sub>	2266.8482	y <sub>20</sub>
390.6393 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	683.7826 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	987.8683 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1426.4795	b <sub>13</sub>	2316.8275	b <sub>21</sub>
392.0966	b <sub>3</sub>	685.2326 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	993.3408 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1475.538	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2353.8802	y <sub>21</sub>
392.1747 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	713.7434 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1010.3615	b <sub>9</sub>	1481.5849	y <sub>13</sub>	2392.9623	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
419.2401	y <sub>3</sub>	723.2498	b <sub>6</sub>	1027.4116	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1532.5594	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2490.9392	MH
431.2087 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	732.3675	y <sub>6</sub>	1036.3947 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1573.5149	b <sub>14</sub>		
441.1631 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	738.2726 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1036.8568 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1610.6275	y <sub>14</sub>		

MS/MS Fragmentation of TNsDSALHQSTmTPTQPESFSSGSQDVHQK  
 Found in IPI00303383, Isoform 3 of CREB-regulated transcription coactivator 1



74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	653.8047 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1053.9735 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1435.6448	y <sub>13</sub>	2207.9874	y <sub>20</sub>
138.0893 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	656.1923	b <sub>6</sub>	1055.4252 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1459.0951 <sup>+2</sup>	b <sub>27</sub> <sup>+2</sup>	2245.9666	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	671.2995	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1072.5018	y <sub>10</sub>	1469.6325	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2256.9115	b <sub>20</sub>
206.6188 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	685.2581 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1079.9709 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1470.5567	b <sub>13</sub>	2295.0194	y <sub>21</sub>
216.0979	b <sub>2</sub>	686.7935 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1104.4973 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1473.6621 <sup>+2</sup>	y <sub>27</sub> <sup>+2</sup>	2332.9986	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
256.1530 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	718.3260 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1121.4259	b <sub>10</sub>	1478.6361 <sup>+2</sup>	b <sub>28</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2343.9435	b <sub>21</sub>
275.1714	y <sub>2</sub>	735.3199 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1123.4869 <sup>+2</sup>	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1508.1729 <sup>+2</sup>	y <sub>28</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2390.0201	b <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
285.1193	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	735.7820 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1124.4967	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1527.6246 <sup>+2</sup>	b <sub>28</sub> <sup>+2</sup>	2423.078	y <sub>22</sub>
313.6665 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	754.3842	y <sub>6</sub>	1128.9594 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1532.6976	y <sub>14</sub>	2430.9755	b <sub>22</sub>
377.6958 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	766.8524 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1148.0133 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1542.6654 <sup>+2</sup>	b <sub>29</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2477.0521	b <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
383.0962	b <sub>3</sub>	769.2764	b <sub>7</sub>	1167.0030 <sup>+2</sup>	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1557.1613 <sup>+2</sup>	y <sub>28</sub> <sup>+2</sup>	2487.997	b <sub>23</sub>
400.1463	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	784.3084 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1172.4754 <sup>+2</sup>	b <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1565.1943 <sup>+2</sup>	y <sub>29</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2560.1369	y <sub>23</sub>
404.6828 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	785.8437 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1195.5137 <sup>+2</sup>	b <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1567.6094	b <sub>14</sub>	2575.029	b <sub>24</sub>
412.2303	y <sub>3</sub>	808.3584	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1212.0426 <sup>+2</sup>	y <sub>22</sub> <sup>+2</sup>	1570.6802	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2605.1107	b <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
421.2118 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	830.8817 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1215.9914 <sup>+2</sup>	b <sub>22</sub> <sup>+2</sup>	1591.6539 <sup>+2</sup>	b <sub>29</sub> <sup>+2</sup>	2673.2209	y <sub>24</sub>
449.7225 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	834.8322 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1219.5702	y <sub>11</sub>	1614.1828 <sup>+2</sup>	y <sub>29</sub> <sup>+2</sup>	2703.0876	b <sub>25</sub>
453.6713 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	841.4163	y <sub>7</sub>	1222.4736	b <sub>11</sub>	1615.7182 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2720.1377	b <sub>26</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
468.7121 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	849.8730 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1239.0297 <sup>+2</sup>	b <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1660.7562	y <sub>15</sub>	2744.258	y <sub>25</sub>
487.1783	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	881.4056 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1244.5021 <sup>+2</sup>	b <sub>23</sub> <sup>+2</sup>	1664.7066 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	2818.1146	b <sub>26</sub>
493.2385 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	898.3994 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1271.5321	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1668.6571	b <sub>15</sub>	2819.2061	b <sub>27</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
498.1232	b <sub>4</sub>	898.4377	y <sub>8</sub>	1280.5721 <sup>+2</sup>	y <sub>23</sub> <sup>+2</sup>	1698.7388	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2831.2901	y <sub>26</sub>
511.2987	y <sub>4</sub>	898.8615 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1288.0182 <sup>+2</sup>	b <sub>24</sub> <sup>+2</sup>	1761.8038	y <sub>16</sub>	2917.183	b <sub>27</sub>
512.2281 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	906.3353	b <sub>8</sub>	1303.0590 <sup>+2</sup>	b <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1795.7916	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2946.317	y <sub>27</sub>
517.7006 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	929.9319 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1306.6022	y <sub>12</sub>	1796.7157	b <sub>16</sub>	2956.265	b <sub>28</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
536.7545 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	936.417	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1337.1141 <sup>+2</sup>	y <sub>24</sub> <sup>+2</sup>	1858.8566	y <sub>17</sub>	3015.3385	y <sub>28</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
558.2154	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	947.3879 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1352.0474 <sup>+2</sup>	b <sub>25</sub> <sup>+2</sup>	1893.7684	b <sub>17</sub>	3054.2419	b <sub>28</sub>
561.2166 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	962.9207 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1360.5725 <sup>+2</sup>	b <sub>26</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1924.8341	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	3084.3236	b <sub>29</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
562.7520 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	980.4558 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1369.509	b <sub>12</sub>	1959.9043	y <sub>18</sub>	3113.3154	y <sub>28</sub>
585.1552	b <sub>5</sub>	985.4697	y <sub>9</sub>	1372.5798	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2011.8662	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	3129.3814	y <sub>29</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
610.2887 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	1006.4367 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1372.6327 <sup>+2</sup>	y <sub>25</sub> <sup>+2</sup>	2022.811	b <sub>18</sub>	3182.3005	b <sub>29</sub>
611.7404 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	1011.9092 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1409.5609 <sup>+2</sup>	b <sub>26</sub> <sup>+2</sup>	2106.9397	y <sub>19</sub>	3227.3583	y <sub>29</sub>
626.3257	y <sub>5</sub>	1023.449	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1410.1067 <sup>+2</sup>	b <sub>27</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2109.8431	b <sub>19</sub>	3230.4291	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
636.2697 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1034.3939	b <sub>9</sub>	1416.1487 <sup>+2</sup>	y <sub>26</sub> <sup>+2</sup>	2158.9346	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	3328.406	MH

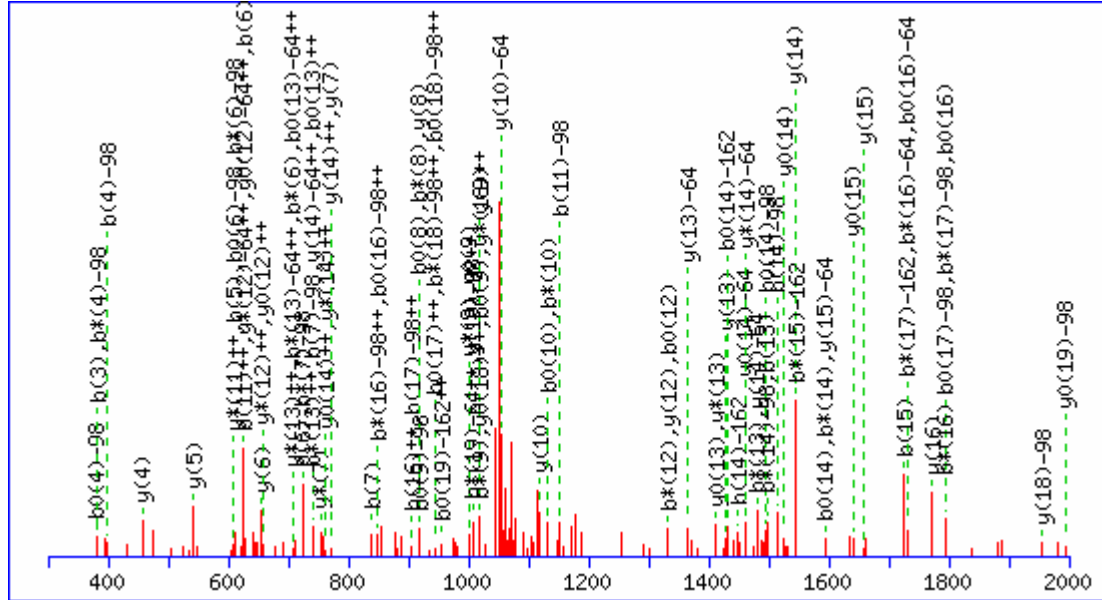
MS/MS Fragmentation of RtNSDSALHQSTmTPTQPESFSSGSQDVHQQ  
 Found in IPI00303383, Isoform 3 of CREB-regulated transcription coactivator 1



74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	556.2474	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	985.4697	y <sub>9</sub>	1435.6448	y <sub>13</sub>	2265.9442	b <sub>20</sub>
120.5764 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	590.2787 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1025.4384 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1438.6230 <sup>+2</sup>	b <sub>27</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2295.0194	y <sub>21</sub>
138.0893 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	595.7511 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	1040.9713 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1473.6621 <sup>+2</sup>	y <sub>27</sub> <sup>+2</sup>	2315.0357	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	610.2887 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	1053.9735 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1487.6115 <sup>+2</sup>	b <sub>27</sub> <sup>+2</sup>	2402.0677	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
169.5648 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	626.3257	y <sub>5</sub>	1062.4364	b <sub>9</sub>	1488.1572 <sup>+2</sup>	b <sub>28</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2413.0126	b <sub>21</sub>
177.5979 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	639.2671 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	1072.5018	y <sub>10</sub>	1517.1782 <sup>+2</sup>	y <sub>28</sub> <sup>+2</sup>	2423.078	y <sub>22</sub>
206.6188 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	640.8025 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1084.4873 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1525.6101	b <sub>13</sub>	2489.0998	b <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
221.1139 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	643.2794	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1089.9597 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1528.6809	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2500.0446	b <sub>22</sub>
226.5863 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	653.8047 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1092.5181	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1532.6976	y <sub>14</sub>	2546.1212	b <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
240.1455	b <sub>2</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	654.2243	b <sub>5</sub>	1104.4973 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1537.1457 <sup>+2</sup>	b <sub>28</sub> <sup>+2</sup>	2560.1369	y <sub>23</sub>
256.1530 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	689.7910 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1133.4757 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1556.6867 <sup>+2</sup>	b <sub>29</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2587.0767	b <sub>23</sub>
270.1023 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	714.3165	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1148.0133 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1574.1996 <sup>+2</sup>	y <sub>29</sub> <sup>+2</sup>	2633.1532	b <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
275.1714	y <sub>2</sub>	714.3202 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1158.0215 <sup>+2</sup>	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1605.6751 <sup>+2</sup>	b <sub>29</sub> <sup>+2</sup>	2644.0981	b <sub>24</sub>
278.6273 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	718.3260 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1179.5501	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1615.7182 <sup>+2</sup>	y <sub>30</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2673.2209	y <sub>24</sub>
313.6665 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	741.2563	b <sub>6</sub>	1190.495	b <sub>10</sub>	1620.7160 <sup>+2</sup>	b <sub>30</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2731.1301	b <sub>25</sub>
322.1434 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	754.3842	y <sub>6</sub>	1201.5375 <sup>+2</sup>	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1625.7336	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2744.258	y <sub>25</sub>
327.6158 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	763.3087 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1207.0099 <sup>+2</sup>	b <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1626.6578	b <sub>14</sub>	2761.2118	b <sub>26</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
338.1224	b <sub>2</sub>	764.8441 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1212.0426 <sup>+2</sup>	y <sub>22</sub> <sup>+2</sup>	1660.7562	y <sub>15</sub>	2831.2901	y <sub>26</sub>
354.1884	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	766.8524 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1219.5702	y <sub>11</sub>	1664.7066 <sup>+2</sup>	y <sub>30</sub> <sup>+2</sup>	2859.1887	b <sub>26</sub>
357.6619 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	812.2934	b <sub>7</sub>	1245.0535 <sup>+2</sup>	b <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1669.7044 <sup>+2</sup>	b <sub>30</sub> <sup>+2</sup>	2876.2388	b <sub>27</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
371.1318 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	813.3705 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1250.5259 <sup>+2</sup>	b <sub>22</sub> <sup>+2</sup>	1693.7687 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2946.317	y <sub>27</sub>
377.6958 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	813.8325 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1273.5642 <sup>+2</sup>	b <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1723.7105	b <sub>15</sub>	2974.2157	b <sub>27</sub>
406.6504 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	827.4006	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1277.527	b <sub>11</sub>	1726.7813	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2975.3072	b <sub>28</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
412.2303	y <sub>3</sub>	830.8817 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1280.5721 <sup>+2</sup>	y <sub>23</sub> <sup>+2</sup>	1742.7572 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	3033.349	y <sub>28</sub>
414.2039 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	841.4163	y <sub>7</sub>	1280.5978	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1761.8038	y <sub>16</sub>	3073.2841	b <sub>28</sub>
421.2118 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	862.3589 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1294.0420 <sup>+2</sup>	b <sub>23</sub> <sup>+2</sup>	1824.7582	b <sub>16</sub>	3112.3661	b <sub>29</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
441.2205	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	863.8943 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1306.6022	y <sub>12</sub>	1854.8399	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	3147.392	y <sub>29</sub>
449.7225 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	881.4056 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1317.0803 <sup>+2</sup>	b <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1858.8566	y <sub>17</sub>	3210.343	b <sub>29</sub>
452.1653	b <sub>3</sub>	898.4377	y <sub>8</sub>	1322.5527 <sup>+2</sup>	b <sub>24</sub> <sup>+2</sup>	1951.8927	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	3230.4291	y <sub>30</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
463.1924 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	912.8827 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1337.1141 <sup>+2</sup>	y <sub>24</sub> <sup>+2</sup>	1952.8168	b <sub>17</sub>	3240.4247	b <sub>30</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
482.7334 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	925.3775	b <sub>8</sub>	1366.0687 <sup>+2</sup>	b <sub>25</sub> <sup>+2</sup>	1959.9043	y <sub>18</sub>	3328.406	y <sub>30</sub>
493.2385 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	927.9236 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1372.6327 <sup>+2</sup>	y <sub>25</sub> <sup>+2</sup>	2049.8696	b <sub>18</sub>	3338.4016	b <sub>30</sub>
511.2987	y <sub>4</sub>	929.9319 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1378.5747	b <sub>12</sub>	2080.9353	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	3386.5302	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
531.7218 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	964.4595	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1381.1096 <sup>+2</sup>	b <sub>26</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2106.9397	y <sub>19</sub>	3484.5071	MH
536.7545 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	976.4500 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1416.1487 <sup>+2</sup>	y <sub>26</sub> <sup>+2</sup>	2167.9673	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
539.1974	b <sub>4</sub>	976.9120 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1427.6332	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2178.9122	b <sub>19</sub>		
546.7627 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	980.4558 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1430.0980 <sup>+2</sup>	b <sub>26</sub> <sup>+2</sup>	2207.9874	y <sub>20</sub>		

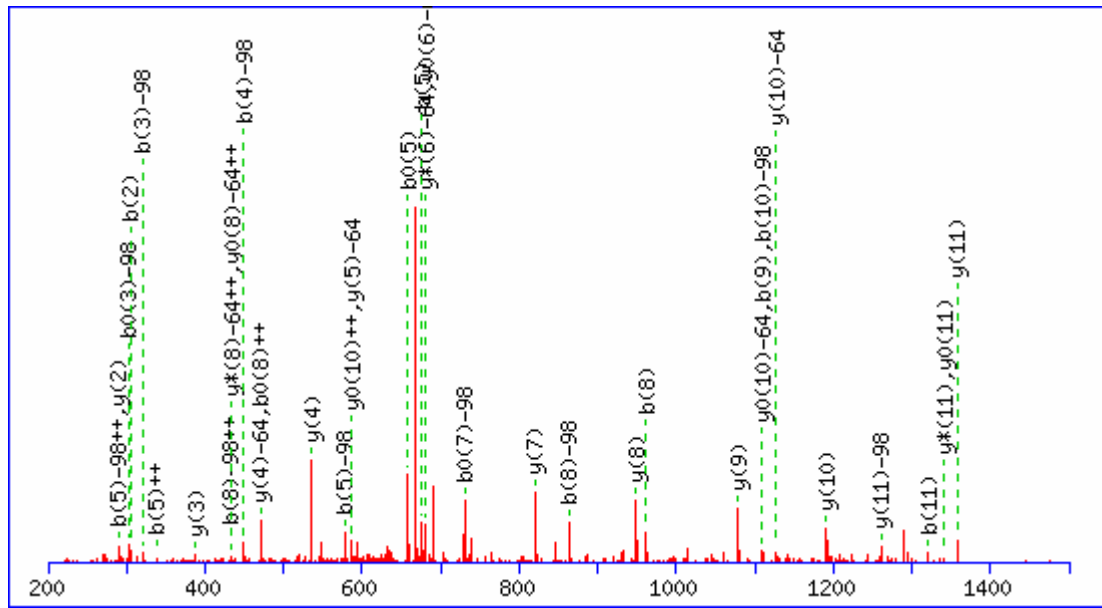


MS/MS Fragmentation of RGsDIDNPTLTVmDISPPSR  
 Found in IPI00513803, Mitogen-activated protein kinase kinase 2



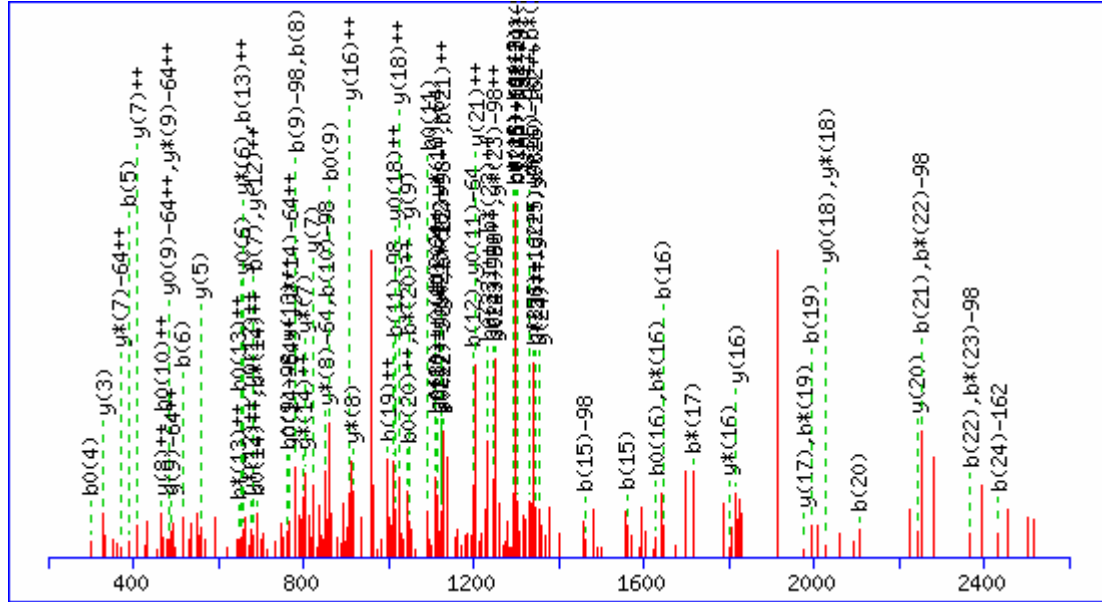
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	419.1961 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	715.3714 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	997.9780 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1611.672	b <sub>14</sub>
107.5686 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	419.6582 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	724.2662	b <sub>6</sub>	1003.4505 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1626.7792	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
131.5791 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	456.2565	y <sub>4</sub>	740.3322	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1006.9833 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1658.8054	y <sub>15</sub>
142.0793 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	459.7211 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	748.8262 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1017.5034	y <sub>9</sub>	1713.8112	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	468.1846 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	757.3512 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1027.4610 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1724.7561	b <sub>15</sub>
180.1055 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	469.7200 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	771.3995	y <sub>7</sub>	1036.4095	b <sub>9</sub>	1771.8895	y <sub>16</sub>
191.0677 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	496.1552	b <sub>4</sub>	772.3929 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1046.9665 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1810.864	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
199.5928 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	509.2553 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	806.3397 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1051.5167	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1811.7881	b <sub>16</sub>
214.1299	b <sub>2</sub>	511.2623	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	813.8932 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1055.9718 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1886.9164	y <sub>17</sub>
228.6319 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	518.7084 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	829.9063 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1085.0339 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1907.9168	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
248.5812 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	526.2620 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	837.385	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1118.551	y <sub>10</sub>	1908.8409	b <sub>17</sub>
256.1348 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	543.2885	y <sub>5</sub>	838.3091	b <sub>7</sub>	1134.0223 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1955.9379	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
262.151	y <sub>2</sub>	559.7792 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	857.4093 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1149.4936	b <sub>10</sub>	1994.9488	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
272.1479 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	575.2504 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	862.8817 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1152.5644	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2005.8936	b <sub>18</sub>
283.1513	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	576.7858 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	886.4484 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1231.6351	y <sub>11</sub>	2012.9593	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
305.1232 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	609.2392	b <sub>5</sub>	905.9356 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1250.5413	b <sub>11</sub>	2053.9148	y <sub>18</sub>
313.6483 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	616.3212 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	906.3977 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1251.6328	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2092.9257	b <sub>19</sub>
328.6899 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	625.7743 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	918.4349	y <sub>8</sub>	1332.6828	y <sub>12</sub>	2110.9362	y <sub>19</sub>
359.2037	y <sub>3</sub>	626.2893	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	935.3619	b <sub>8</sub>	1349.6097	b <sub>12</sub>	2169.0605	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
362.6367 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	626.3200 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	938.4326	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1398.6682	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2267.0374	MH
370.6697 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	656.3726	y <sub>6</sub>	943.9618 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1429.7355	y <sub>13</sub>		
381.1282	b <sub>3</sub>	666.8450 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	954.4620 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1496.6451	b <sub>13</sub>		
386.2034 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	675.3085 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	954.9241 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1513.6951	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
398.1783	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	699.8377 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	978.4726 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1543.7785	y <sub>14</sub>		

MS/MS Fragmentation of HsLEEGLDmVNR  
 Found in IPI00749302, Hypothetical protein DKFzP686L20116



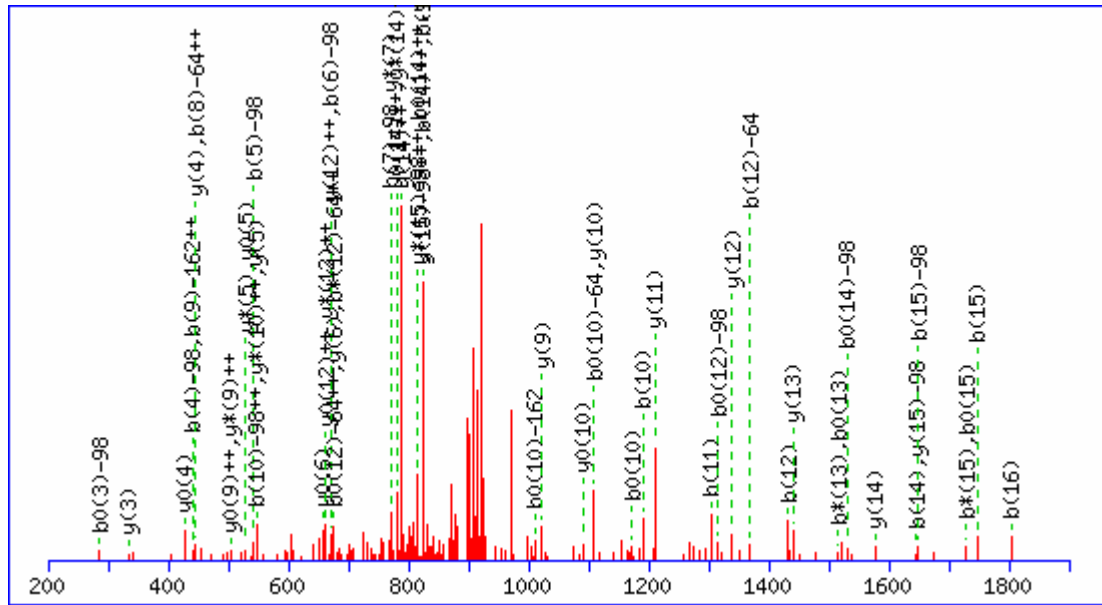
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	305.0645	b <sub>2</sub>	475.2240 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	650.2926	y <sub>5</sub>	1010.4248	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
104.0475 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	318.1428 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	481.1868 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	661.2601 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	1078.4833	y <sub>9</sub>
145.0846 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	320.1717	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	505.7160 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	676.2338	b <sub>5</sub>	1108.4017	b <sub>9</sub>
153.0359 <sup>+2</sup>	b <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	325.6500 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	535.2657	y <sub>4</sub>	679.7865 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	1109.4932	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
160.5895 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	338.6205 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	539.7453 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	699.3275 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1191.5674	y <sub>10</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	367.1313 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	547.1912	b <sub>4</sub>	733.2553	b <sub>6</sub>	1207.4701	b <sub>10</sub>
194.6188 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	374.6849 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	554.7045 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	748.3160 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1223.5361	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
207.0877	b <sub>2</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	382.1920 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	555.2502 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	748.3624	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1260.5889	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
209.5779 <sup>+2</sup>	b <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	388.2303	y <sub>3</sub>	578.2569	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	763.3767	y <sub>6</sub>	1321.513	b <sub>11</sub>
225.1108 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	410.7027 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	596.2873 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	820.3982	y <sub>7</sub>	1358.5658	y <sub>11</sub>
268.1365 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	418.1486	b <sub>3</sub>	604.2387 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	846.3393	b <sub>7</sub>	1397.6478	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
274.0992 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	423.6733 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	612.2717 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	863.3894	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1495.6247	MH
289.1619	y <sub>2</sub>	432.1983 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	630.7981 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	949.4408	y <sub>8</sub>		
289.6321 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	449.2143	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	635.2784	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	961.3663	b <sub>8</sub>		

MS/MS Fragmentation of GSATAEsPVACSNCSFILmDDLSPK  
 Found in IPI00749302, Hypothetical protein DKFZp686L20116



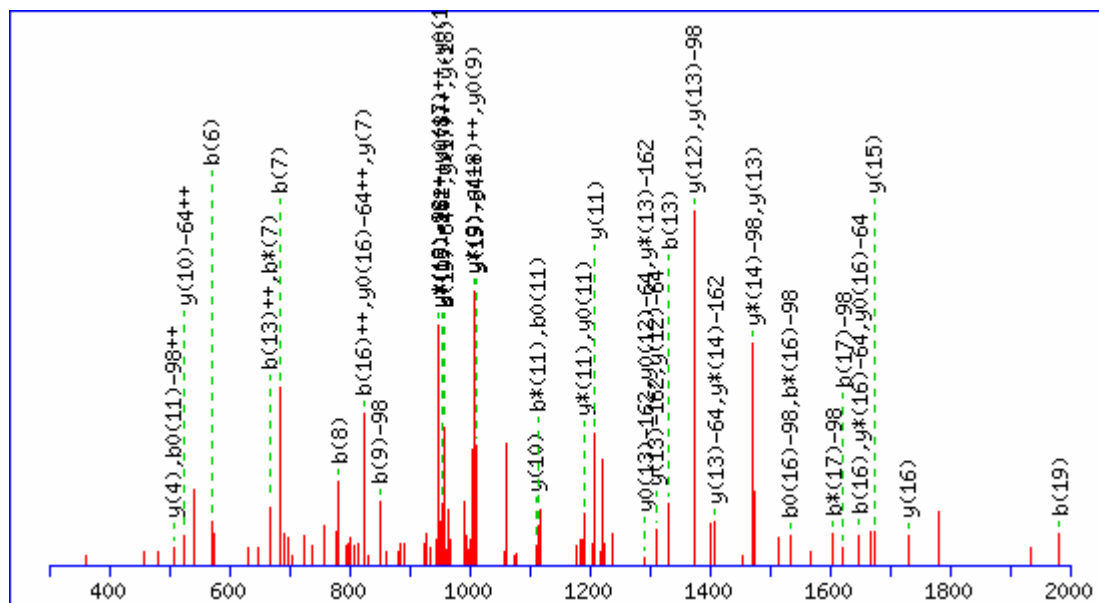
74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	683.2995	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1141.4231	b <sub>12</sub>	1445.5073	b <sub>15</sub>	2271.9203	b <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
122.5864 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	684.2236	b <sub>7</sub>	1148.9804 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1471.6807	y <sub>13</sub>	2296.9535	y <sub>21</sub>
145.0608	b <sub>2</sub>	684.8394 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1157.4892	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1521.5944	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2328.0192	y <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	736.3440 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1164.5133 <sup>+2</sup>	y <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1532.5393	b <sub>16</sub>	2369.8972	b <sub>23</sub>
166.1024 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	779.8600 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1194.6075	y <sub>10</sub>	1558.7128	y <sub>14</sub>	2385.0043	b <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
216.0979	b <sub>3</sub>	781.2764	b <sub>8</sub>	1200.0318 <sup>+2</sup>	y <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1619.5713	b <sub>17</sub>	2399.0564	y <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
222.6445 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	782.3679	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1213.5017 <sup>+2</sup>	y <sub>22</sub> <sup>+2</sup>	1668.6628	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2425.9961	y <sub>22</sub>
244.1656	y <sub>2</sub>	821.3709	y <sub>7</sub>	1244.5212	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1672.7557	y <sub>15</sub>	2472.0364	b <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
280.1579 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	836.8815 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1249.0203 <sup>+2</sup>	y <sub>23</sub> <sup>+2</sup>	1759.7877	y <sub>16</sub>	2482.9812	b <sub>24</sub>
317.1456	b <sub>4</sub>	853.405	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1250.5557 <sup>+2</sup>	y <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1766.6397	b <sub>18</sub>	2497.0333	y <sub>23</sub>
331.1976	y <sub>3</sub>	880.3448	b <sub>9</sub>	1255.4661	b <sub>13</sub>	1781.7469	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2500.104	y <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
337.6714 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	880.3975 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1281.6395	y <sub>11</sub>	1862.7969	y <sub>17</sub>	2569.0891	b <sub>26</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
388.1827	b <sub>5</sub>	931.9021 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1286.0742 <sup>+2</sup>	y <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1879.7238	b <sub>19</sub>	2570.0132	b <sub>25</sub>
411.1891 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	934.455	y <sub>8</sub>	1299.5441 <sup>+2</sup>	y <sub>24</sub> <sup>+2</sup>	1894.831	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2571.1412	y <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
444.2817	y <sub>4</sub>	951.3819	b <sub>10</sub>	1329.5902 <sup>+2</sup>	y <sub>26</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1933.834	y <sub>18</sub>	2598.0809	y <sub>24</sub>
467.7311 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	956.4142	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1335.0627 <sup>+2</sup>	y <sub>25</sub> <sup>+2</sup>	1992.8079	b <sub>20</sub>	2658.1732	y <sub>26</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
517.2253	b <sub>6</sub>	967.4206 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1342.4981	b <sub>14</sub>	2032.9024	y <sub>19</sub>	2667.066	b <sub>26</sub>
524.2732 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	1016.9549 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1347.5304	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2041.8664	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2669.118	y <sub>25</sub>
559.3086	y <sub>5</sub>	1043.4462	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1358.1010 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2129.9552	y <sub>20</sub>	2715.1946	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
586.2467	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1047.5391	y <sub>9</sub>	1368.6715	y <sub>12</sub>	2139.8433	b <sub>21</sub>	2756.1501	y <sub>26</sub>
597.8074 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	1054.3911	b <sub>11</sub>	1378.5787 <sup>+2</sup>	y <sub>26</sub> <sup>+2</sup>	2156.8933	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2813.1715	MH
641.3234 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	1065.4812 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1407.0894 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	2198.9767	y <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
674.3355	y <sub>6</sub>	1099.9920 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1434.5624	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2254.8702	b <sub>22</sub>		

MS/MS Fragmentation of mSsHTETSSFLQTLTGR  
 Found in IPI00183572, Isoform 2 of Deducator of cytokinesis protein 7



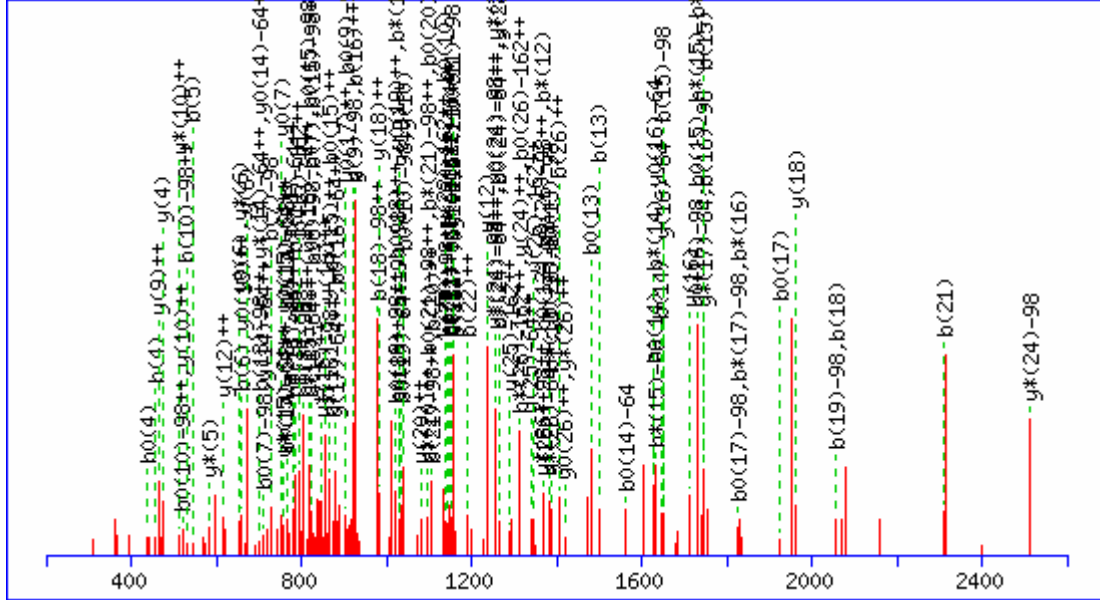
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	402.0731	b <sub>3</sub>	652.7469 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	867.4263 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1334.5681	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
116.5738 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	430.1662 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	667.7877 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	870.2699	b <sub>7</sub>	1339.6852	y <sub>12</sub>
167.0977 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	435.6386 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	670.3462 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	872.8987 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1432.545	b <sub>12</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	441.1551	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	671.2454	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	874.3659 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1435.6158	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
221.0812 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	446.2722	y <sub>4</sub>	675.3784	y <sub>6</sub>	902.8766 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1440.7329	y <sub>13</sub>
223.6397 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	468.2691 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	716.7762 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	916.4147 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1533.5927	b <sub>13</sub>
232.1404	y <sub>2</sub>	473.6822 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	718.3115 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	935.5309	y <sub>8</sub>	1548.6999	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
235.0747	b <sub>2</sub>	479.1546 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	720.8701 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	940.9440 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1577.7918	y <sub>14</sub>
270.0696 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	511.7851 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	767.3000 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	946.3571	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1646.6768	b <sub>14</sub>
271.6050 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	522.6706 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	769.2222	b <sub>6</sub>	957.302	b <sub>8</sub>	1646.8133	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
274.1636 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	539.132	b <sub>4</sub>	772.293	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	989.9324 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1649.7476	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
304.0962	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	542.2028	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	774.8536 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1022.5629	y <sub>9</sub>	1706.769	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
320.5935 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	547.2164 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	788.4625	y <sub>7</sub>	1044.334	b <sub>9</sub>	1733.8453	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
333.1881	y <sub>3</sub>	547.3198	y <sub>5</sub>	789.3995 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1093.4255	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1744.7902	y <sub>15</sub>
336.1263 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	555.3011 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	823.8420 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1109.5949	y <sub>10</sub>	1747.7245	b <sub>15</sub>
338.1928 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	596.2048 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	823.9103 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1191.4024	b <sub>10</sub>	1804.7459	b <sub>16</sub>
385.1148 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	603.7584 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	825.3774 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1206.5096	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1831.8222	y <sub>16</sub>
386.6502 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	605.8250 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	853.8882 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1210.6426	y <sub>11</sub>	1880.8807	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
394.7349 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	640.1797	b <sub>5</sub>	859.3251	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1304.4865	b <sub>11</sub>	1978.8576	MH

MS/MS Fragmentation of AAPWGSNPsPSAESTQAmDR  
 Found in IPI00183572, Isoform 2 of Deducator of cytokinesis protein 7



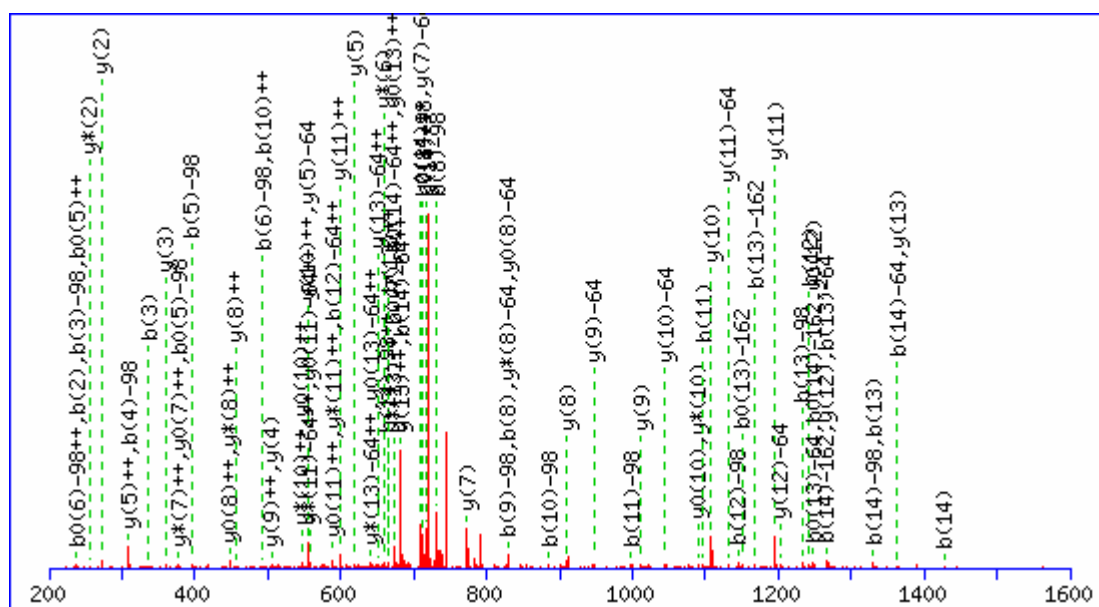
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	570.2671	b <sub>6</sub>	909.8892 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1208.5212	y <sub>11</sub>	1673.6473	y <sub>15</sub>
143.0815	b <sub>2</sub>	604.7642 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	947.437	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1234.5487	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1719.701	b <sub>17</sub>
145.5766 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	636.277	y <sub>5</sub>	948.3611	b <sub>9</sub>	1277.5427	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1730.6687	y <sub>16</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	639.2750 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	953.3993	y <sub>8</sub>	1321.5808	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1768.7595	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
219.0943 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	684.31	b <sub>7</sub>	958.4156 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1332.5256	b <sub>13</sub>	1818.7712	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
240.1343	b <sub>3</sub>	687.8013 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	958.8777 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1374.5954	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1866.7364	b <sub>18</sub>
254.6128 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	688.2634 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	993.9342 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1375.5196	y <sub>12</sub>	1883.7865	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
290.1459	y <sub>2</sub>	736.7898 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1007.4040 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1419.5577	b <sub>14</sub>	1915.8239	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
318.6421 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	737.3247	y <sub>6</sub>	1024.4364	y <sub>9</sub>	1422.6284	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1916.748	y <sub>17</sub>
369.1660 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	744.8228 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1029.4527 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1472.5723	y <sub>13</sub>	1981.7634	b <sub>19</sub>
412.6820 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	781.3628	b <sub>8</sub>	1034.469	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1488.6383	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1986.861	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
426.2136	b <sub>4</sub>	788.3388 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1042.9226 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1520.6053	b <sub>15</sub>	2013.8008	y <sub>18</sub>
437.1813	y <sub>3</sub>	793.8113 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1045.4139	b <sub>10</sub>	1550.687	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2057.8981	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
477.2033 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	816.8496 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1078.4412 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1575.6704	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2084.8379	y <sub>19</sub>
483.235	b <sub>5</sub>	824.3567	y <sub>7</sub>	1105.5061	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1586.6152	y <sub>14</sub>	2155.875	MH
508.2184	y <sub>4</sub>	837.3273 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1111.4684	y <sub>10</sub>	1621.7241	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
512.7218 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	850.3842	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1132.4459	b <sub>11</sub>	1632.6918	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
556.2379 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	865.8380 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1203.483	b <sub>12</sub>	1648.6639	b <sub>16</sub>		

MS/MS Fragmentation of ELLTSDsPPHNDImTPVDPGVAQPNSR  
 Found in IPI00289866, Forkhead box protein O1A



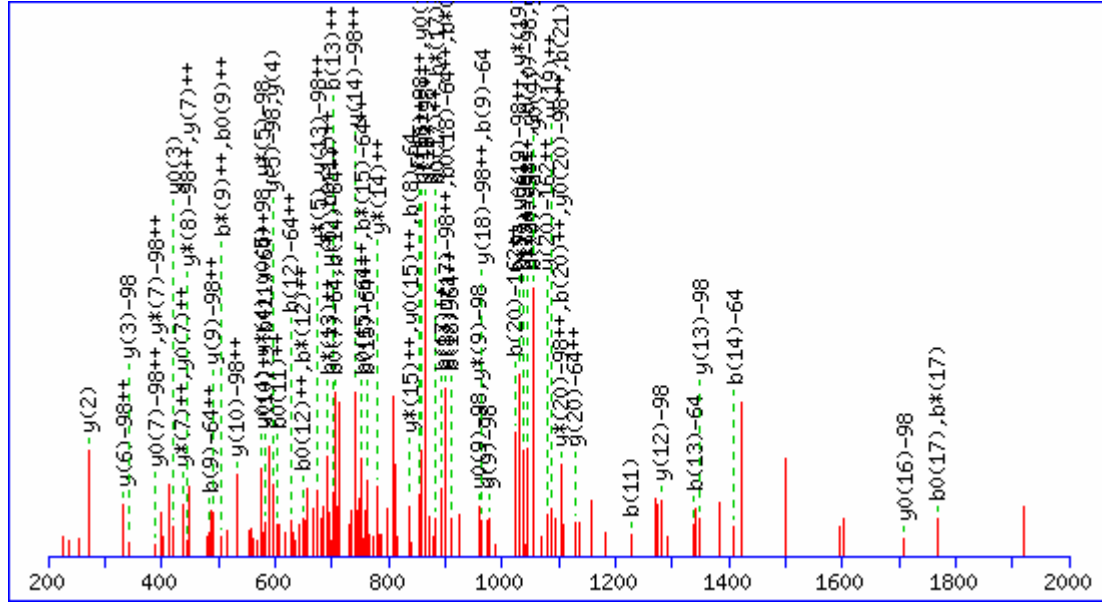
88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	701.3359 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1059.5106	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1361.6069 <sup>+2</sup>	b <sub>25</sub> <sup>+2</sup>	2212.9468	b <sub>20</sub>
131.5791 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	728.3461	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1078.4663 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1371.1155 <sup>+2</sup>	y <sub>25</sub> <sup>+2</sup>	2214.0383	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	742.8617 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1079.5209 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1378.6690 <sup>+2</sup>	y <sub>26</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2227.056	y <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
188.6006 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	750.3243 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1106.9770 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1386.5573	b <sub>12</sub>	2285.0754	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
237.1270 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	771.4108	y <sub>7</sub>	1107.5228 <sup>+2</sup>	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1401.6645	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2312.0152	b <sub>21</sub>
243.1339	b <sub>2</sub>	774.8536 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1114.0317 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1405.1230 <sup>+2</sup>	b <sub>26</sub> <sup>+2</sup>	2325.0329	y <sub>21</sub>
262.151	y <sub>2</sub>	799.4038 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1139.5804	y <sub>11</sub>	1427.6575 <sup>+2</sup>	y <sub>26</sub> <sup>+2</sup>	2342.083	y <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
301.1563 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	823.8420 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1143.0414 <sup>+2</sup>	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1443.1903 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2383.0523	b <sub>22</sub>
336.6748 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	825.3774 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1156.5112 <sup>+2</sup>	b <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1484.7162	y <sub>14</sub>	2413.134	b <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
356.218	b <sub>3</sub>	825.3989	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1157.4874	b <sub>10</sub>	1492.1788 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	2429.115	y <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
376.1939	y <sub>3</sub>	826.323	b <sub>7</sub>	1163.0201 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1499.6414	b <sub>13</sub>	2440.0599	y <sub>22</sub>
386.2090 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	828.4322	y <sub>8</sub>	1171.5451 <sup>+2</sup>	y <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1548.6999	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2510.1868	b <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
414.7198 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	856.9172 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1173.5535	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1597.8003	y <sub>15</sub>	2511.1109	b <sub>23</sub>
457.2657	b <sub>4</sub>	873.9038 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1192.0298 <sup>+2</sup>	b <sub>22</sub> <sup>+2</sup>	1646.6768	b <sub>14</sub>	2527.0919	y <sub>23</sub>
463.2461 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	874.3659 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1207.0706 <sup>+2</sup>	b <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1649.7476	b <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2530.1627	y <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
473.2467	y <sub>4</sub>	913.9387 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1215.0611 <sup>+2</sup>	y <sub>23</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1712.8272	y <sub>16</sub>	2608.1637	b <sub>24</sub>
520.7596 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	922.4516	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1220.5336 <sup>+2</sup>	y <sub>22</sub> <sup>+2</sup>	1746.8003	b <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2624.2297	b <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
530.2589 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	922.8922 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1236.6331	y <sub>12</sub>	1747.7245	b <sub>15</sub>	2628.1396	y <sub>24</sub>
544.2977	b <sub>5</sub>	923.3758	b <sub>8</sub>	1255.5970 <sup>+2</sup>	b <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1826.8701	y <sub>17</sub>	2643.2468	y <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
570.2938 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	923.4380 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1256.0591 <sup>+2</sup>	b <sub>23</sub> <sup>+2</sup>	1844.7772	b <sub>16</sub>	2711.2617	b <sub>26</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
579.2474 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	925.485	y <sub>9</sub>	1264.0496 <sup>+2</sup>	y <sub>23</sub> <sup>+2</sup>	1845.8687	b <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2722.2066	b <sub>25</sub>
587.2804 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	972.4265 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1265.5850 <sup>+2</sup>	y <sub>24</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1943.8456	b <sub>17</sub>	2741.2236	y <sub>25</sub>
601.3052	y <sub>5</sub>	980.9515 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1271.5304	b <sub>11</sub>	1960.8957	b <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2756.3308	y <sub>26</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
618.8202 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	982.4682 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1288.5804	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1963.929	y <sub>18</sub>	2809.2386	b <sub>26</sub>
636.2688 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	1020.4285	b <sub>9</sub>	1304.5855 <sup>+2</sup>	b <sub>24</sub> <sup>+2</sup>	2057.9484	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2854.3077	y <sub>26</sub>
644.7938 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1029.4779 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1312.6185 <sup>+2</sup>	b <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2058.8726	b <sub>18</sub>	2885.3734	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
659.3246	b <sub>6</sub>	1029.9399 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1314.5734 <sup>+2</sup>	y <sub>24</sub> <sup>+2</sup>	2060.9818	y <sub>19</sub>	2983.3503	MH
669.3440 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1030.9945 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1322.1270 <sup>+2</sup>	y <sub>25</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2114.9699	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
672.3424	y <sub>6</sub>	1040.5119	y <sub>10</sub>	1337.6808	y <sub>13</sub>	2155.9253	b <sub>19</sub>		
693.7823 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1057.9886 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1356.1345 <sup>+2</sup>	b <sub>26</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2158.0346	y <sub>20</sub>		

MS/MS Fragmentation of sAPASPTHPLmSPR  
 Found in IPI00556645, forkhead box K1



88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	387.2024 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	554.7820 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	717.8615 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1145.5408	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
136.5895 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	396.1878	b <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	573.2740 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	731.3471	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1195.5888	y <sub>11</sub>
141.0659	b <sub>2</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	407.1326	b <sub>4</sub>	591.2174	b <sub>6</sub>	752.3723 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1232.5728	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	414.7036 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	594.2882	b <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	773.3974	y <sub>7</sub>	1243.5177	b <sub>12</sub>
180.1055 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	415.1656 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	598.2980 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	801.3607 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	1266.6259	y <sub>12</sub>
238.1186	b <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	443.2143 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	616.7901 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	828.3999	b <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1329.6256	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
239.0427	b <sub>2</sub>	455.7318 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	619.3232	y <sub>5</sub>	829.324	b <sub>8</sub>	1330.5497	b <sub>13</sub>
253.6232 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	463.6920 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	622.2625 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	885.4213	b <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1363.6787	y <sub>13</sub>
272.1717	y <sub>2</sub>	492.2028 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	633.8166 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	910.4563	y <sub>8</sub>	1427.6025	b <sub>14</sub>
309.1557	b <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	493.2405	b <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	665.3164 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	926.3768	b <sub>9</sub>	1434.7158	y <sub>14</sub>
310.1652 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	494.1647	b <sub>5</sub>	665.7785 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	983.3982	b <sub>10</sub>	1503.7373	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
336.0955	b <sub>3</sub>	499.7563 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	676.3447	y <sub>6</sub>	998.5054	b <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1601.7142	MH
338.6760 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	506.2391	y <sub>4</sub>	682.3430 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1011.504	y <sub>9</sub>		
359.2037	y <sub>3</sub>	506.2557 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	692.2651	b <sub>7</sub>	1096.4823	b <sub>11</sub>		
366.1772 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	548.7448 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	714.3049 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1108.5568	y <sub>10</sub>		

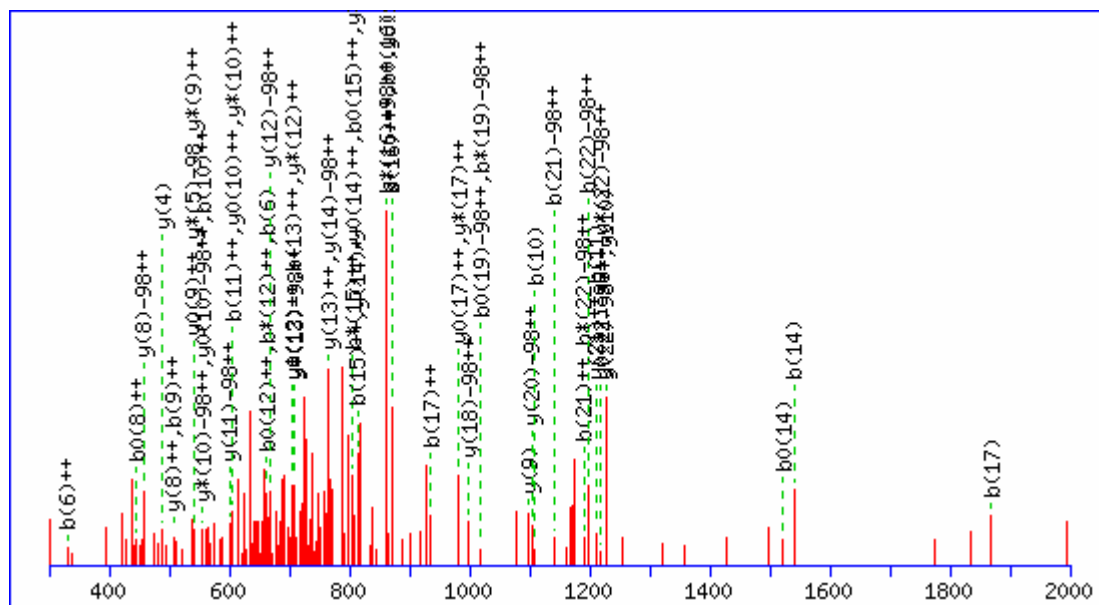
MS/MS Fragmentation of VGmFEAHIQAQSSAIQAPRsPR  
Found in IPI00021449, Isoform 1 of Inositol-trisphosphate 3-kinase B



88.0631 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	515.2448 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	793.4427	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1100.5193	b <sub>10</sub>	1689.8432	y <sub>15</sub>
136.5895 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	532.8016 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	793.8852 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1103.0471 <sup>+2</sup>	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1714.8217	b <sub>16</sub>
157.0972	b <sub>2</sub>	538.2740 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	796.4368 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1103.5092 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1728.9252	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
171.1002 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	550.7633 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	845.4252 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1112.0580 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1785.8588	b <sub>17</sub>
175.119	y <sub>1</sub>	576.3176 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	857.9145 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1140.5687 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1799.9623	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
220.0887 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	580.2436	b <sub>5</sub>	864.9663 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1151.628	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1826.9021	y <sub>16</sub>
249.1508 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	581.7901 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	891.4196	y <sub>7</sub>	1152.0356 <sup>+2</sup>	b <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1882.9116	b <sub>18</sub>
272.1717	y <sub>2</sub>	594.3471	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	893.4331 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1161.0465 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1897.9392	y <sub>17</sub>
297.6772 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	595.2712	y <sub>4</sub>	900.4848 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1162.5728	y <sub>10</sub>	1929.0049	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
298.1392 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	614.7926 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	901.4236	b <sub>8</sub>	1189.5572 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	2026.9818	y <sub>18</sub>
304.1326	b <sub>3</sub>	625.3061 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	906.5268	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1190.1029 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2039.0127	b <sub>19</sub>
333.1957 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	640.3469 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	913.9547 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1228.5779	b <sub>11</sub>	2076.0733	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
341.1932	y <sub>3</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	651.2807	b <sub>6</sub>	941.9594 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1239.0914 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	2108.0342	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
346.6656 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	658.3086 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	949.4733 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1249.6049	y <sub>11</sub>	2174.0502	y <sub>19</sub>
382.1842 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	665.3842	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	965.0061 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1279.6866	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2205.0869	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
394.6734 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	675.8655 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	977.5639	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1315.6099	b <sub>12</sub>	2206.0111	b <sub>20</sub>
397.2250 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	689.3354 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1004.5037	y <sub>8</sub>	1350.7237	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2223.1087	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
439.1701	y <sub>3</sub>	692.3239	y <sub>5</sub>	1013.9946 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1377.6635	y <sub>12</sub>	2280.1302	y <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
446.2135 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	701.8246 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1020.0100 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1402.642	b <sub>13</sub>	2303.0638	b <sub>21</sub>
451.201	b <sub>4</sub>	724.8539 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1029.4822	b <sub>9</sub>	1448.7006	y <sub>13</sub>	2321.0856	y <sub>20</sub>
451.2155 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	737.3432 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1038.5403 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1473.6791	b <sub>14</sub>	2378.1071	y <sub>21</sub>
453.7670 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	739.8948 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1054.5207 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1478.7822	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2379.1986	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
489.2856 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	763.3611	y <sub>6</sub>	1064.596	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1576.7591	y <sub>14</sub>	2477.1755	MH
497.2943	y <sub>4</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	788.3396	b <sub>7</sub>	1075.5408	y <sub>9</sub>	1586.7632	b <sub>15</sub>		
502.7555 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	788.8832 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1087.5288 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1591.8663	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		



MS/MS Fragmentation of SMNKSIVVTMAKSLN<sub>s</sub>VENK  
 Found in IPI00012469, Isoform 1 of Signaling lymphocytic activation molecule precursor



74.0600 <sup>+2</sup>	y <sub>1</sub> <sup>+2</sup>	550.2370 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	872.4691 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1190.0760 <sup>+2</sup>	b <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1869.9925	b <sub>17</sub>
131.0815 <sup>+2</sup>	y <sub>2</sub> <sup>+2</sup>	555.3104 <sup>+2</sup>	b <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	899.3506	y <sub>7</sub>	1198.1091 <sup>+2</sup>	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1880.9899	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
147.1128	y <sub>1</sub>	558.2882	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	911.4767	b <sub>8</sub>	1200.6219	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1978.9668	y <sub>17</sub>
195.6028 <sup>+2</sup>	y <sub>3</sub> <sup>+2</sup>	565.2960 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	914.4578	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1210.6613	b <sub>11</sub>	1984.0354	b <sub>18</sub>
219.0798	b <sub>2</sub>	600.8146 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	921.4576 <sup>+2</sup>	y <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1211.1140 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> <sup>+2</sup>	1994.0739	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
231.1125 <sup>+2</sup>	b <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	605.8343 <sup>+2</sup>	b <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	935.4999 <sup>+2</sup>	b <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1227.5617	y <sub>10</sub>	2053.0569	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
245.1370 <sup>+2</sup>	y <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	614.2845 <sup>+2</sup>	y <sub>10</sub> <sup>+2</sup>	940.9986 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1227.6458 <sup>+2</sup>	y <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2081.106	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
261.1557	y <sub>2</sub>	649.8030 <sup>+2</sup>	y <sub>11</sub> <sup>+2</sup>	989.9870 <sup>+2</sup>	y <sub>17</sub> <sup>+2</sup>	1247.0975 <sup>+2</sup>	b <sub>22</sub> <sup>+2</sup>	2092.0508	y <sub>18</sub>
274.6285 <sup>+2</sup>	b <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	656.2651	y <sub>5</sub>	992.5214 <sup>+2</sup>	b <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1271.1618 <sup>+2</sup>	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	2151.0338	b <sub>19</sub>
279.6477 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	661.3338	b <sub>6</sub>	997.5406 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1276.6342 <sup>+2</sup>	y <sub>22</sub> <sup>+2</sup>	2152.1253	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
328.6362 <sup>+2</sup>	y <sub>5</sub> <sup>+2</sup>	666.3348 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1001.4898	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1298.5988	y <sub>11</sub>	2179.0828	y <sub>19</sub>
331.1705 <sup>+2</sup>	b <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	671.3545 <sup>+2</sup>	b <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1010.5452	b <sub>9</sub>	1320.1503 <sup>+2</sup>	MH <sup>+2</sup>	2209.2009	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
333.1227	b <sub>3</sub>	672.3311	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1012.4347	y <sub>8</sub>	1331.6624	y <sub>12</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2250.1022	b <sub>20</sub>
336.6692 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	706.8731 <sup>+2</sup>	b <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1027.0321 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1341.7017	b <sub>12</sub>	2281.1679	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
385.6577 <sup>+2</sup>	y <sub>6</sub> <sup>+2</sup>	715.3233 <sup>+2</sup>	y <sub>12</sub> <sup>+2</sup>	1041.0566 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1412.7389	b <sub>13</sub>	2307.1778	y <sub>20</sub>
390.1983	y <sub>3</sub>	716.8587 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1046.5290 <sup>+2</sup>	y <sub>18</sub> <sup>+2</sup>	1429.6393	y <sub>12</sub>	2323.2438	y <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
399.7000 <sup>+2</sup>	b <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	765.8471 <sup>+2</sup>	y <sub>13</sub> <sup>+2</sup>	1076.0205 <sup>+2</sup>	b <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1432.7101	y <sub>13</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2379.1448	b <sub>21</sub>
401.1905 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	766.3929 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1076.5663 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1530.687	y <sub>13</sub>	2395.2108	b <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
450.1789 <sup>+2</sup>	y <sub>7</sub> <sup>+2</sup>	770.308	y <sub>6</sub>	1090.0451 <sup>+2</sup>	y <sub>19</sub> <sup>+2</sup>	1531.7785	y <sub>14</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2421.2207	y <sub>21</sub>
456.2420 <sup>+2</sup>	b <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	770.9205 <sup>+2</sup>	b <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1099.4667	y <sub>9</sub>	1540.8338	b <sub>14</sub>	2454.2843	y <sub>22</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
457.7325 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	798.3927	b <sub>7</sub>	1105.1041 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1627.8658	b <sub>15</sub>	2493.1877	b <sub>22</sub>
461.2177	b <sub>4</sub>	801.3737	y <sub>7</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1109.6136	b <sub>10</sub>	1629.7554	y <sub>14</sub>	2541.3164	MH-H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>
489.2667	y <sub>4</sub>	814.4366 <sup>+2</sup>	b <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1125.5547 <sup>+2</sup>	b <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1630.8469	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	2552.2612	y <sub>22</sub>
501.2485 <sup>+2</sup>	y <sub>9</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	815.3813 <sup>+2</sup>	y <sub>14</sub> <sup>+2</sup>	1129.5848	y <sub>10</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>	1728.8238	y <sub>15</sub>	2639.2932	MH
505.7762 <sup>+2</sup>	b <sub>9</sub> <sup>+2</sup>	815.9271 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1141.0876 <sup>+2</sup>	b <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1740.9499	b <sub>16</sub>		
506.7210 <sup>+2</sup>	y <sub>8</sub> <sup>+2</sup>	864.9155 <sup>+2</sup>	y <sub>15</sub> <sup>+2</sup>	1154.0925 <sup>+2</sup>	y <sub>20</sub> <sup>+2</sup>	1743.9309	y <sub>16</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub>		
548.2497	b <sub>5</sub>	870.9786 <sup>+2</sup>	b <sub>16</sub> <sup>+2</sup>	1162.1256 <sup>+2</sup>	y <sub>21</sub> -H <sub>3</sub> PO <sub>4</sub> <sup>+2</sup>	1841.9078	y <sub>16</sub>		

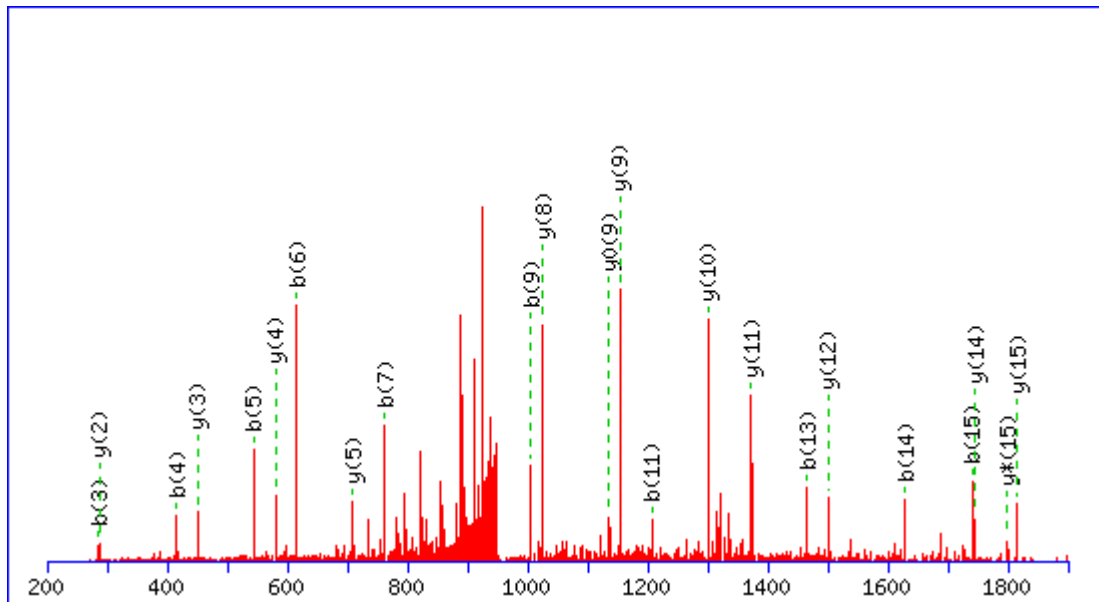
MS/MS Fragmentation of **AADEEAFEDNSEEYIR**

Found in **IPI00022744.5**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=CSE1L Isoform 1 of Exportin-2

Match to Query 7174: 1914.824080 from(958.419316,2+)

Title: Elution from: 34.21 to 38.11 period: FD070412dMavril02.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 258309.0 FinneganScanNumber: 2345

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril02.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1914.811874

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

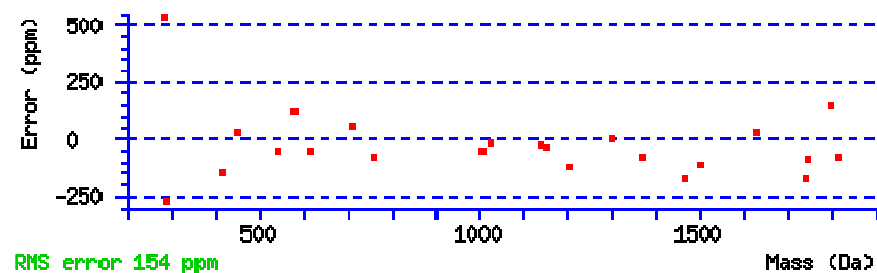
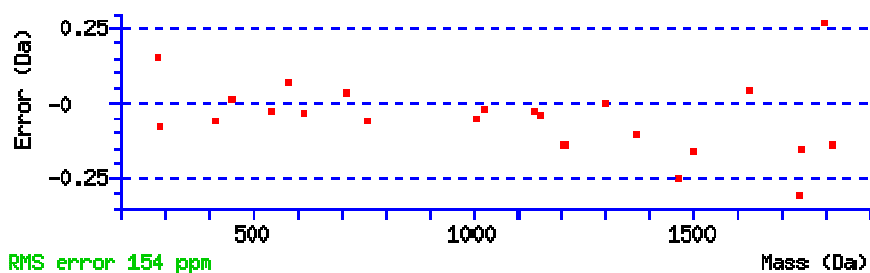
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 84 **Expect:** 1.6e-07

**Matches (Bold Red):** 23/152 fragment ions using 46 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b*	b <sup>*++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y*	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	100.075686	50.541481					A							16
2	171.112800	86.060038					A	1816.750793	908.879035	1799.724244	900.365760	1798.740228	899.873752	15
3	286.139743	143.573510			268.129178	134.568227	D	1745.713679	873.360478	1728.687130	864.847203	1727.703114	864.355195	14
4	415.182336	208.094806			397.171771	199.089524	E	1630.686736	815.847006	1613.660187	807.333732	1612.676171	806.841724	13
5	544.224929	272.616103			526.214364	263.610820	E	1501.644143	751.325710	1484.617594	742.812435	1483.633578	742.320427	12
6	615.262043	308.134660			597.251478	299.129377	A	1372.601550	686.804413	1355.575001	678.291139	1354.590985	677.799131	11
7	762.330457	381.668867			744.319892	372.663584	F	1301.564436	651.285856	1284.537887	642.772582	1283.553871	642.280574	10
8	891.373050	446.190163			873.362485	437.184881	E	1154.496022	577.751649	1137.469473	569.238375	1136.485457	568.746367	9
9	1006.399993	503.703635			988.389428	494.698352	D	1025.453429	513.230353	1008.426880	504.717078	1007.442864	504.225070	8
10	1120.442920	560.725098	1103.416371	552.211824	1102.432355	551.719816	N	910.426486	455.716881	893.399937	447.203607	892.415921	446.711599	7
11	1207.474948	604.241112	1190.448399	595.727838	1189.464383	595.235830	S	796.383559	398.695418	779.357010	390.182143	778.372994	389.690135	6
12	1336.517541	668.762409	1319.490992	660.249134	1318.506976	659.757126	E	709.351531	355.179404	692.324982	346.666129	691.340966	346.174121	5
13	1465.560134	733.283705	1448.533585	724.770431	1447.549569	724.278423	E	580.308938	290.658107	563.282389	282.144833	562.298373	281.652825	4
14	1628.623463	814.815370	1611.596914	806.302095	1610.612898	805.810087	Y	451.266345	226.136810	434.239796	217.623536			3
15	1741.707527	871.357402	1724.680978	862.844127	1723.696962	862.352119	I	288.203016	144.605146	271.176467	136.091871			2
16							R	175.118952	88.063114	158.092403	79.549839			1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
84.1	1914.811874	0.012206	<a href="#">AADEEAFEDNSEEYIR</a>
0.5	1914.823349	0.000731	<a href="#">MGASMRTEEMPVRTK</a>

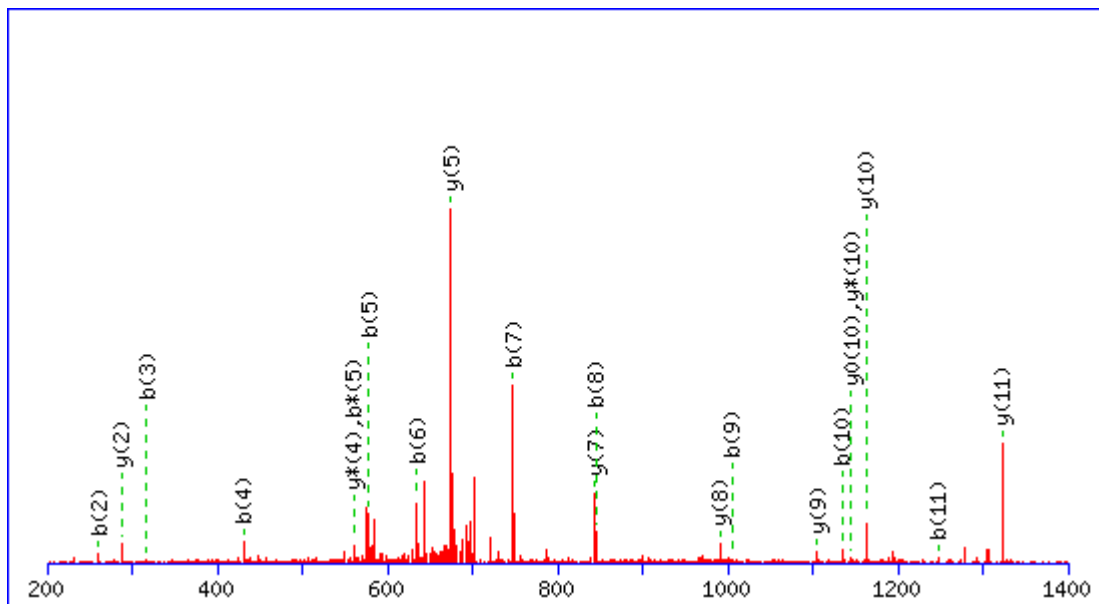
MS/MS Fragmentation of **ACGNFGIPCELR**

Found in **IPI00217223.1**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=PAICS Multifunctional protein ADE2

Match to Query 4636: 1420.671368 from(711.342960,2+)

Title: Elution from: 36.33 to 40.23 period: FD070412dMavril05.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 471486.5 FinneganScanNumber: 2440

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril05.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1420.659134

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

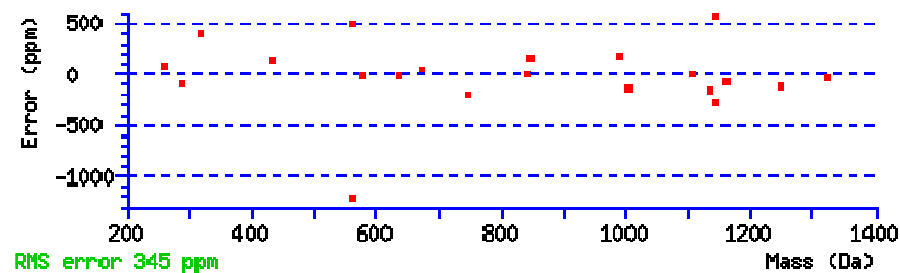
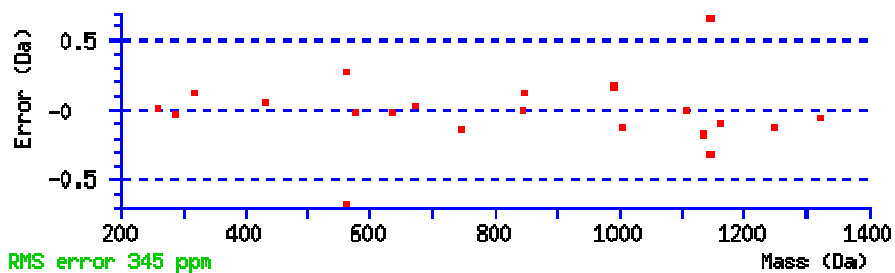
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 56 **Expect:** 0.00038

**Matches (Bold Red):** 21/104 fragment ions using 35 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b*	b <sup>*++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y*	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	100.075686	50.541481					A							12
2	<b>260.106335</b>	130.556805					C	<b>1322.598004</b>	661.802640	1305.571455	653.289366	1304.587439	652.797358	11
3	<b>317.127799</b>	159.067537					G	<b>1162.567355</b>	581.787316	<b>1145.540806</b>	573.274041	<b>1144.556790</b>	572.782033	10
4	<b>431.170726</b>	216.089001	414.144177	207.575727			N	<b>1105.545891</b>	553.276584	1088.519342	544.763309	1087.535326	544.271301	9
5	<b>578.239140</b>	289.623208	<b>561.212591</b>	281.109934			F	<b>991.502964</b>	496.255120	974.476415	487.741846	973.492399	487.249838	8
6	<b>635.260604</b>	318.133940	618.234055	309.620666			G	<b>844.434550</b>	422.720913	827.408001	414.207639	826.423985	413.715631	7
7	<b>748.344668</b>	374.675972	731.318119	366.162698			I	787.413086	394.210181	770.386537	385.696907	769.402521	385.204899	6
8	<b>845.397432</b>	423.202354	828.370883	414.689080			P	<b>674.329022</b>	337.668149	657.302473	329.154875	656.318457	328.662867	5
9	<b>1005.428081</b>	503.217679	988.401532	494.704404			C	577.276258	289.141767	<b>560.249709</b>	280.628493	559.265693	280.136485	4
10	<b>1134.470674</b>	567.738975	1117.444125	559.225701	1116.460109	558.733693	E	417.245609	209.126442	400.219060	200.613168	399.235044	200.121160	3
11	<b>1247.554738</b>	624.281007	1230.528189	615.767733	1229.544173	615.275725	L	<b>288.203016</b>	144.605146	271.176467	136.091871			2
12							R	175.118952	88.063114	158.092403	79.549839			1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
56.5	1420.659134	0.012234	<a href="#">ACGNFGIPCELR</a>
10.0	1420.666336	0.005032	<a href="#">VCSARVCERER</a>
6.4	1420.684738	-0.013370	<a href="#">FAQSSNYAQHLR</a>
4.6	1419.663025	1.008343	<a href="#">PGDPGPSPNADSPGK</a>
3.6	1420.680237	-0.008869	<a href="#">DELQMMQKDKR</a>
2.8	1419.670395	1.000973	<a href="#">QOTEEMWEVLK</a>
2.7	1419.659851	1.011517	<a href="#">PCVGMREAELSR</a>

2.2	1418.661255	2.010113	<a href="#">APPPTPAPSGCDPR</a>
1.7	1420.675522	-0.004154	<a href="#">EDEEKMADLGLK</a>
1.4	1418.652466	2.018902	<a href="#">AEGEDGEKEEKAK</a>

---

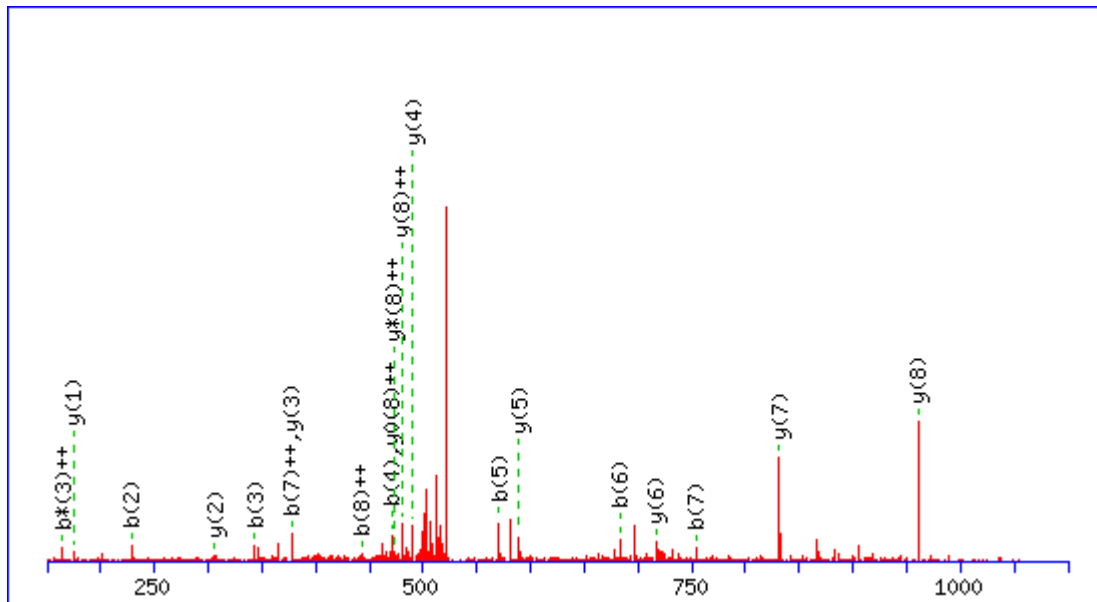
MS/MS Fragmentation of **AENQVLAMR**

Found in **IPI00218200.8**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=BCAP31 B-cell receptor-associated protein 31

Match to Query 3605: 1058.551428 from(530.282990,2+)

Title: Elution from: 24.81 to 28.71 period: FD070412dMavril07.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 1362520.7 FinneganScanNumber: 1696

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril07.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1058.554230

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

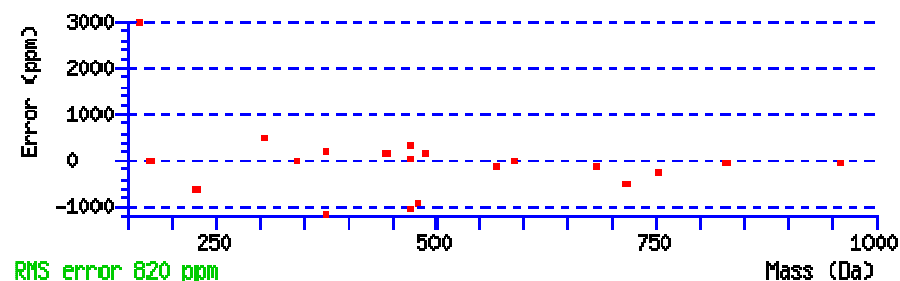
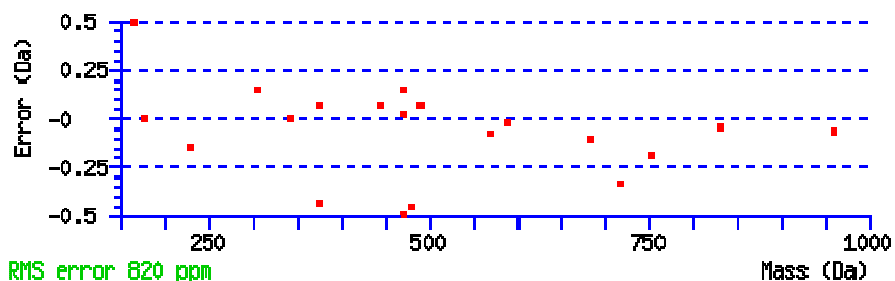
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 43 **Expect:** 0.015

**Matches (Bold Red):** 20/76 fragment ions using 71 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b*	b <sup>*++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y*	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	100.075686	50.541481					A							9
2	<b>229.118279</b>	115.062777			211.107714	106.057495	E	<b>960.493127</b>	<b>480.750202</b>	943.466578	<b>472.236927</b>	942.482562	<b>471.744919</b>	8
3	<b>343.161206</b>	172.084241	326.134657	<b>163.570966</b>	325.150641	163.078958	N	<b>831.450534</b>	416.228905	814.423985	407.715631			7
4	<b>471.219784</b>	236.113530	454.193235	227.600256	453.209219	227.108248	Q	<b>717.407607</b>	359.207442	700.381058	350.694167			6
5	<b>570.288198</b>	285.647737	553.261649	277.134463	552.277633	276.642455	V	<b>589.349029</b>	295.178153	572.322480	286.664878			5
6	<b>683.372262</b>	342.189769	666.345713	333.676495	665.361697	333.184487	L	<b>490.280615</b>	245.643946	473.254066	237.130671			4
7	<b>754.409376</b>	<b>377.708326</b>	737.382827	369.195052	736.398811	368.703044	A	<b>377.196551</b>	189.101913	360.170002	180.588639			3
8	885.449861	<b>443.228569</b>	868.423312	434.715294	867.439296	434.223286	M	<b>306.159437</b>	153.583357	289.132888	145.070082			2
9							R	<b>175.118952</b>	88.063114	158.092403	79.549840			1



#### All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
43.3	1058.554230	-0.002802	<a href="#">AENQVLAMR</a>
12.6	1058.560760	-0.009332	<a href="#">AEKKT PDDK</a>
10.8	1058.560760	-0.009332	<a href="#">ISNGGLEEGK</a>
9.6	1057.556305	0.995123	<a href="#">PMGRAGSARR</a>
7.6	1058.554230	-0.002802	<a href="#">AGASGKPEMR</a>
7.5	1058.542999	0.008429	<a href="#">LSPLGEEMR</a>
7.3	1058.546829	0.004599	<a href="#">ARAEDLNSR</a>
7.0	1058.560730	-0.009302	<a href="#">AELEEREK</a>
6.5	1057.540375	1.011053	<a href="#">LLDQGEDLR</a>
6.4	1058.546829	0.004599	<a href="#">QKAENNSLR</a>





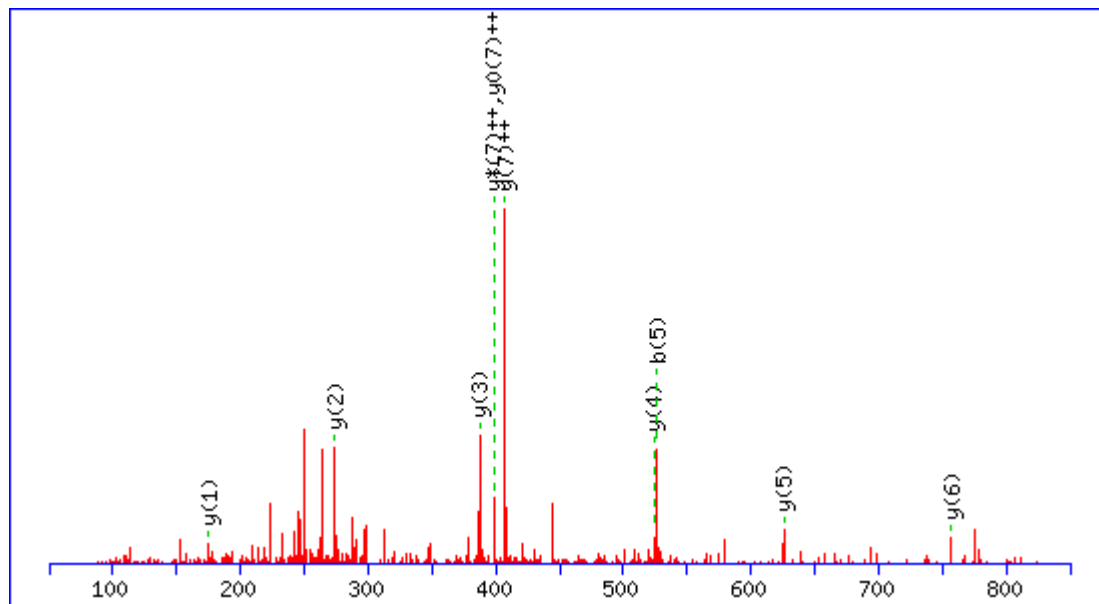
MS/MS Fragmentation of **AGMTHIVR**

Found in **IPI00550021.4**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=RPL3 60S ribosomal protein L3

Match to Query 3012: 911.500860 from(304.840896,3+)

Title: Elution from: 16.43 to 20.31 period: FD070412dMavril05.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 178836.2 FinneganScanNumber: 948

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril05.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 911.501099

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

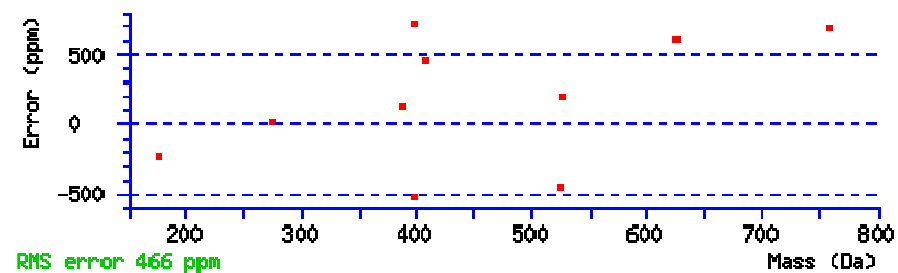
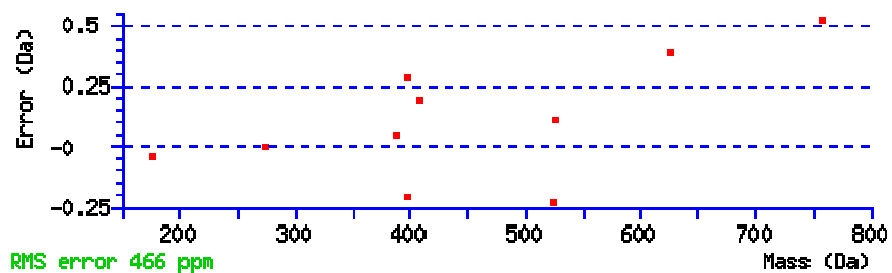
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 41 **Expect:** 0.016

**Matches (Bold Red):** 10/56 fragment ions using 25 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y <sup>*</sup>	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	100.075686	50.541481			A							8
2	157.097150	79.052213			G	813.439970	407.223623	796.413421	398.710349	795.429405	398.218341	7
3	288.137635	144.572455			M	756.418506	378.712891	739.391957	370.199617	738.407941	369.707609	6
4	389.185314	195.096295	371.174749	186.091013	T	625.378021	313.192649	608.351472	304.679374	607.367456	304.187366	5
5	526.244226	263.625751	508.233661	254.620469	H	524.330342	262.668809	507.303793	254.155535			4
6	639.328290	320.167783	621.317725	311.162501	I	387.271430	194.139353	370.244881	185.626079			3
7	738.396704	369.701990	720.386139	360.696708	V	274.187366	137.597321	257.160817	129.084046			2
8					R	175.118952	88.063114	158.092403	79.549840			1



#### All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
41.4	911.501099	-0.000239	<a href="#">AGMTHIVR</a>
12.7	909.499344	2.001516	<a href="#">AYMNLVK</a>
8.8	909.491974	2.008886	<a href="#">PGPGSKDPK</a>
8.8	911.496368	0.004492	<a href="#">ASSLSTYK</a>
8.6	910.498459	1.002401	<a href="#">PGTLRDPR</a>
6.8	911.507599	-0.006739	<a href="#">ASEALHTK</a>
4.4	911.493713	0.007147	<a href="#">RPGDVNVR</a>
4.3	911.501099	-0.000239	<a href="#">GMLHALVR</a>
4.0	909.499359	2.001501	<a href="#">AITAMGFK</a>
3.6	909.499344	2.001516	<a href="#">AIYLMQK</a>

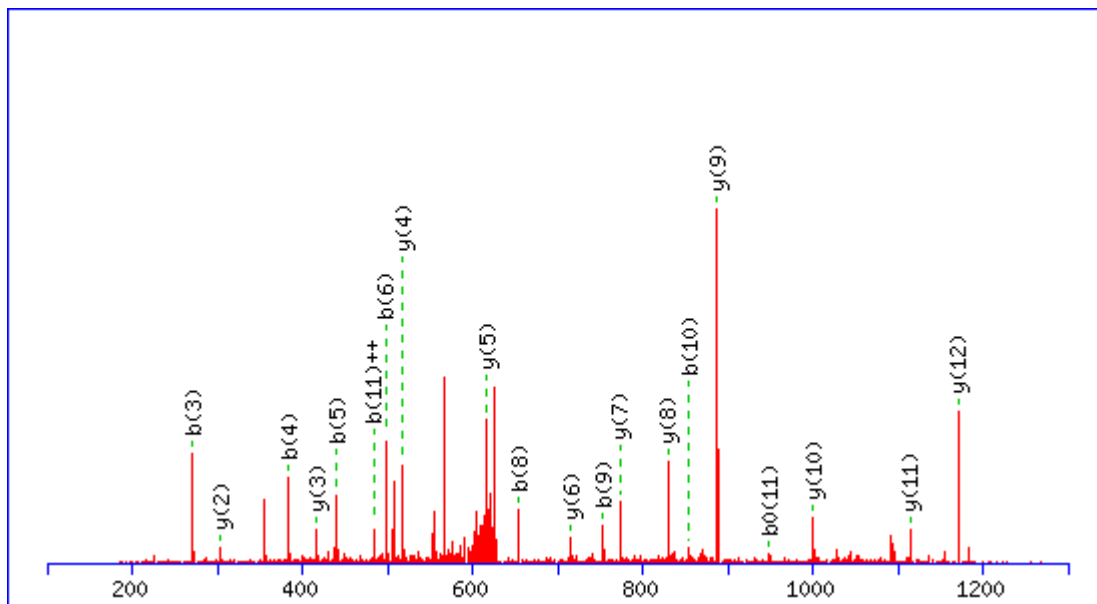
MS/MS Fragmentation of **AGNLGGGVVTIER**

Found in **IPI00219153.4**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=RPL22 60S ribosomal protein L22

Match to Query 4420: 1269.705644 from(635.860098,2+)

Title: Elution from: 29.90 to 33.75 period: FD070412dMavril06.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 737127.6 FinneganScanNumber: 1922

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril06.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1269.704102

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

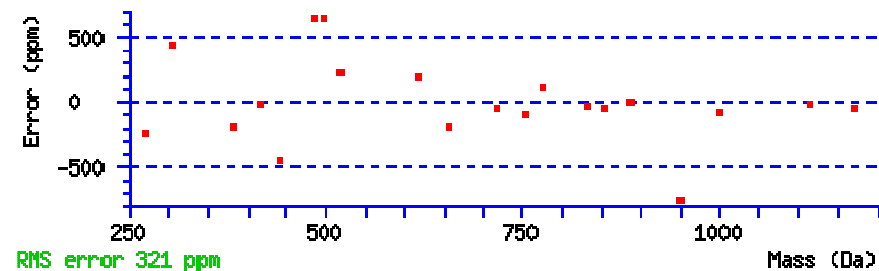
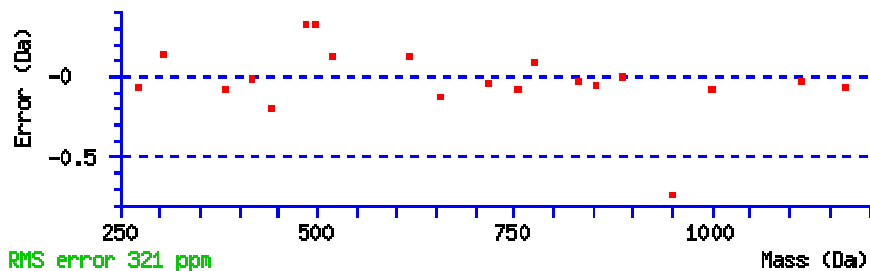
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 82 **Expect:** 1.7e-06

**Matches (Bold Red):** 20/120 fragment ions using 39 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b*	b <sup>*++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y*	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	100.075686	50.541481					A							13
2	157.097150	79.052213					G	1171.642963	586.325120	1154.616414	577.811845	1153.632398	577.319837	12
3	271.140077	136.073677	254.113528	127.560402			N	1114.621499	557.814388	1097.594950	549.301113	1096.610934	548.809105	11
4	384.224141	192.615709	367.197592	184.102434			L	1000.578572	500.792924	983.552023	492.279649	982.568007	491.787641	10
5	441.245605	221.126441	424.219056	212.613166			G	887.494508	444.250892	870.467959	435.737617	869.483943	435.245610	9
6	498.267069	249.637172	481.240520	241.123898			G	830.473044	415.740160	813.446495	407.226885	812.462479	406.734877	8
7	555.288533	278.147905	538.261984	269.634630			G	773.451580	387.229428	756.425031	378.716153	755.441015	378.224145	7
8	654.356947	327.682112	637.330398	319.168837			V	716.430116	358.718696	699.403567	350.205421	698.419551	349.713414	6
9	753.425361	377.216318	736.398812	368.703044			V	617.361702	309.184489	600.335153	300.671215	599.351137	300.179207	5
10	854.473040	427.740158	837.446491	419.226883	836.462475	418.734875	T	518.293288	259.650282	501.266739	251.137008	500.282723	250.645000	4
11	967.557104	484.282190	950.530555	475.768915	949.546539	475.276907	I	417.245609	209.126442	400.219060	200.613168	399.235044	200.121160	3
12	1096.599697	548.803487	1079.573148	540.290212	1078.589132	539.798204	E	304.161545	152.584410	287.134996	144.071136	286.150980	143.579128	2
13							R	175.118952	88.063114	158.092403	79.549839			1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
82.4	1269.704102	0.001542	<a href="#">AGNLGGGVVTIER</a>
23.6	1269.704056	0.001588	<a href="#">KNLNREDTPK</a>
21.0	1269.704056	0.001588	<a href="#">KNLNREDTPK</a>
10.4	1269.700226	0.005418	<a href="#">IEICLEPLOK</a>
9.9	1269.704056	0.001588	<a href="#">AQKPLSTAAAER</a>
9.4	1269.704086	0.001558	<a href="#">VKGGRGDISEPK</a>

9.1	1269.704071	0.001573	<a href="#">IIEGGAAQKDGR</a>
9.0	1269.704056	0.001588	<a href="#">AKQNQQENVK</a>
7.6	1267.688446	2.017198	<a href="#">PGSAGGPKVGAGASK</a>
7.3	1268.708847	0.996797	<a href="#">LQVAGEITTGPR</a>

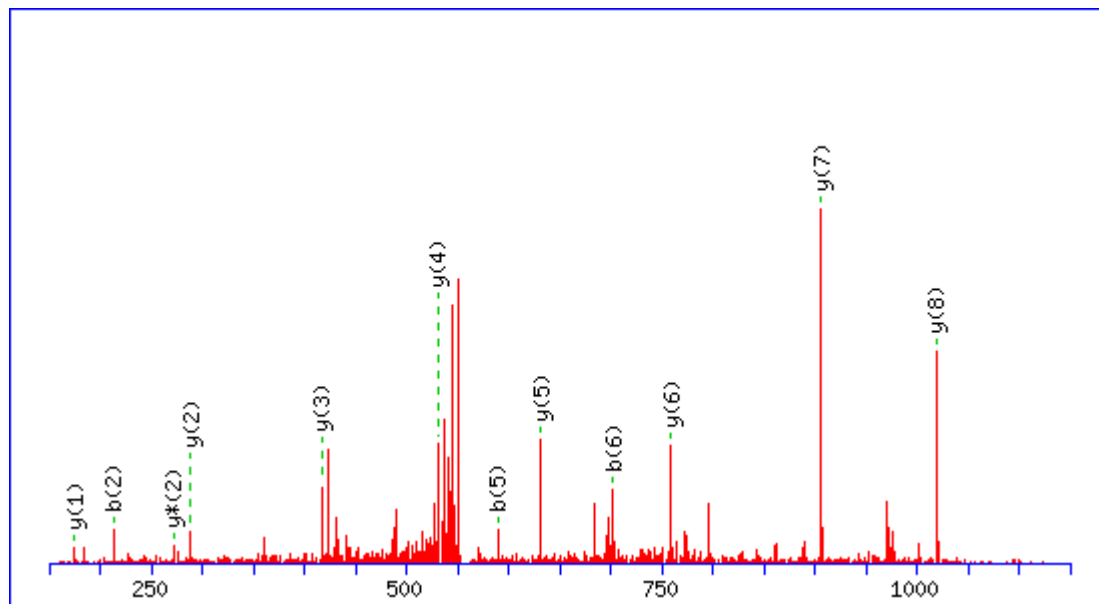
MS/MS Fragmentation of **AIFQTIQNR**

Found in **IPI00007402.3**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=IPO7 Importin-7

Match to Query 4606: 1117.628194 from(559.821373,2+)

Title: Elution from: 29.05 to 32.90 period: FD070412dMavril02.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 4807177.5 FinneganScanNumber: 1945

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril02.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1117.624374

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

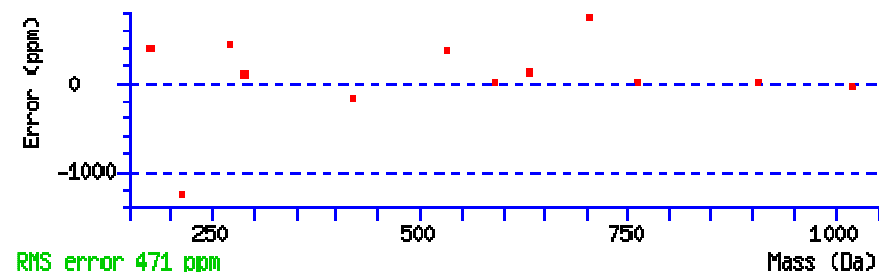
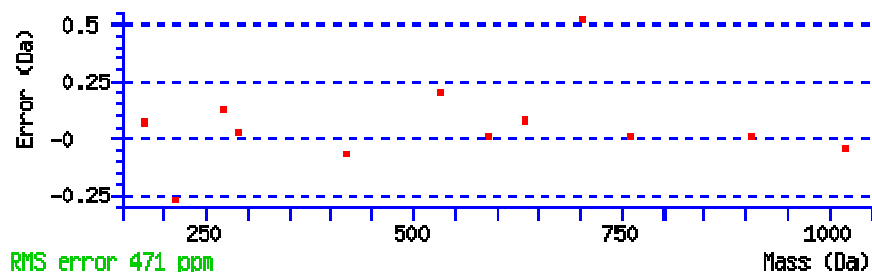
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 46 **Expect:** 0.012

**Matches (Bold Red):** 12/74 fragment ions using 31 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b <sup>*</sup>	b <sup>*++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y <sup>*</sup>	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	100.075686	50.541481					A							9
2	<b>213.159750</b>	107.083513					I	<b>1019.563256</b>	510.285266	1002.536707	501.771992	1001.552691	501.279984	8
3	360.228164	180.617720					F	<b>906.479192</b>	453.743234	889.452643	445.229960	888.468627	444.737952	7
4	488.286742	244.647009	471.260193	236.133734			Q	<b>759.410778</b>	380.209027	742.384229	371.695753	741.400213	371.203745	6
5	<b>589.334421</b>	295.170849	572.307872	286.657574	571.323856	286.165566	T	<b>631.352200</b>	316.179738	614.325651	307.666464	613.341635	307.174456	5
6	<b>702.418485</b>	351.712881	685.391936	343.199606	684.407920	342.707598	I	<b>530.304521</b>	265.655899	513.277972	257.142624			4
7	830.477063	415.742170	813.450514	407.228895	812.466498	406.736887	Q	<b>417.220457</b>	209.113867	400.193908	200.600592			3
8	944.519990	472.763633	927.493441	464.250359	926.509425	463.758351	N	<b>289.161879</b>	145.084577	<b>272.135330</b>	136.571303			2
9							R	<b>175.118952</b>	88.063114	158.092403	79.549840			1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
46.0	1117.624374	0.003820	<a href="#">AIFQTIQNR</a>
20.4	1117.624374	0.003820	<a href="#">AINVFVSANR</a>
14.5	1117.627716	0.000478	<a href="#">MLKRELER</a>
14.3	1117.627716	0.000478	<a href="#">MLQERKAAK</a>
13.9	1117.638962	-0.010768	<a href="#">MRILANKTR</a>
13.3	1117.627716	0.000478	<a href="#">MKAAQKEIR</a>
10.7	1115.629852	1.998342	<a href="#">DRSNVLSGIK</a>
9.4	1117.620331	0.007863	<a href="#">NKSSLSRGNK</a>
9.3	1115.626007	2.002187	<a href="#">PLMEKVEVK</a>
9.1	1116.632462	0.995732	<a href="#">NLAKDMKNK</a>



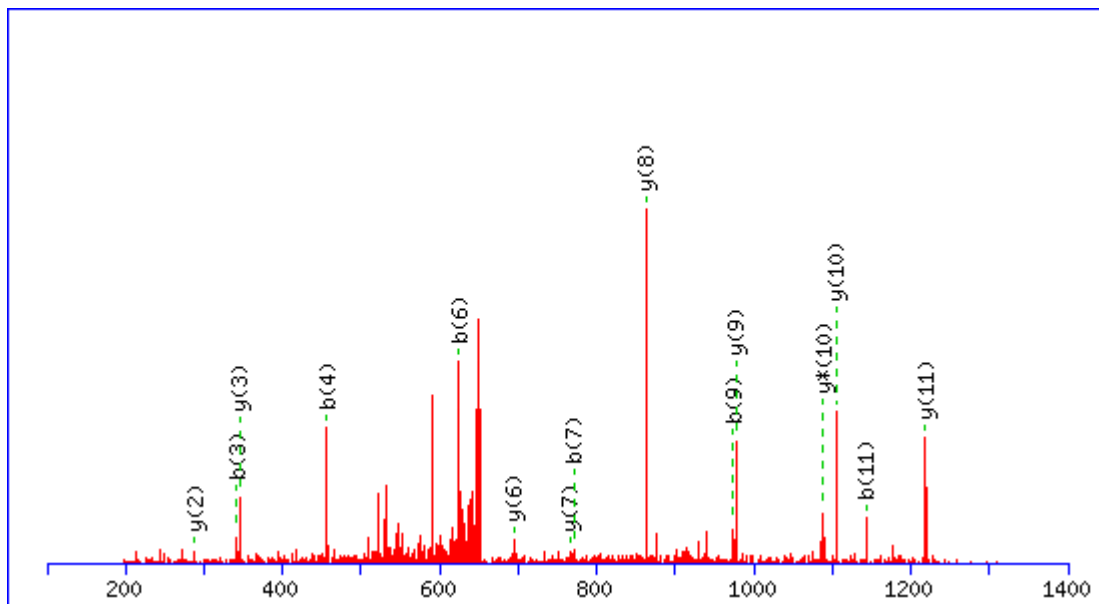
MS/MS Fragmentation of **AIQDPAFSDGIR**

Found in **IPI00179298.5**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=HUWE1 482 kDa protein

Match to Query 5798: 1317.687568 from(659.851060,2+)

Title: Elution from: 32.32 to 36.16 period: FD070412dMavril01.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 472885.3 FinneganScanNumber: 2132

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril01.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1316.672455

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

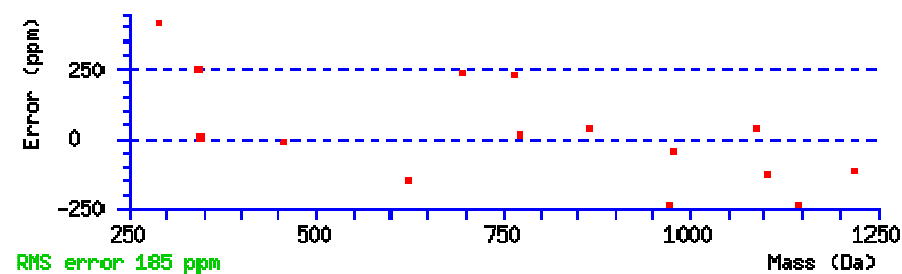
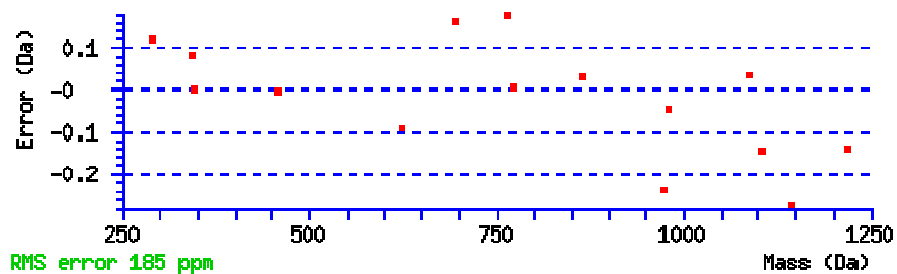
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 41 **Expect:** 0.031

**Matches (Bold Red):** 15/116 fragment ions using 42 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b <sup>*</sup>	b <sup>*++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y <sup>*</sup>	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	100.075686	50.541481					A							12
2	213.159750	107.083513					I	1218.611328	609.809302	1201.584779	601.296028	1200.600763	600.804019	11
3	341.218328	171.112802	324.191779	162.599527			Q	1105.527264	553.267270	1088.500715	544.753996	1087.516699	544.261988	10
4	456.245271	228.626273	439.218722	220.112999	438.234706	219.620991	D	977.468686	489.237981	960.442137	480.724706	959.458121	480.232698	9
5	553.298035	277.152656	536.271486	268.639381	535.287470	268.147373	P	862.441743	431.724509	845.415194	423.211235	844.431178	422.719227	8
6	624.335149	312.671213	607.308600	304.157938	606.324584	303.665930	A	765.388979	383.198127	748.362430	374.684853	747.378414	374.192845	7
7	771.403563	386.205420	754.377014	377.692145	753.392998	377.200137	F	694.351865	347.679571	677.325316	339.166296	676.341300	338.674288	6
8	858.435591	429.721433	841.409042	421.208159	840.425026	420.716151	S	547.283451	274.145364	530.256902	265.632089	529.272886	265.140081	5
9	973.462534	487.234905	956.435985	478.721630	955.451969	478.229622	D	460.251423	230.629349	443.224874	222.116075	442.240858	221.624067	4
10	1030.483998	515.745637	1013.457449	507.232362	1012.473433	506.740354	G	345.224480	173.115878	328.197931	164.602603			3
11	1143.568062	572.287669	1126.541513	563.774395	1125.557497	563.282387	I	288.203016	144.605146	271.176467	136.091871			2
12							R	175.118952	88.063114	158.092403	79.549839			1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
41.2	1316.672455	1.015113	<a href="#">AIQDPAFSDGIR</a>
9.8	1316.694946	0.992622	<a href="#">GTPGGGGPRPPSPR</a>
9.8	1316.672440	1.015128	<a href="#">VLRSDAAWEDK</a>
8.1	1315.677200	2.010368	<a href="#">PLQDQNELFGK</a>
7.6	1315.680557	2.007011	<a href="#">LDQKMQOPEK</a>
7.6	1315.688431	1.999137	<a href="#">DNIPLAAGKFDR</a>
7.4	1316.693573	0.993995	<a href="#">PSSPSSGKGKTEK</a>

6.9	1317.682281	0.005287	<a href="#">NATAAMKNQVAR</a>
6.9	1315.680573	2.006995	<a href="#">LQAAVDGPMDKK</a>
6.5	1317.696198	-0.008630	<a href="#">NADKVLELMNK</a>

---

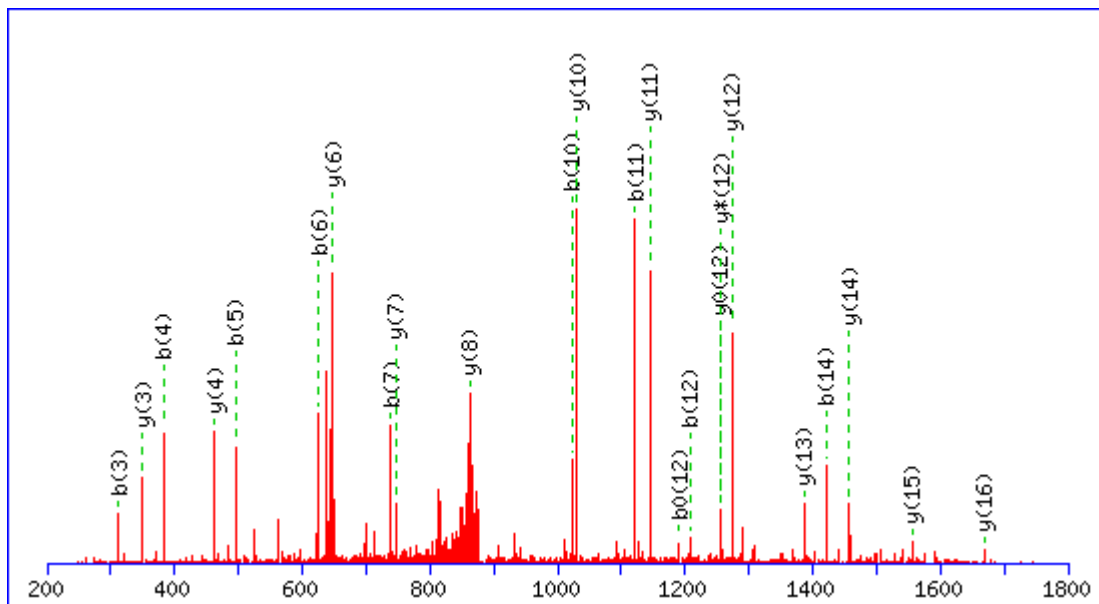
MS/MS Fragmentation of **AIVAIENPADVSVISSR**

Found in **IPI00399036.1**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=hCG\_1984468 hypothetical protein LOC389672

Match to Query 6247: 1767.979438 from(884.996995,2+)

Title: Elution from: 40.89 to 44.76 period: FD070412dMavril07.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 2955000.0 FinneganScanNumber: 3015

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril07.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1767.973038

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

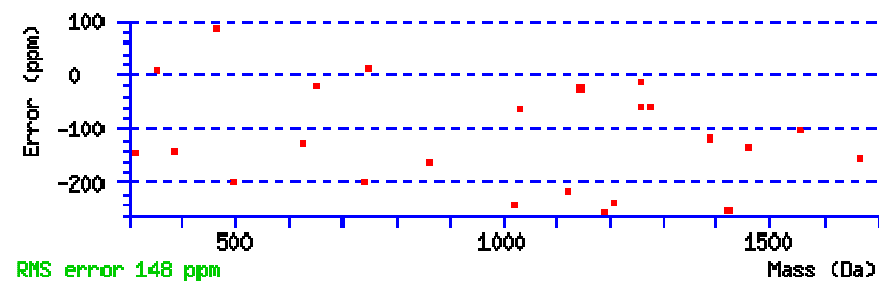
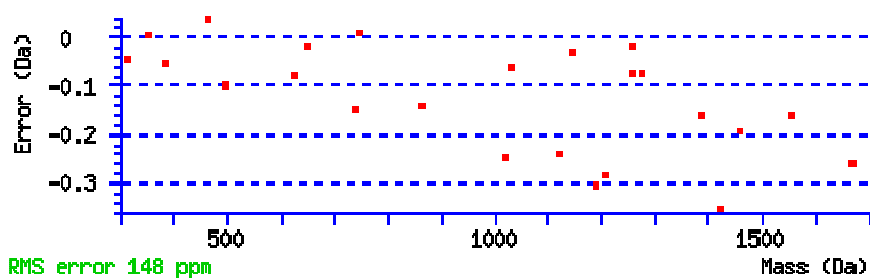
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 100 **Expect:** 3.1e-08

**Matches (Bold Red):** 24/168 fragment ions using 36 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b*	b <sup>*++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y*	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	100.075686	50.541481					A							17
2	213.159750	107.083513					I	1669.911925	835.459601	1652.885376	826.946326	1651.901360	826.454318	16
3	312.228164	156.617720					V	1556.827861	778.917569	1539.801312	770.404294	1538.817296	769.912286	15
4	383.265278	192.136277					A	1457.759447	729.383362	1440.732898	720.870087	1439.748882	720.378079	14
5	496.349342	248.678309					I	1386.722333	693.864805	1369.695784	685.351530	1368.711768	684.859522	13
6	625.391935	313.199606			607.381370	304.194323	E	1273.638269	637.322773	1256.611720	628.809498	1255.627704	628.317490	12
7	739.434862	370.221069	722.408313	361.707795	721.424297	361.215787	N	1144.595676	572.801476	1127.569127	564.288202	1126.585111	563.796194	11
8	836.487626	418.747451	819.461077	410.234177	818.477061	409.742169	P	1030.552749	515.780013	1013.526200	507.266738	1012.542184	506.774730	10
9	907.524740	454.266008	890.498191	445.752734	889.514175	445.260726	A	933.499985	467.253631	916.473436	458.740356	915.489420	458.248348	9
10	1022.551683	511.779480	1005.525134	503.266205	1004.541118	502.774197	D	862.462871	431.735074	845.436322	423.221799	844.452306	422.729791	8
11	1121.620097	561.313687	1104.593548	552.800412	1103.609532	552.308404	V	747.435928	374.221602	730.409379	365.708328	729.425363	365.216320	7
12	1208.652125	604.829701	1191.625576	596.316426	1190.641560	595.824418	S	648.367514	324.687395	631.340965	316.174121	630.356949	315.682113	6
13	1307.720539	654.363908	1290.693990	645.850633	1289.709974	645.358625	V	561.335486	281.171381	544.308937	272.658107	543.324921	272.166099	5
14	1420.804603	710.905940	1403.778054	702.392665	1402.794038	701.900657	I	462.267072	231.637174	445.240523	223.123899	444.256507	222.631891	4
15	1507.836631	754.421954	1490.810082	745.908679	1489.826066	745.416671	S	349.183008	175.095142	332.156459	166.581868	331.172443	166.089860	3
16	1594.868659	797.937968	1577.842110	789.424693	1576.858094	788.932685	S	262.150980	131.579128	245.124431	123.065854	244.140415	122.573846	2
17							R	175.118952	88.063114	158.092403	79.549839			1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
100.2	1767.973038	0.006400	<a href="#">AIVAIENPADVSVISSR</a>
18.6	1767.961792	0.017646	<a href="#">EPQLKPQEITDLSSK</a>

9.2	1767.963104	0.016334	<a href="#">ALEYIENLRQQAHK</a>
7.7	1767.963165	0.016273	<a href="#">FTRKSVVASQSFOAGK</a>
7.1	1766.989914	0.989524	<a href="#">RCAVGPPALVVKMTPK</a>
5.2	1767.973007	0.006431	<a href="#">KILNKIESGELDPER</a>
4.9	1767.973007	0.006431	<a href="#">KILNKIESGELDPER</a>
3.0	1767.961792	0.017646	<a href="#">EPQLKPQEITDLSSK</a>
2.5	1765.964767	2.014671	<a href="#">SFSEMLQNLDKKVK</a>
2.0	1766.965225	1.014213	<a href="#">SSHLTTHKRIHTGHK</a>

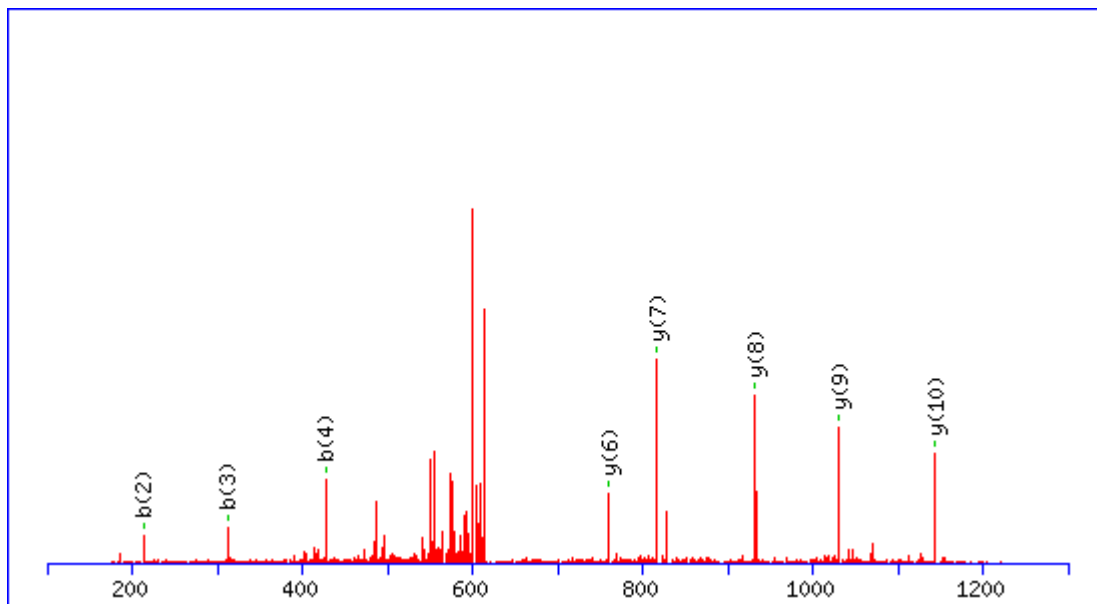
MS/MS Fragmentation of **ALVDGPCTQVR**

Found in **IPI00002821.4**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=RPL14 60S ribosomal protein L14

Match to Query 4218: 1242.639192 from(622.326872,2+)

Title: Elution from: 24.73 to 28.55 period: FD070412dMavril07.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 973270.3 FinneganScanNumber: 1689

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril07.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1242.639069

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

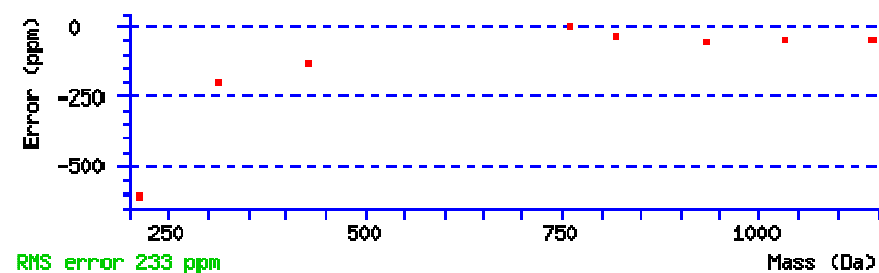
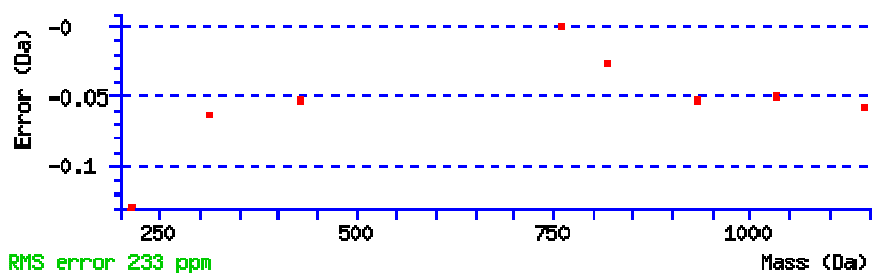
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 38 **Expect:** 0.045

**Matches (Bold Red):** 8/92 fragment ions using 25 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b*	b <sup>*++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y*	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	100.075686	50.541481					A							11
2	<b>213.159750</b>	107.083513					L	<b>1144.577921</b>	572.792599	1127.551372	564.279324	1126.567356	563.787316	10
3	<b>312.228164</b>	156.617720					V	<b>1031.493857</b>	516.250567	1014.467308	507.737292	1013.483292	507.245284	9
4	<b>427.255107</b>	214.131191			409.244542	205.125909	D	<b>932.425443</b>	466.716360	915.398894	458.203085	914.414878	457.711077	8
5	484.276571	242.641923			466.266006	233.636641	G	<b>817.398500</b>	409.202888	800.371951	400.689614	799.387935	400.197606	7
6	581.329335	291.168306			563.318770	282.163023	P	<b>760.377036</b>	380.692156	743.350487	372.178882	742.366471	371.686874	6
7	741.359984	371.183630			723.349419	362.178348	C	663.324272	332.165774	646.297723	323.652500	645.313707	323.160492	5
8	842.407663	421.707470			824.397098	412.702187	T	503.293623	252.150449	486.267074	243.637175	485.283058	243.145167	4
9	970.466241	485.736759	953.439692	477.223484	952.455676	476.731476	Q	402.245944	201.626610	385.219395	193.113335			3
10	1069.534655	535.270966	1052.508106	526.757691	1051.524090	526.265683	V	274.187366	137.597321	257.160817	129.084046			2
11							R	175.118952	88.063114	158.092403	79.549839			1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
37.8	1242.639069	0.000123	<a href="#">ALVDGPCTQVR</a>
11.5	1242.650253	-0.011061	<a href="#">RMDAPASAAVR</a>
7.5	1242.643066	-0.003874	<a href="#">DPLTQMPKWK</a>
5.1	1242.647766	-0.008574	<a href="#">WRLMLMGHR</a>
4.9	1242.639023	0.000169	<a href="#">SPSMESKLHR</a>
4.6	1240.637299	2.001893	<a href="#">MEILNTYLTK</a>
4.3	1240.627426	2.011766	<a href="#">PSKKDGFCK</a>
4.2	1241.636581	1.002611	<a href="#">VCFELYDLK</a>



4.1	1242.627777	0.011415	<a href="#">MEEAKTELHK</a>
3.4	1242.639069	0.000123	<a href="#">VDPGCSTVPRK</a>

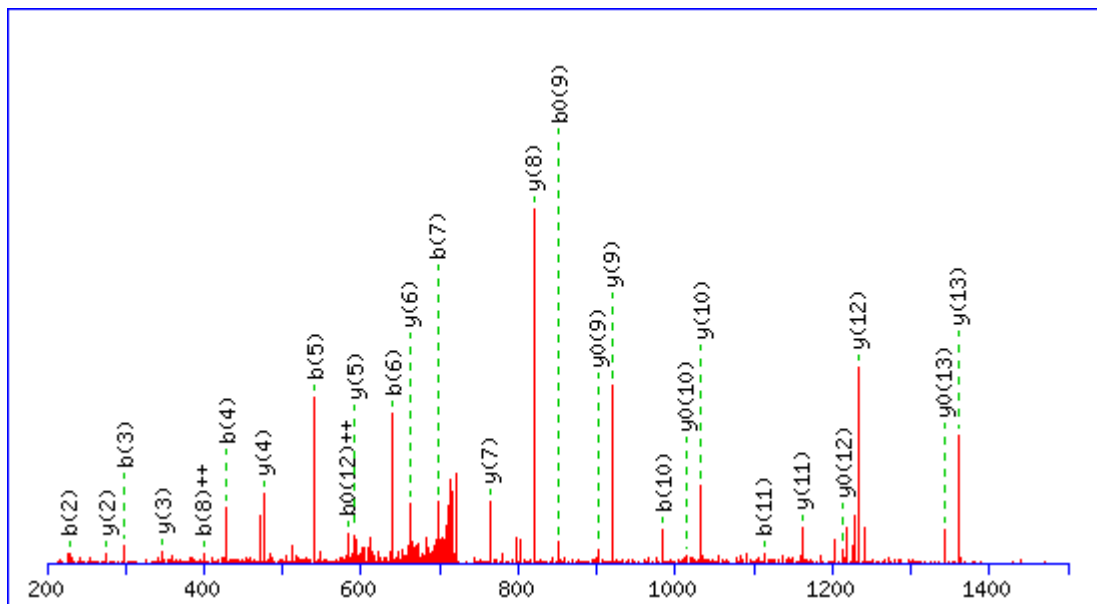
MS/MS Fragmentation of **AQAELVGTADEATR**

Found in **IPI00024920.1**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=ATP5D ATP synthase subunit delta, mitochondrial

Match to Query 5000: 1458.742174 from(730.378363,2+)

Title: Elution from: 24.37 to 28.34 period: FD070412dMavril06.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 407014.8 FinneganScanNumber: 1508

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril06.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1458.731415

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

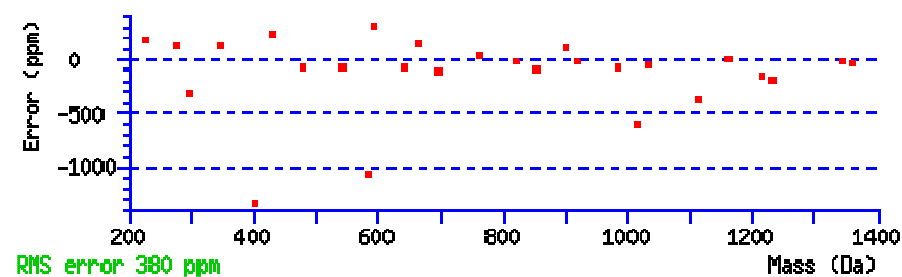
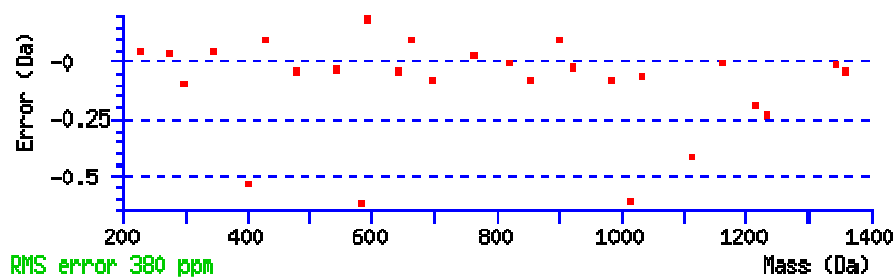
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 85 **Expect:** 1e-06

**Matches (Bold Red):** 27/146 fragment ions using 55 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b*	b <sup>*++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y*	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	100.075686	50.541481					A							14
2	<b>228.134264</b>	114.570770	211.107715	106.057496			Q	<b>1360.670301</b>	680.838789	1343.643752	672.325514	<b>1342.659736</b>	671.833506	13
3	<b>299.171378</b>	150.089327	282.144829	141.576053			A	<b>1232.611723</b>	616.809500	1215.585174	608.296225	<b>1214.601158</b>	607.804217	12
4	<b>428.213971</b>	214.610624	411.187422	206.097349	410.203406	205.605341	E	<b>1161.574609</b>	581.290943	1144.548060	572.777668	1143.564044	572.285660	11
5	<b>541.298035</b>	271.152656	524.271486	262.639381	523.287470	262.147373	L	<b>1032.532016</b>	516.769646	1015.505467	508.256372	<b>1014.521451</b>	507.764364	10
6	<b>640.366449</b>	320.686863	623.339900	312.173588	622.355884	311.681580	V	<b>919.447952</b>	460.227614	902.421403	451.714340	<b>901.437387</b>	451.222332	9
7	<b>697.387913</b>	349.197595	680.361364	340.684320	679.377348	340.192312	G	<b>820.379538</b>	410.693407	803.352989	402.180133	802.368973	401.688125	8
8	798.435592	<b>399.721434</b>	781.409043	391.208160	780.425027	390.716152	T	<b>763.358074</b>	382.182675	746.331525	373.669401	745.347509	373.177393	7
9	869.472706	435.239991	852.446157	426.726717	<b>851.462141</b>	426.234709	A	<b>662.310395</b>	331.658836	645.283846	323.145561	644.299830	322.653553	6
10	<b>984.499649</b>	492.753463	967.473100	484.240188	966.489084	483.748180	D	<b>591.273281</b>	296.140279	574.246732	287.627004	573.262716	287.134996	5
11	<b>1113.542242</b>	557.274759	1096.515693	548.761485	1095.531677	548.269477	E	<b>476.246338</b>	238.626807	459.219789	230.113533	458.235773	229.621525	4
12	1184.579356	592.793316	1167.552807	584.280042	1166.568791	<b>583.788034</b>	A	<b>347.203745</b>	174.105510	330.177196	165.592236	329.193180	165.100228	3
13	1285.627035	643.317156	1268.600486	634.803881	1267.616470	634.311873	T	<b>276.166631</b>	138.586953	259.140082	130.073679	258.156066	129.581671	2
14							R	175.118952	88.063114	158.092403	79.549839			1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
85.0	1458.731415	0.010759	<a href="#">AQAELVGTADEATR</a>
11.9	1458.738831	0.003343	<a href="#">QAVXEVCIDIDVAK</a>
11.9	1458.738831	0.003343	<a href="#">QAVXEVCIDIDVAK</a>
9.9	1458.750046	-0.007872	<a href="#">MKGNTNSAVTPAPK</a>
7.3	1458.750031	-0.007857	<a href="#">SKPDIKMEPSAGR</a>

6.3	1458.746704	-0.004530	<a href="#">KPWTAVDTSVDGR</a>
6.0	1457.726273	1.015901	<a href="#">LLASSPAGEAGSWGR</a>
5.9	1458.746704	-0.004530	<a href="#">KPWTAVDTSVDGR</a>
3.6	1458.728928	0.013246	<a href="#">AAWAIGCGNDLGVK</a>
3.4	1457.747375	0.994799	<a href="#">KVARAEEAGGEEGK</a>

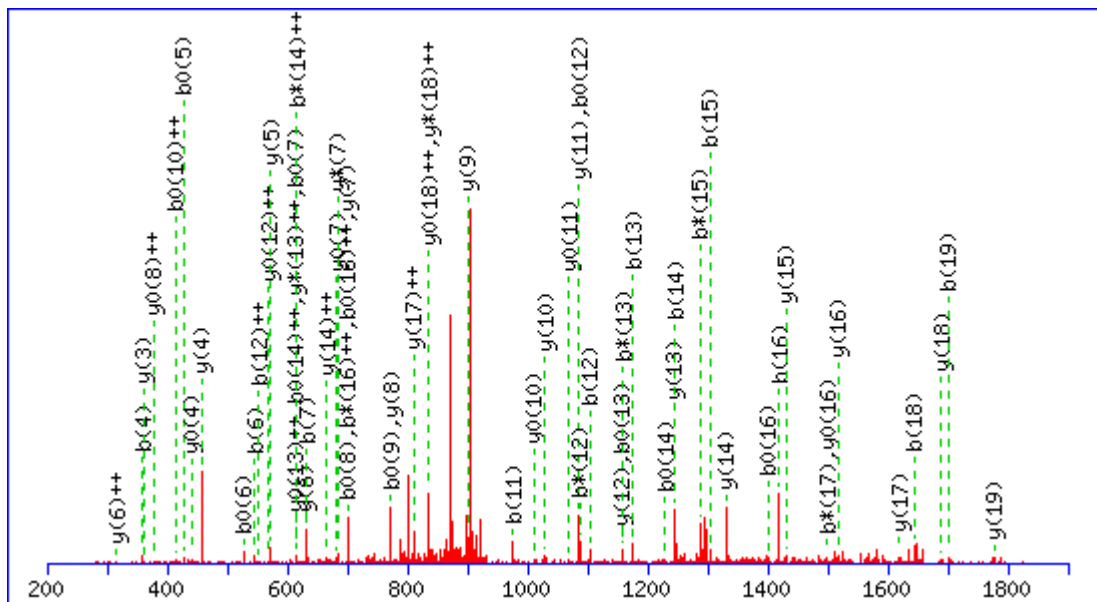
MS/MS Fragmentation of **ASATSVSSAGEQAAGDPEGR**

Found in **IPI00171176.3**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=PANK2 Isoform 1 of Pantothenate kinase 2, mitochondrial

Match to Query 6325: 1874.872346 from(938.443449,2+)

Title: Elution from: 21.31 to 25.23 period: FD070412dMavril05.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 102569.8 FinneganScanNumber: 1276

Data file D:\projectemp\FD080412dM\FD070412dMavril05.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1874.860596

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

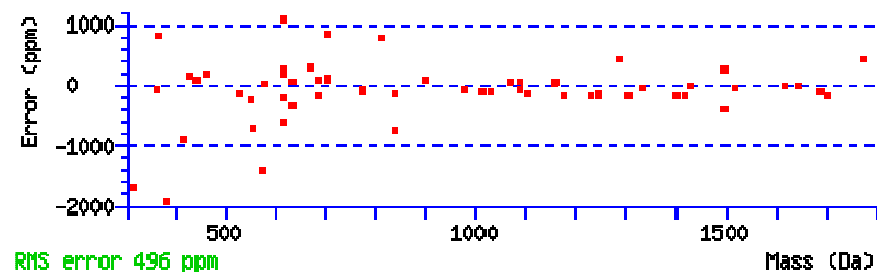
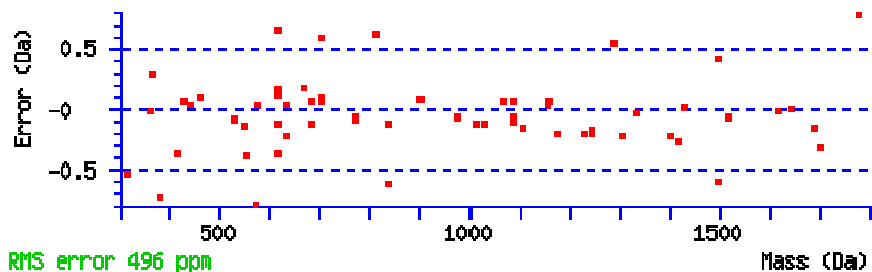
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 72 **Expect:** 1.1e-05

**Matches (Bold Red):** 62/200 fragment ions using 159 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b <sup>*</sup>	b <sup>*++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y <sup>*</sup>	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	100.075686	50.541481					A							20
2	187.107714	94.057495			169.097149	85.052212	S	1776.799476	888.903376	1759.772927	880.390101	1758.788911	879.898093	19
3	258.144828	129.576052			240.134263	120.570769	A	1689.767448	845.387362	1672.740899	836.874087	1671.756883	836.382079	18
4	359.192507	180.099891			341.181942	171.094609	T	1618.730334	809.868805	1601.703785	801.355530	1600.719769	800.863522	17
5	446.224535	223.615905			428.213970	214.610623	S	1517.682655	759.344965	1500.656106	750.831691	1499.672090	750.339683	16
6	545.292949	273.150113			527.282384	264.144830	V	1430.650627	715.828951	1413.624078	707.315677	1412.640062	706.823669	15
7	632.324977	316.666127			614.314412	307.660844	S	1331.582213	666.294744	1314.555664	657.781470	1313.571648	657.289462	14
8	719.357005	360.182141			701.346440	351.176858	S	1244.550185	622.778730	1227.523636	614.265456	1226.539620	613.773448	13
9	790.394119	395.700697			772.383554	386.695415	A	1157.518157	579.262716	1140.491608	570.749442	1139.507592	570.257434	12
10	847.415583	424.211430			829.405018	415.206147	G	1086.481043	543.744159	1069.454494	535.230885	1068.470478	534.738877	11
11	976.458176	488.732726			958.447611	479.727443	E	1029.459579	515.233427	1012.433030	506.720153	1011.449014	506.228145	10
12	1104.516754	552.762015	1087.490205	544.248741	1086.506189	543.756732	Q	900.416986	450.712131	883.390437	442.198856	882.406421	441.706848	9
13	1175.553868	588.280572	1158.527319	579.767298	1157.543303	579.275289	A	772.358408	386.682842	755.331859	378.169567	754.347843	377.677559	8
14	1246.590982	623.799129	1229.564433	615.285855	1228.580417	614.793846	A	701.321294	351.164285	684.294745	342.651010	683.310729	342.159002	7
15	1303.612446	652.309861	1286.585897	643.796586	1285.601881	643.304578	G	630.284180	315.645728	613.257631	307.132453	612.273615	306.640445	6
16	1418.639389	709.823332	1401.612840	701.310058	1400.628824	700.818050	D	573.262716	287.134996	556.236167	278.621721	555.252151	278.129713	5
17	1515.692153	758.349715	1498.665604	749.836440	1497.681588	749.344432	P	458.235773	229.621524	441.209224	221.108250	440.225208	220.616242	4
18	1644.734746	822.871011	1627.708197	814.357736	1626.724181	813.865728	E	361.183009	181.095142	344.156460	172.581868	343.172444	172.089860	3
19	1701.756210	851.381743	1684.729661	842.868468	1683.745645	842.376460	G	232.140416	116.573846	215.113867	108.060571			2
20							R	175.118952	88.063114	158.092403	79.549839			1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
72.0	1874.860596	0.011750	<a href="#">ASATSVSSAGEQAAGDPEGR</a>
5.5	1874.867996	0.004350	<a href="#">XEDGQVNISIGEMVPSR</a>
3.3	1873.869385	1.002961	<a href="#">ADHSFSDGVPSDSVEAAK</a>
1.4	1872.881363	1.990983	<a href="#">VQDLSAGGQGSILTDSGPER</a>

0.8	1873.883987	0.988359	<a href="#">XEDGQVNISIGEMVPSR</a>
-----	-------------	----------	-----------------------------------

---

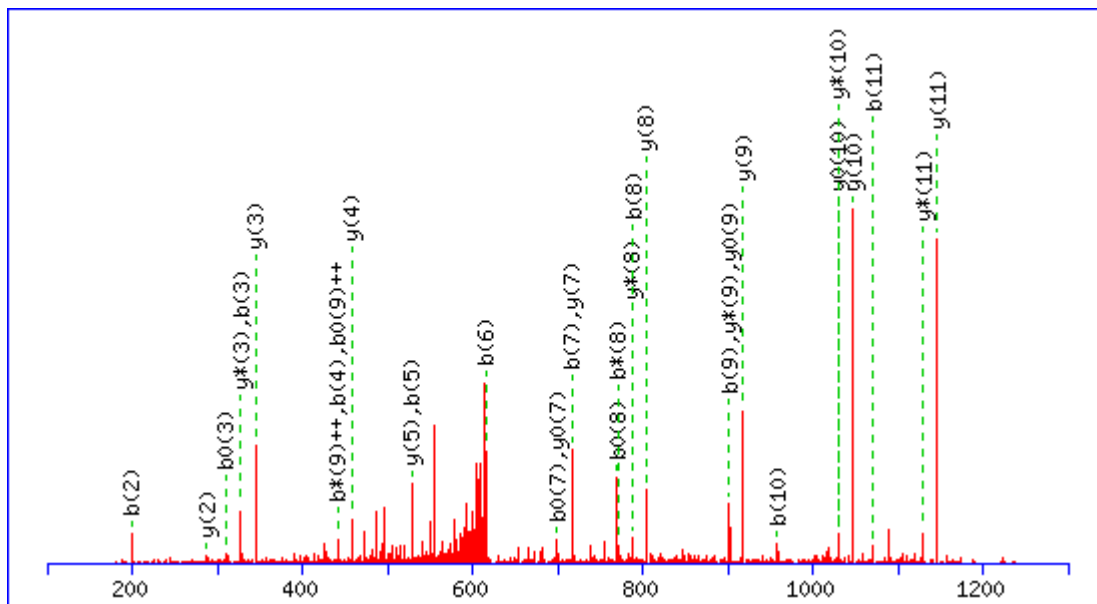
MS/MS Fragmentation of **AVENSSTAIGIR**

Found in **IPI00171199.5**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=PSMA3 Isoform 2 of Proteasome subunit alpha type-3

Match to Query 4220: 1244.672278 from(623.343415,2+)

Title: Elution from: 23.99 to 27.88 period: FD070412dMavril07.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 3532137.7 FinneganScanNumber: 1631

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril07.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1244.672440

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

**Variable modifications:**

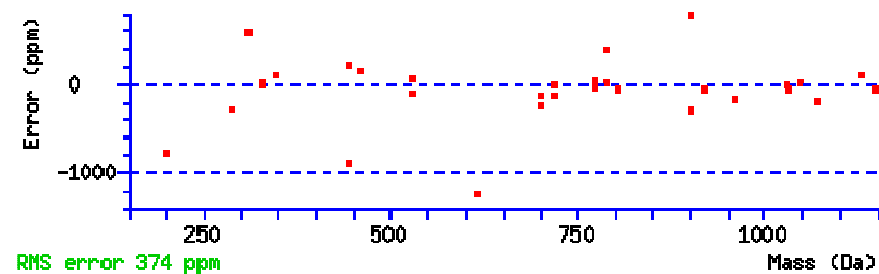
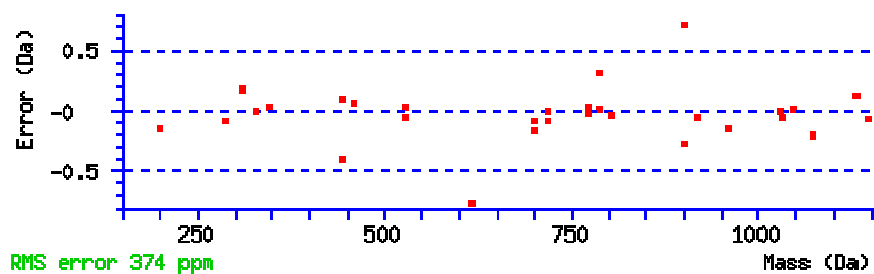
**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 68 **Expect:** 7.2e-05

**Matches (Bold Red):** 33/112 fragment ions using 50 most intense peaks



#	b	b <sup>++</sup>	b <sup>*</sup>	b <sup>*++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y <sup>*</sup>	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	100.075686	50.541481					A							12
2	<b>199.144100</b>	100.075688					V	<b>1146.611327</b>	573.809302	<b>1129.584778</b>	565.296027	1128.600762	564.804019	11
3	<b>328.186693</b>	164.596984			<b>310.176128</b>	155.591702	E	<b>1047.542913</b>	524.275095	<b>1030.516364</b>	515.761820	<b>1029.532348</b>	515.269812	10
4	<b>442.229620</b>	221.618448	425.203071	213.105174	424.219055	212.613166	N	<b>918.500320</b>	459.753798	<b>901.473771</b>	451.240524	<b>900.489755</b>	450.748516	9
5	<b>529.261648</b>	265.134462	512.235099	256.621188	511.251083	256.129180	S	<b>804.457393</b>	402.732335	<b>787.430844</b>	394.219060	786.446828	393.727052	8
6	<b>616.293676</b>	308.650476	599.267127	300.137202	598.283111	299.645194	S	<b>717.425365</b>	359.216321	700.398816	350.703046	<b>699.414800</b>	350.211038	7
7	<b>717.341355</b>	359.174316	700.314806	350.661041	<b>699.330790</b>	350.169033	T	630.393337	315.700307	613.366788	307.187032	612.382772	306.695024	6
8	<b>788.378469</b>	394.692873	<b>771.351920</b>	386.179598	<b>770.367904</b>	385.687590	A	<b>529.345658</b>	265.176467	512.319109	256.663193			5
9	<b>901.462533</b>	451.234905	884.435984	<b>442.721630</b>	883.451968	<b>442.229622</b>	I	<b>458.308544</b>	229.657910	441.281995	221.144635			4
10	<b>958.483997</b>	479.745637	941.457448	471.232362	940.473432	470.740354	G	<b>345.224480</b>	173.115878	<b>328.197931</b>	164.602603			3
11	<b>1071.568061</b>	536.287669	1054.541512	527.774394	1053.557496	527.282386	I	<b>288.203016</b>	144.605146	271.176467	136.091871			2
12							R	175.118952	88.063114	158.092403	79.549839			1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
67.7	1244.672440	-0.000162	<a href="#">AVENSSTAIGIR</a>
20.9	1244.672470	-0.000192	<a href="#">VVEATNSVTAVR</a>
17.8	1242.660812	2.011466	<a href="#">PVENDISKWK</a>
17.8	1242.660812	2.011466	<a href="#">PVENDISKWK</a>
13.2	1244.672440	-0.000162	<a href="#">KDSALGLGIR</a>
12.9	1244.665909	0.006369	<a href="#">VAEATRMLNGR</a>
9.6	1244.661224	0.011054	<a href="#">VVSQDEIVSAAK</a>

8.5	1244.672470	-0.000192	<a href="#">VVSELLQGGTSR</a>
7.7	1244.673767	-0.001489	<a href="#">AWRSNXSRQK</a>
6.8	1243.681213	0.991065	<a href="#">WLEEVSQVAK</a>

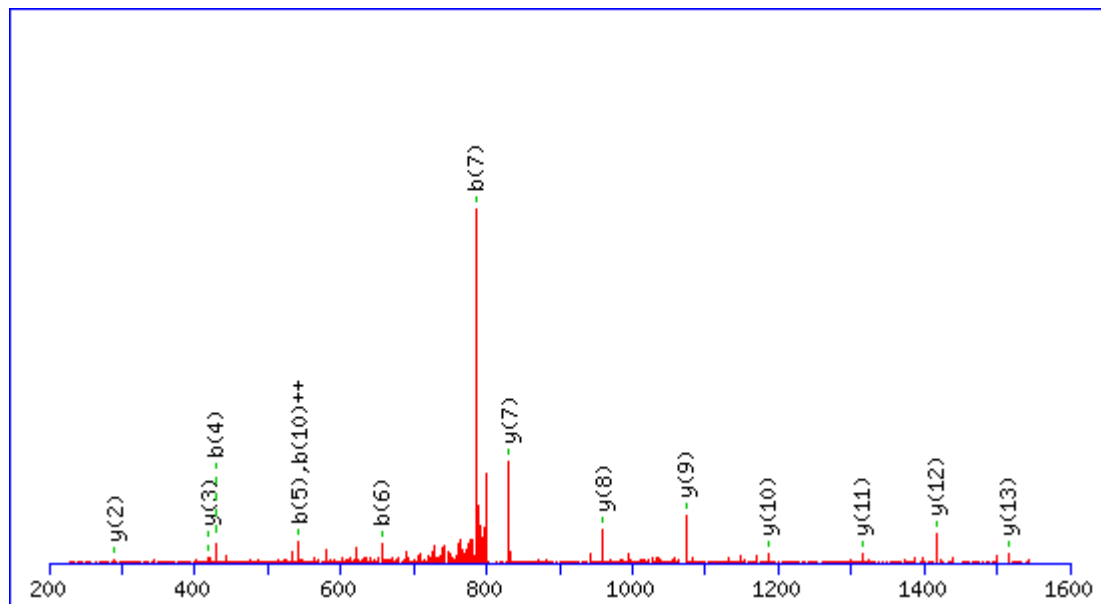
MS/MS Fragmentation of **AVTELNEPLSNEDR**

Found in **IPI00216319.3**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=YWHAH 14-3-3 protein eta

Match to Query 5247: 1613.792108 from(807.903330,2+)

Title: Elution from: 28.92 to 32.85 period: FD070412dMavril07.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 933657.8 FinneganScanNumber: 2037

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril07.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1613.789642

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

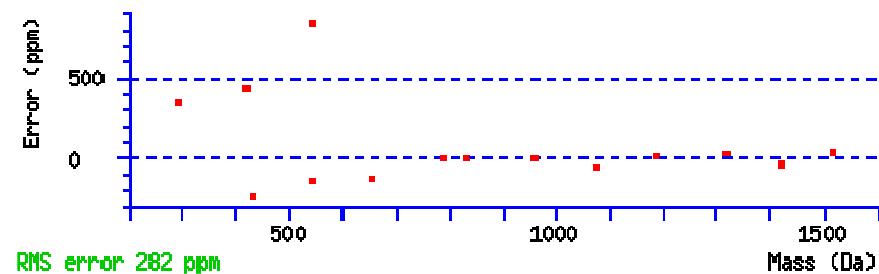
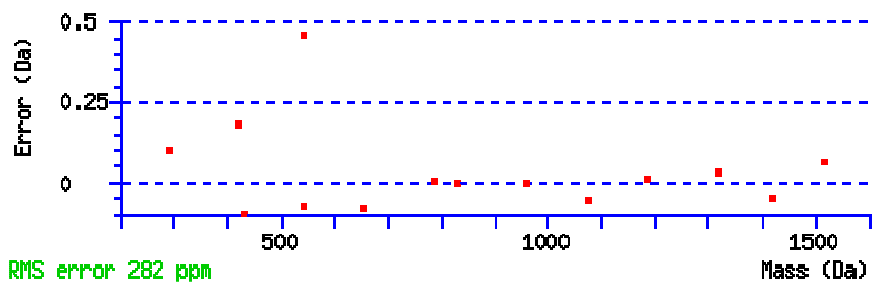
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 88 **Expect:** 4.6e-07

**Matches (Bold Red):** 14/140 fragment ions using 18 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b*	b <sup>*++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y*	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	100.075686	50.541481					A							14
2	199.144100	100.075688					V	1515.728541	758.367909	1498.701992	749.854634	1497.717976	749.362626	13
3	300.191779	150.599527			282.181214	141.594245	T	1416.660127	708.833702	1399.633578	700.320427	1398.649562	699.828419	12
4	429.234372	215.120824			411.223807	206.115542	E	1315.612448	658.309862	1298.585899	649.796588	1297.601883	649.304580	11
5	542.318436	271.662856			524.307871	262.657574	L	1186.569855	593.788566	1169.543306	585.275291	1168.559290	584.783283	10
6	656.361363	328.684320	639.334814	320.171045	638.350798	319.679037	N	1073.485791	537.246534	1056.459242	528.733259	1055.475226	528.241251	9
7	785.403956	393.205616	768.377407	384.692341	767.393391	384.200333	E	959.442864	480.225070	942.416315	471.711796	941.432299	471.219788	8
8	882.456720	441.731998	865.430171	433.218724	864.446155	432.726716	P	830.400271	415.703774	813.373722	407.190499	812.389706	406.698491	7
9	995.540784	498.274030	978.514235	489.760756	977.530219	489.268748	L	733.347507	367.177392	716.320958	358.664117	715.336942	358.172109	6
10	1082.572812	541.790044	1065.546263	533.276770	1064.562247	532.784762	S	620.263443	310.635360	603.236894	302.122085	602.252878	301.630077	5
11	1196.615739	598.811508	1179.589190	590.298233	1178.605174	589.806225	N	533.231415	267.119346	516.204866	258.606071	515.220850	258.114063	4
12	1325.658332	663.332804	1308.631783	654.819530	1307.647767	654.327522	E	419.188488	210.097882	402.161939	201.584608	401.177923	201.092600	3
13	1440.685275	720.846276	1423.658726	712.333001	1422.674710	711.840993	D	290.145895	145.576585	273.119346	137.063311	272.135330	136.571303	2
14							R	175.118952	88.063114	158.092403	79.549839			1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
87.7	1613.789642	0.002466	<a href="#">AVTELNEPLSNEDR</a>
20.7	1613.800919	-0.008811	<a href="#">VVTQNSSSGNVTHEK</a>
8.5	1613.783127	0.008981	<a href="#">NHSMGHISKSSDK</a>
7.6	1613.804901	-0.012793	<a href="#">AGSGQLHYSIPEEAK</a>
5.3	1613.797043	-0.004935	<a href="#">KEADPEDGKPVMDK</a>

3.3	1611.792648	1.999460	<a href="#">GNKELVSGGSCYTK</a>
3.1	1613.776642	0.015466	<a href="#">TCHDMVSPAGTRVR</a>
1.6	1613.779312	0.012796	<a href="#">QLFKGTVEQMSQM</a>
1.6	1613.789627	0.002481	<a href="#">VQALEEANNDLENK</a>
1.4	1612.792572	0.999536	<a href="#">LHMPMNRNRRDK</a>

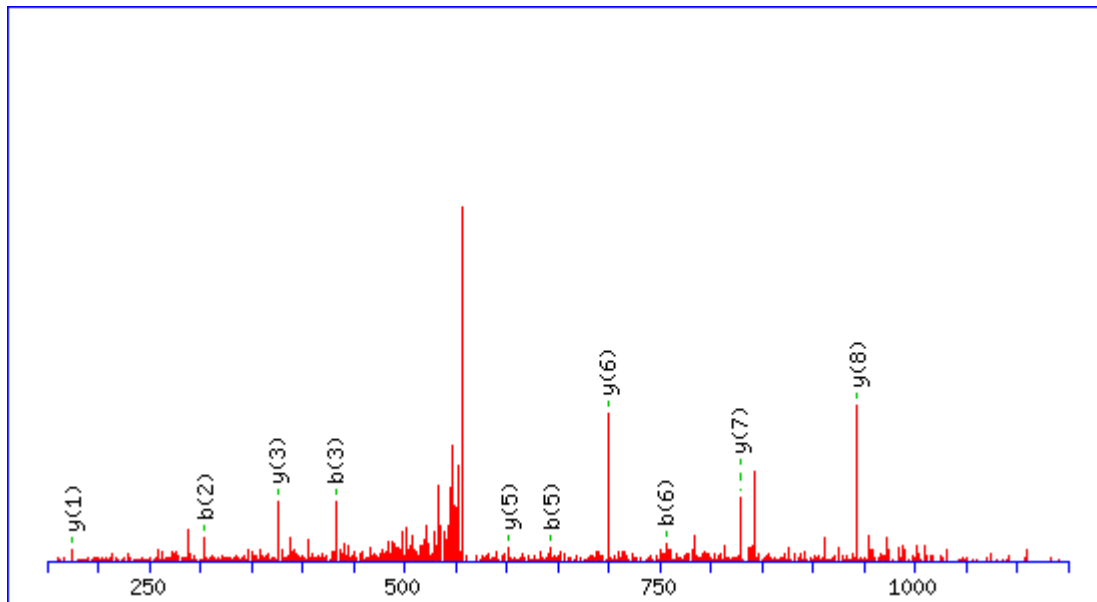
MS/MS Fragmentation of **CDEPILSNR**

Found in **IPI00219446.5**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=PEBP1 Phosphatidylethanolamine-binding protein 1

Match to Query 4005: 1130.540558 from(566.277555,2+)

Title: Elution from: 23.62 to 27.54 period: FD070412dMavril06.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 388387.9 FinneganScanNumber: 1455

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril06.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1130.538986

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

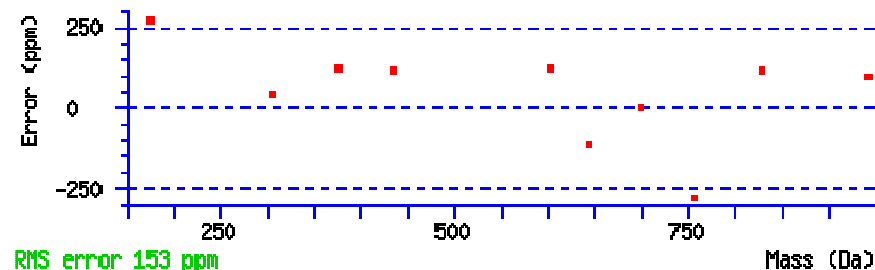
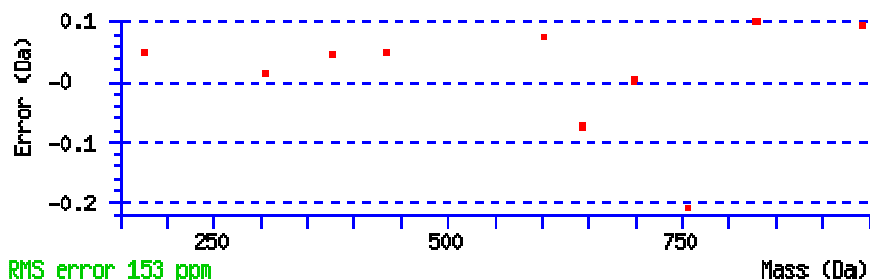
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 36 **Expect:** 0.04

**Matches (Bold Red):** 10/76 fragment ions using 26 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b <sup>*</sup>	b <sup>*++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y <sup>*</sup>	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	189.069221	95.038248					C							9
2	<b>304.096164</b>	152.551720			286.085599	143.546437	D	<b>943.484335</b>	472.245806	926.457786	463.732531	925.473770	463.240523	8
3	<b>433.138757</b>	217.073016			415.128192	208.067734	E	<b>828.457392</b>	414.732334	811.430843	406.219060	810.446827	405.727052	7
4	530.191521	265.599399			512.180956	256.594116	P	<b>699.414799</b>	350.211038	682.388250	341.697763	681.404234	341.205755	6
5	<b>643.275585</b>	322.141431			625.265020	313.136148	I	<b>602.362035</b>	301.684656	585.335486	293.171381	584.351470	292.679373	5
6	<b>756.359649</b>	378.683463			738.349084	369.678180	L	489.277971	245.142623	472.251422	236.629349	471.267406	236.137341	4
7	843.391677	422.199477			825.381112	413.194194	S	<b>376.193907</b>	188.600591	359.167358	180.087317	358.183342	179.595309	3
8	957.434604	479.220940	940.408055	470.707666	939.424039	470.215658	N	289.161879	145.084577	272.135330	136.571303			2
9							R	<b>175.118952</b>	88.063114	158.092403	79.549840			1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
35.8	1130.538986	0.001572	<a href="#">CDEPILSNR</a>
12.2	1128.541077	1.999481	<a href="#">ASDNEEAPLR</a>
11.4	1129.543716	0.996842	<a href="#">EKMHEQEK</a>
10.0	1130.543030	-0.002472	<a href="#">ISMTEFTEK</a>
9.4	1128.534592	2.005966	<a href="#">SVDECKVHR</a>
9.4	1128.523346	2.017212	<a href="#">SVDECNLHK</a>
9.2	1130.546875	-0.006317	<a href="#">EVFHAGTSQR</a>
9.2	1128.529877	2.010681	<a href="#">EGPGDPSSDLK</a>
8.8	1130.538971	0.001587	<a href="#">EAGKCPEER</a>
8.8	1128.531189	2.009369	<a href="#">GEAPWREER</a>





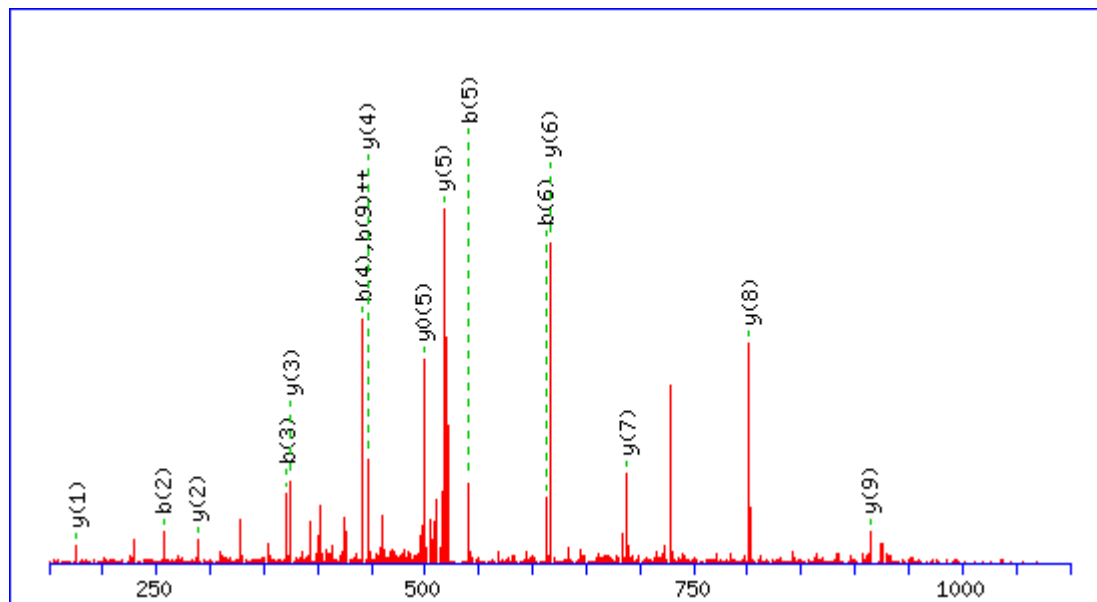
MS/MS Fragmentation of **DINAVAASLR**

Found in **IPI00180128.4**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=BZW1 Isoform 2 of Basic leucine zipper and W2 domain-containing protein 1

Match to Query 3543: 1056.595132 from(529.304842,2+)

Title: Elution from: 36.74 to 40.54 period: FD070412dMavril05.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 2379784.9 FinneganScanNumber: 2468

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril05.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1056.592728

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

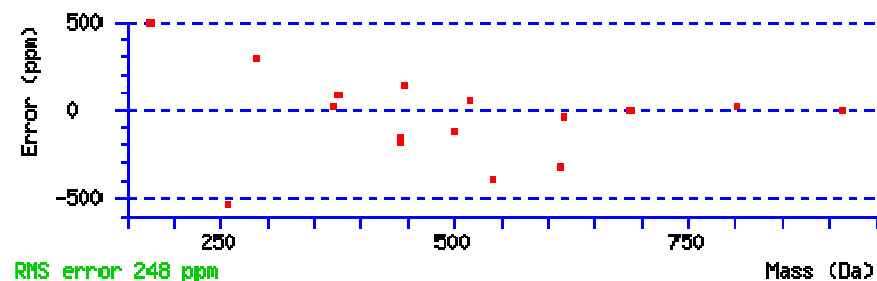
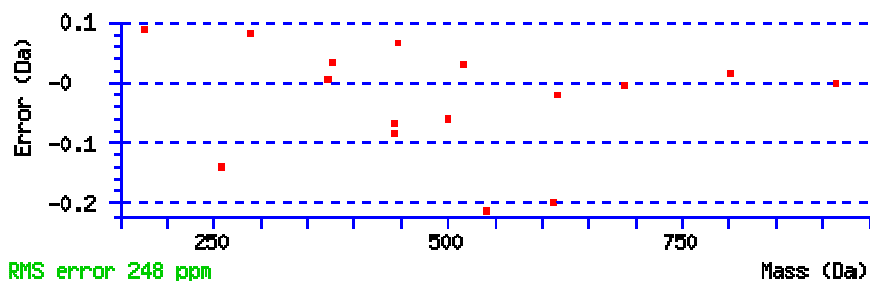
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 64 **Expect:** 0.00011

**Matches (Bold Red):** 16/100 fragment ions using 55 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b <sup>*</sup>	b <sup>*++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y <sup>*</sup>	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	144.065515	72.536395			126.054950	63.531113	D							10
2	<b>257.149579</b>	129.078427			239.139014	120.073145	I	<b>914.541791</b>	457.774534	897.515242	449.261259	896.531226	448.769251	9
3	<b>371.192506</b>	186.099891	354.165957	177.586616	353.181941	177.094608	N	<b>801.457727</b>	401.232502	784.431178	392.719227	783.447162	392.227219	8
4	<b>442.229620</b>	221.618448	425.203071	213.105174	424.219055	212.613166	A	<b>687.414800</b>	344.211038	670.388251	335.697764	669.404235	335.205756	7
5	<b>541.298034</b>	271.152655	524.271485	262.639381	523.287469	262.147373	V	<b>616.377686</b>	308.692481	599.351137	300.179206	598.367121	299.687198	6
6	<b>612.335148</b>	306.671212	595.308599	298.157938	594.324583	297.665930	A	<b>517.309272</b>	259.158274	500.282723	250.644999	<b>499.298707</b>	250.152991	5
7	683.372262	342.189769	666.345713	333.676494	665.361697	333.184486	A	<b>446.272158</b>	223.639717	429.245609	215.126442	428.261593	214.634434	4
8	770.404290	385.705783	753.377741	377.192508	752.393725	376.700500	S	<b>375.235044</b>	188.121160	358.208495	179.607885	357.224479	179.115877	3
9	883.488354	<b>442.247815</b>	866.461805	433.734540	865.477789	433.242532	L	<b>288.203016</b>	144.605146	271.176467	136.091871			2
10							R	<b>175.118952</b>	88.063114	158.092403	79.549839			1



#### All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
64.3	1056.592728	0.002404	<a href="#">DINAVAASLR</a>
16.0	1056.600113	-0.004981	<a href="#">LEMPASLR</a>
15.5	1056.603958	-0.008826	<a href="#">QREVADKR</a>
14.4	1055.594772	1.000360	<a href="#">LAANARERR</a>
13.9	1056.592712	0.002420	<a href="#">KADAAANQGK</a>
13.3	1056.600128	-0.004996	<a href="#">SMKSPPAGVK</a>
12.2	1056.603958	-0.008826	<a href="#">DARGALSALR</a>
11.7	1056.600128	-0.004996	<a href="#">SMKSPPAGVK</a>
10.8	1055.586243	1.008889	<a href="#">ESIPLNDLK</a>



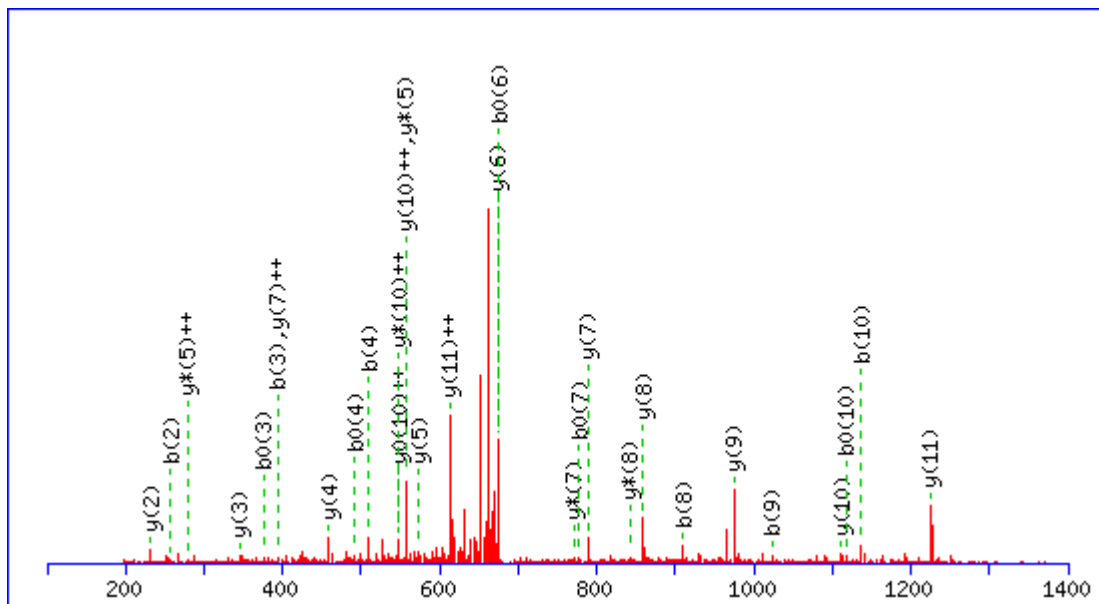
MS/MS Fragmentation of **DLHDANTDLIGR**

Found in **IPI00024650.1**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=SLC16A1 Monocarboxylate transporter 1

Match to Query 4511: 1366.685866 from(684.350209,2+)

Title: Elution from: 28.41 to 32.31 period: FD070412dMavril07.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 1058476.6 FinneganScanNumber: 1995

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril07.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1366.684082

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

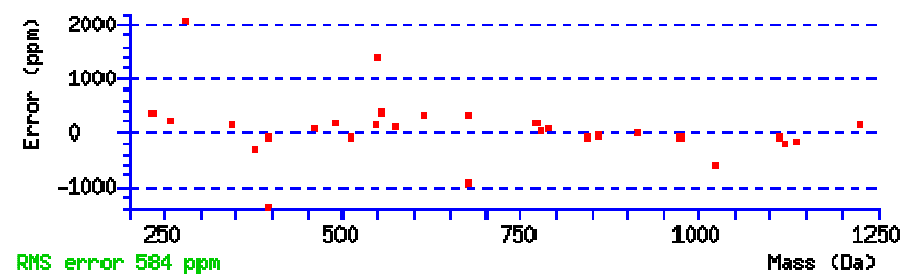
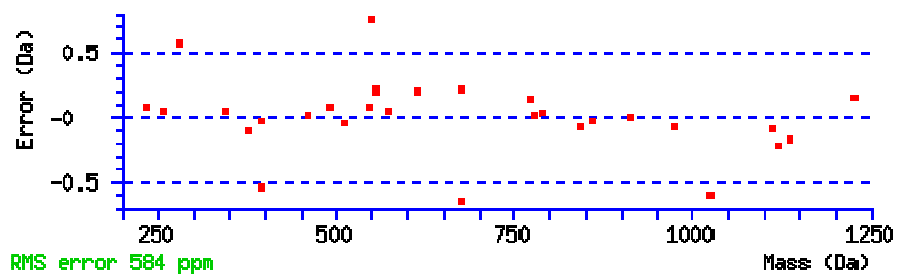
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 44 **Expect:** 0.012

**Matches (Bold Red):** 30/114 fragment ions using 88 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b*	b <sup>*++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y*	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	144.065515	72.536395			126.054950	63.531113	D							12
2	<b>257.149579</b>	129.078427			239.139014	120.073145	L	<b>1224.633126</b>	<b>612.820201</b>	1207.606577	604.306926	1206.622561	603.814918	11
3	<b>394.208491</b>	197.607883			<b>376.197926</b>	188.602601	H	<b>1111.549062</b>	<b>556.278169</b>	1094.522513	<b>547.764894</b>	1093.538497	<b>547.272886</b>	10
4	<b>509.235434</b>	255.121355			<b>491.224869</b>	246.116073	D	<b>974.490150</b>	487.748713	957.463601	479.235438	956.479585	478.743430	9
5	580.272548	290.639912			562.261983	281.634630	A	<b>859.463207</b>	430.235241	<b>842.436658</b>	421.721967	841.452642	421.229959	8
6	694.315475	347.661376	677.288926	339.148101	<b>676.304910</b>	338.656093	N	<b>788.426093</b>	<b>394.716684</b>	<b>771.399544</b>	386.203410	770.415528	385.711402	7
7	795.363154	398.185215	778.336605	389.671941	<b>777.352589</b>	389.179933	T	<b>674.383166</b>	337.695221	657.356617	329.181946	656.372601	328.689938	6
8	<b>910.390097</b>	455.698687	893.363548	447.185412	892.379532	446.693404	D	<b>573.335487</b>	287.171381	<b>556.308938</b>	<b>278.658107</b>	555.324922	278.166099	5
9	<b>1023.474161</b>	512.240718	1006.447612	503.727444	1005.463596	503.235436	L	<b>458.308544</b>	229.657910	441.281995	221.144635			4
10	<b>1136.558225</b>	568.782751	1119.531676	560.269476	<b>1118.547660</b>	559.777468	I	<b>345.224480</b>	173.115878	328.197931	164.602603			3
11	1193.579689	597.293482	1176.553140	588.780208	1175.569124	588.288200	G	<b>232.140416</b>	116.573846	215.113867	108.060571			2
12							R	175.118952	88.063114	158.092403	79.549839			1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
43.9	1366.684082	0.001784	<a href="#">DLHDANTDLIGR</a>
7.4	1366.680237	0.005629	<a href="#">NLGMTDAFELGK</a>
6.4	1366.691467	-0.005601	<a href="#">NMLFSGTNIAAGK</a>
6.0	1366.680252	0.005614	<a href="#">LDFSDTMVQOK</a>
1.9	1366.695312	-0.009446	<a href="#">NSEAGGAGPGPGKGR</a>
0.1	1366.680206	0.005660	<a href="#">EKFDNEMKDK</a>

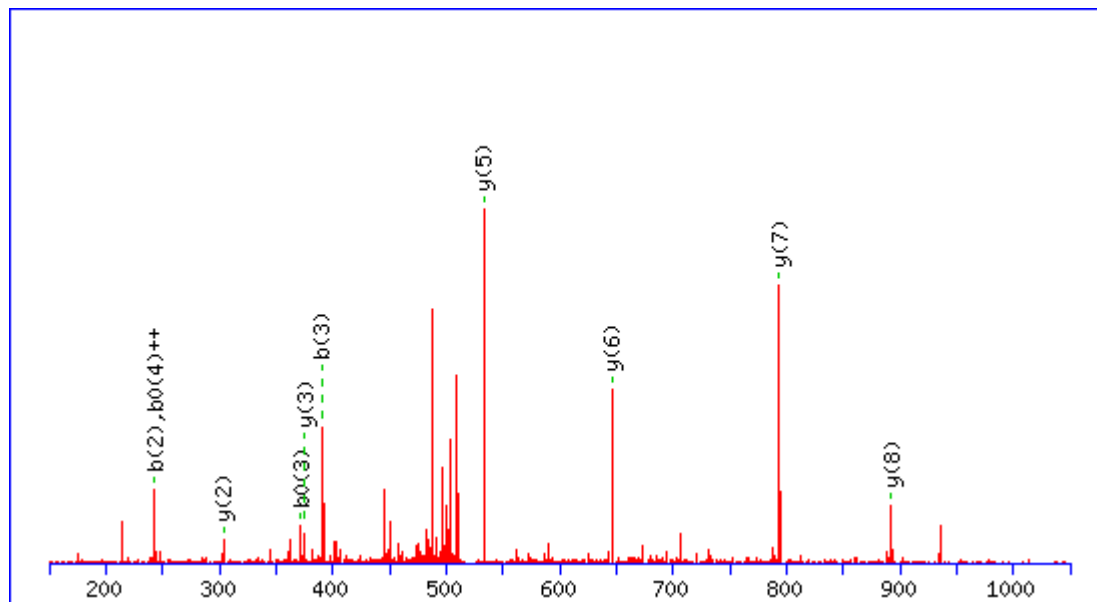
MS/MS Fragmentation of **DVFISAAER**

Found in **IPI0025019.3**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=PSMB1 Proteasome subunit beta type-1

Match to Query 3563: 1035.545448 from(518.780000,2+)

Title: Elution from: 31.73 to 35.57 period: FD070412dMavril06.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 0.0 FinneganScanNumber: 2071

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril06.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1034.539642

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

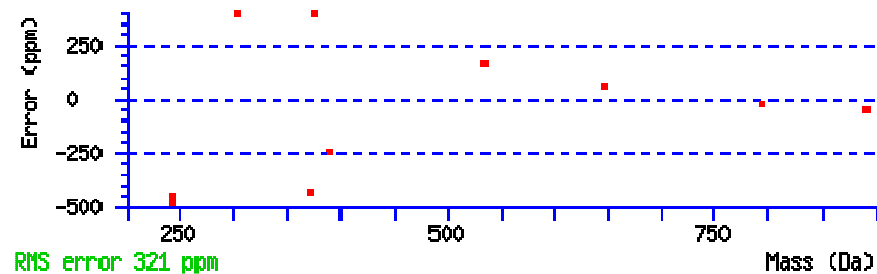
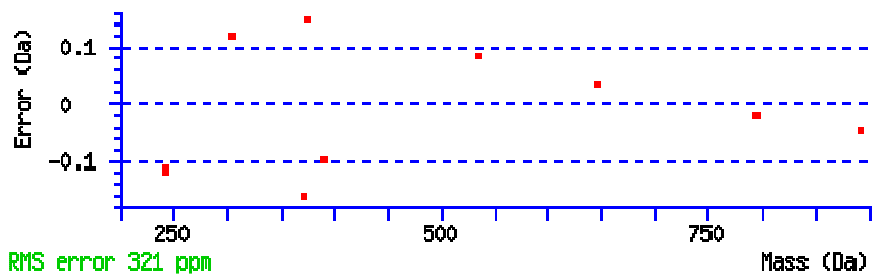
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 40 **Expect:** 0.039

**Matches (Bold Red):** 10/78 fragment ions using 20 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y <sup>*</sup>	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	144.065515	72.536395	126.054950	63.531113	D							9
2	<b>243.133929</b>	122.070602	225.123364	113.065320	V	<b>892.488693</b>	446.747985	875.462144	438.234710	874.478128	437.742702	8
3	<b>390.202343</b>	195.604809	<b>372.191778</b>	186.599527	F	<b>793.420279</b>	397.213778	776.393730	388.700503	775.409714	388.208495	7
4	503.286407	252.146841	485.275842	<b>243.141559</b>	I	<b>646.351865</b>	323.679571	629.325316	315.166296	628.341300	314.674288	6
5	590.318435	295.662856	572.307870	286.657573	S	<b>533.267801</b>	267.137539	516.241252	258.624264	515.257236	258.132256	5
6	661.355549	331.181413	643.344984	322.176130	A	446.235773	223.621524	429.209224	215.108250	428.225208	214.616242	4
7	732.392663	366.699970	714.382098	357.694687	A	<b>375.198659</b>	188.102968	358.172110	179.589693	357.188094	179.097685	3
8	861.435256	431.221266	843.424691	422.215983	E	<b>304.161545</b>	152.584411	287.134996	144.071136	286.150980	143.579128	2
9					R	175.118952	88.063114	158.092403	79.549840			1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
39.5	1034.539642	1.005806	<a href="#">DVFISAAER</a>
21.6	1033.547745	1.997703	<a href="#">NVSKDMEK</a>
18.7	1034.542999	1.002449	<a href="#">MNQLSASLK</a>
13.9	1034.531754	1.013694	<a href="#">LEMLEKEK</a>
13.9	1034.550873	0.994575	<a href="#">NQFLTERK</a>
13.9	1034.531769	1.013679	<a href="#">TLMLNEDK</a>
13.1	1034.550858	0.994590	<a href="#">NFRSQA EK</a>
12.2	1034.539627	1.005821	<a href="#">EIFKDAER</a>
11.4	1034.543015	1.002433	<a href="#">GMGQASLSLK</a>
9.3	1034.543030	1.002418	<a href="#">NVGMTVSQK</a>





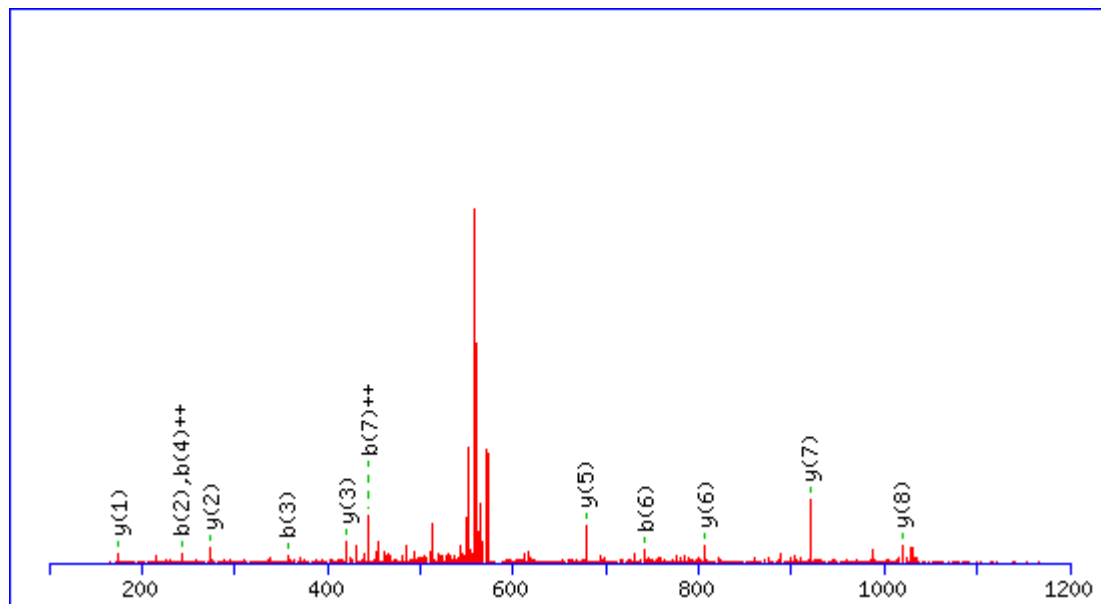
MS/MS Fragmentation of **DVNQEFVR**

Found in **IPI00215780.5**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=RPS19 40S ribosomal protein S19

Match to Query 4091: 1161.581114 from(581.797833,2+)

Title: Elution from: 25.66 to 29.51 period: FD070412dMavril06.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 540998.0 FinneganScanNumber: 1598

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril06.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1161.577835

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

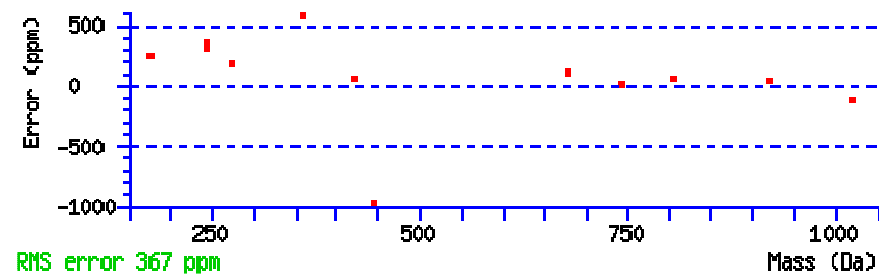
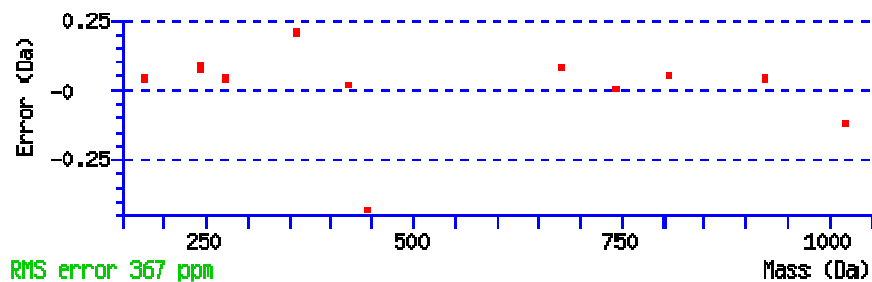
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 57 **Expect:** 0.00061

**Matches (Bold Red):** 12/86 fragment ions using 27 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b <sup>*</sup>	b <sup>*++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y <sup>*</sup>	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	144.065515	72.536395			126.054950	63.531113	D							9
2	<b>243.133929</b>	122.070602			225.123364	113.065320	V	<b>1019.526870</b>	510.267073	1002.500321	501.753799	1001.516305	501.261791	8
3	<b>357.176856</b>	179.092066	340.150307	170.578791	339.166291	170.086783	N	<b>920.458456</b>	460.732866	903.431907	452.219591	902.447891	451.727583	7
4	485.235434	<b>243.121355</b>	468.208885	234.608080	467.224869	234.116073	Q	<b>806.415529</b>	403.711403	789.388980	395.198128	788.404964	394.706120	6
5	613.294012	307.150644	596.267463	298.637370	595.283447	298.145362	Q	<b>678.356951</b>	339.682114	661.330402	331.168839	660.346386	330.676831	5
6	<b>742.336605</b>	371.671941	725.310056	363.158666	724.326040	362.666658	E	550.298373	275.652825	533.271824	267.139550	532.287808	266.647542	4
7	889.405019	<b>445.206148</b>	872.378470	436.692873	871.394454	436.200865	F	<b>421.255780</b>	211.131528	404.229231	202.618253			3
8	988.473433	494.740355	971.446884	486.227080	970.462868	485.735072	V	<b>274.187366</b>	137.597321	257.160817	129.084046			2
9							R	<b>175.118952</b>	88.063114	158.092403	79.549839			1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
57.1	1161.577835	0.003279	<a href="#">DVNQQEFVR</a>
19.5	1160.567307	1.013807	<a href="#">IENSDSLEVR</a>
18.9	1161.581177	-0.000063	<a href="#">NAKDAGEMVR</a>
17.6	1161.592422	-0.011308	<a href="#">SQLSQCKQR</a>
13.5	1161.581192	-0.000078	<a href="#">VTRSNMSPDK</a>
12.4	1161.585220	-0.004106	<a href="#">DVEIQFMR</a>
11.8	1161.592392	-0.011278	<a href="#">MEKNGNRRK</a>
11.5	1161.569916	0.011198	<a href="#">ELNKEMAAEK</a>
11.2	1159.580795	2.000319	<a href="#">VINMSYHPR</a>
10.2	1159.584167	1.996947	<a href="#">LCGPMLAAGAR</a>



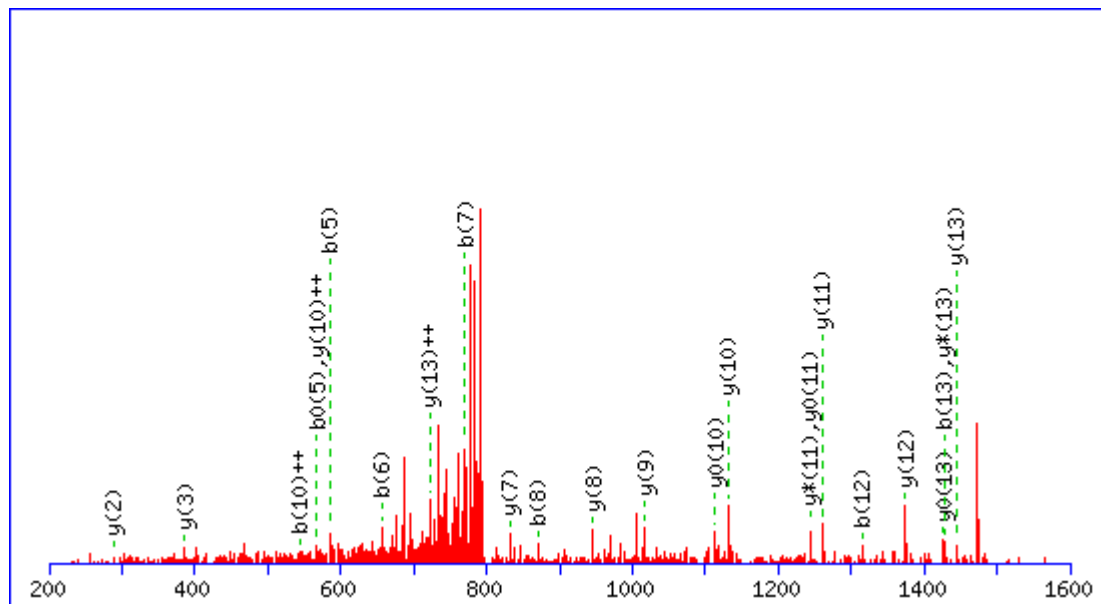
MS/MS Fragmentation of **EALENANTNTEVLK**

Found in **IPI00025974.3**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=CHMP4B Charged multivesicular body protein 4b

Match to Query 5152: 1601.835086 from(801.924819,2+)

Title: Elution from: 26.68 to 30.56 period: FD070412dMavril07.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 95004.4 FinneganScanNumber: 1856

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril07.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1600.830765

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

**Variable modifications:**

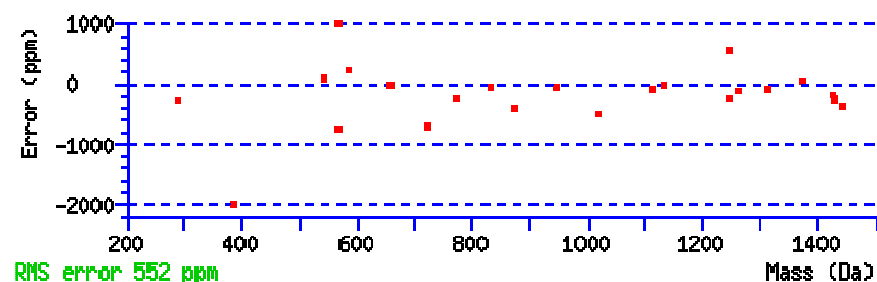
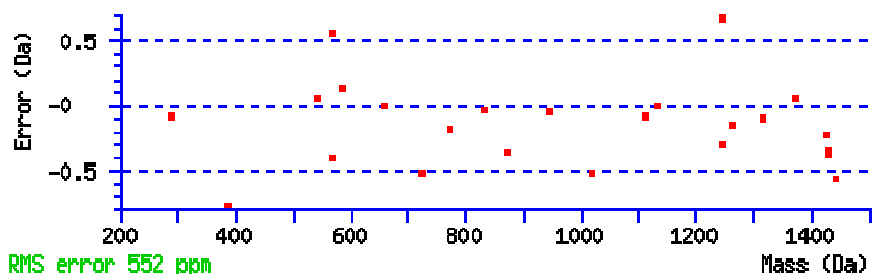
**N-term :** Dimethyl (N-term)

**K14 :** Dimethyl (K)

**Ions Score:** 37 **Expect:** 0.094

**Matches (Bold Red):** 24/142 fragment ions using 76 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b*	b <sup>*++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y*	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	158.081165	79.544220			140.070600	70.538938	E							14
2	229.118279	115.062777			211.107714	106.057495	A	1444.764195	722.885736	1427.737646	714.372461	1426.753630	713.880453	13
3	342.202343	171.604809			324.191778	162.599527	L	1373.727081	687.367179	1356.700532	678.853904	1355.716516	678.361896	12
4	471.244936	236.126106			453.234371	227.120824	E	1260.643017	630.825147	1243.616468	622.311872	1242.632452	621.819864	11
5	585.287863	293.147570	568.261314	284.634295	567.277298	284.142287	N	1131.600424	566.303850	1114.573875	557.790576	1113.589859	557.298567	10
6	656.324977	328.666127	639.298428	320.152852	638.314412	319.660844	A	1017.557497	509.282387	1000.530948	500.769112	999.546932	500.277104	9
7	770.367904	385.687590	753.341355	377.174315	752.357339	376.682307	N	946.520383	473.763830	929.493834	465.250555	928.509818	464.758547	8
8	871.415583	436.211430	854.389034	427.698155	853.405018	427.206147	T	832.477456	416.742366	815.450907	408.229092	814.466891	407.737084	7
9	985.458510	493.232893	968.431961	484.719618	967.447945	484.227610	N	731.429777	366.218527	714.403228	357.705252	713.419212	357.213244	6
10	1086.506189	543.756732	1069.479640	535.243458	1068.495624	534.751450	T	617.386850	309.197063	600.360301	300.683789	599.376285	300.191781	5
11	1215.548782	608.278029	1198.522233	599.764755	1197.538217	599.272747	E	516.339171	258.673224	499.312622	250.159949	498.328606	249.667941	4
12	1314.617196	657.812236	1297.590647	649.298962	1296.606631	648.806954	V	387.296578	194.151927	370.270029	185.638653			3
13	1427.701260	714.354268	1410.674711	705.840994	1409.690695	705.348986	L	288.228164	144.617720	271.201615	136.104445			2
14							K	175.144100	88.075688	158.117551	79.562414			1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
36.6	1600.830765	1.004321	<a href="#">EALENANTNTEVLK</a>
14.2	1600.842041	0.993045	<a href="#">AEISGVQGSETQVLR</a>
9.3	1600.842010	0.993076	<a href="#">EVNKTEKEIVQER</a>
7.3	1600.830765	1.004321	<a href="#">SDGNADISEKKEPK</a>
6.2	1600.817047	1.018039	<a href="#">YCDKEYVSLGALK</a>

5.7	1600.824280	1.010806	<a href="#">TKTPERQMPSGPTK</a>
4.7	1600.843552	0.991534	<a href="#">PEKLKTLFCYFR</a>
4.2	1600.819534	1.015552	<a href="#">EEKPDSKVEEDLK</a>
3.5	1601.833435	0.001651	<a href="#">DIMNVENLADLLVK</a>
2.9	1600.817078	1.018008	<a href="#">PPMEPSQYVSVVPK</a>

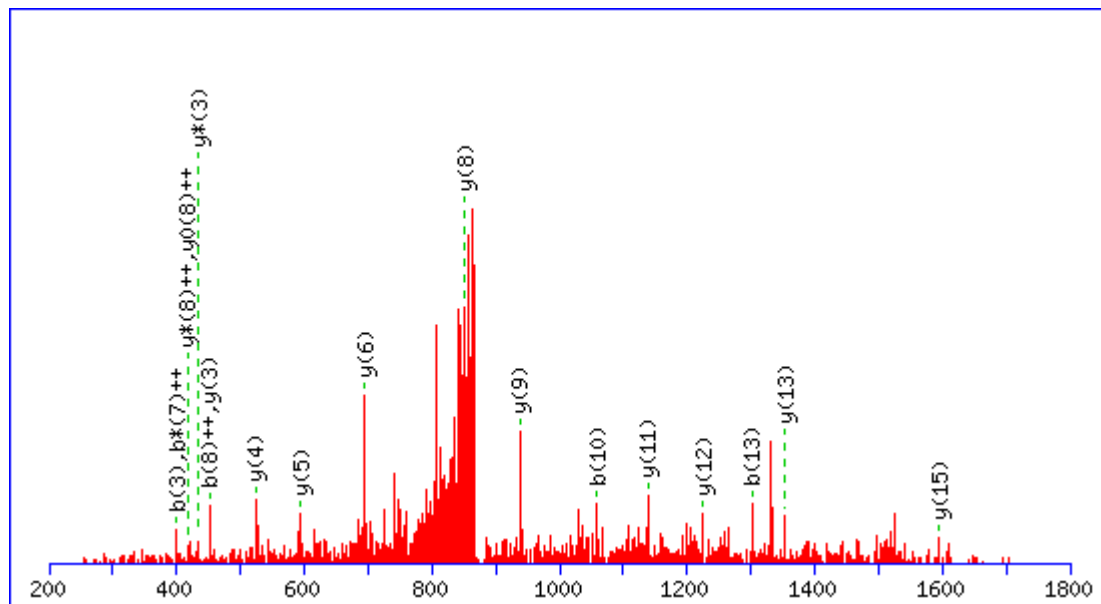
MS/MS Fragmentation of **EIQSSISGVTAAYNR**

Found in **IPI00009342.1**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=IQGAP1 Ras GTPase-activating-like protein IQGAP1

Match to Query 6784: 1751.875328 from(876.944940,2+)

Title: Elution from: 33.94 to 37.82 period: FD070412dMavril02.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 137107.8 FinneganScanNumber: 2324

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril02.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1751.868958

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

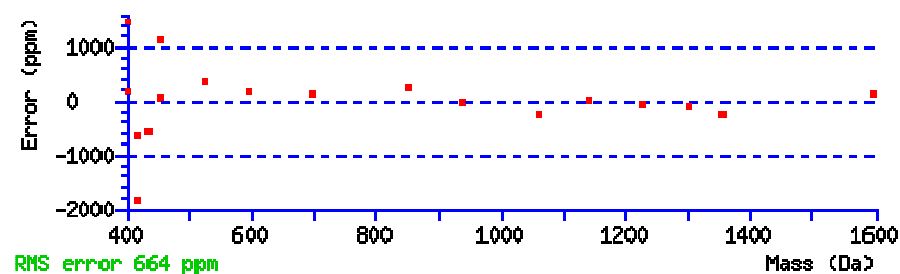
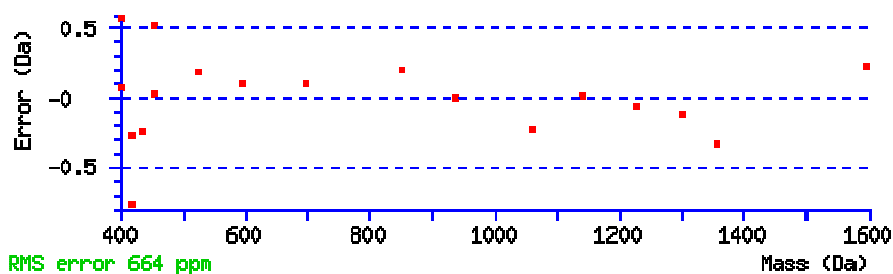
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 61 **Expect:** 0.00031

**Matches (Bold Red):** 18/164 fragment ions using 43 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b*	b <sup>*++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y*	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	158.081165	79.544220			140.070600	70.538938	E							16
2	287.123758	144.065517			269.113193	135.060235	E	1595.802376	798.404826	1578.775827	789.891551	1577.791811	789.399543	15
3	400.207822	200.607549			382.197257	191.602267	I	1466.759783	733.883530	1449.733234	725.370255	1448.749218	724.878247	14
4	528.266400	264.636838	511.239851	256.123564	510.255835	255.631556	Q	1353.675719	677.341498	1336.649170	668.828223	1335.665154	668.336215	13
5	615.298428	308.152852	598.271879	299.639578	597.287863	299.147570	S	1225.617141	613.312208	1208.590592	604.798934	1207.606576	604.306926	12
6	702.330456	351.668866	685.303907	343.155592	684.319891	342.663584	S	1138.585113	569.796194	1121.558564	561.282920	1120.574548	560.790912	11
7	815.414520	408.210898	798.387971	399.697624	797.403955	399.205616	I	1051.553085	526.280181	1034.526536	517.766906	1033.542520	517.274898	10
8	902.446548	451.726912	885.419999	443.213638	884.435983	442.721630	S	938.469021	469.738149	921.442472	461.224874	920.458456	460.732866	9
9	959.468012	480.237644	942.441463	471.724370	941.457447	471.232362	G	851.436993	426.222135	834.410444	417.708860	833.426428	417.216852	8
10	1058.536426	529.771851	1041.509877	521.258577	1040.525861	520.766569	V	794.415529	397.711403	777.388980	389.198128	776.404964	388.706120	7
11	1159.584105	580.295691	1142.557556	571.782416	1141.573540	571.290408	T	695.347115	348.177196	678.320566	339.663921	677.336550	339.171913	6
12	1230.621219	615.814248	1213.594670	607.300973	1212.610654	606.808965	A	594.299436	297.653356	577.272887	289.140082			5
13	1301.658333	651.332805	1284.631784	642.819530	1283.647768	642.327522	A	523.262322	262.134799	506.235773	253.621525			4
14	1464.721662	732.864469	1447.695113	724.351195	1446.711097	723.859187	Y	452.225208	226.616242	435.198659	218.102967			3
15	1578.764589	789.885933	1561.738040	781.372658	1560.754024	780.880650	N	289.161879	145.084577	272.135330	136.571303			2
16							R	175.118952	88.063114	158.092403	79.549839			1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
60.5	1751.868958	0.006370	<a href="#">EEIQSSISGVTAAYNR</a>
6.0	1751.876358	-0.001030	<a href="#">QDKQALEVDFEKMK</a>
3.8	1750.856842	1.018486	<a href="#">IVKKMMDTHGSWMK</a>



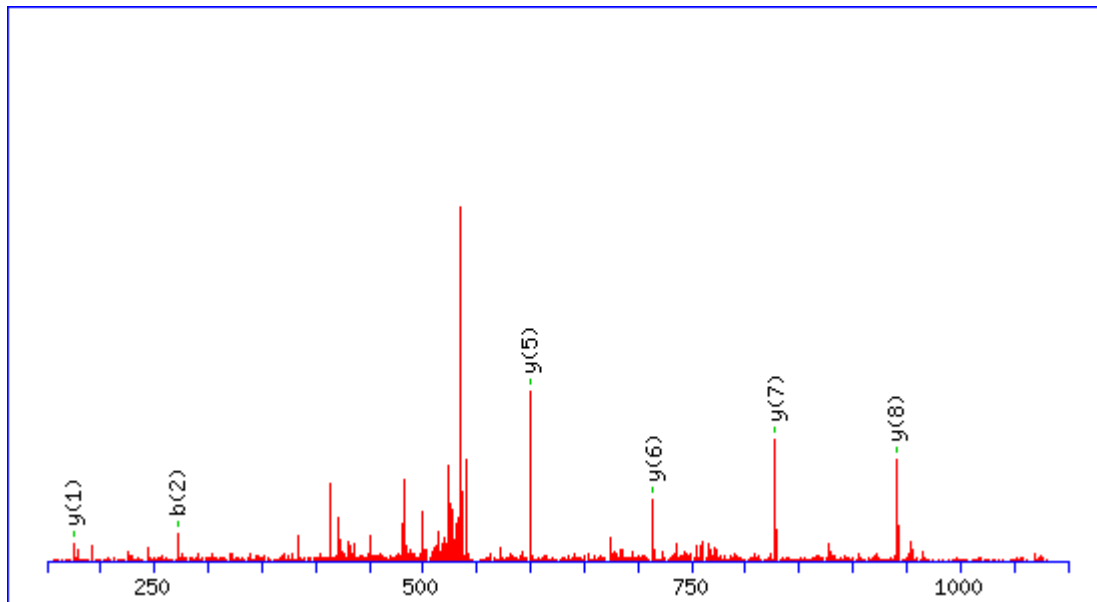
MS/MS Fragmentation of **EIDPVLDR**

Found in **IPI00007750.1**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=TUBA4A Tubulin alpha-4A chain

Match to Query 3904: 1096.614730 from(549.314641,2+)

Title: Elution from: 35.27 to 39.13 period: FD070412dMavril04.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 1421801.9 FinneganScanNumber: 2421

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril04.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1096.612808

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

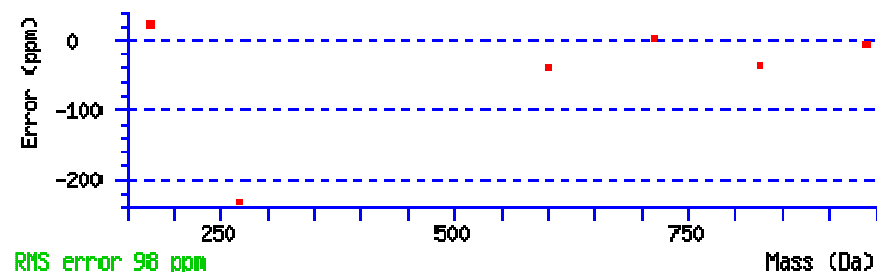
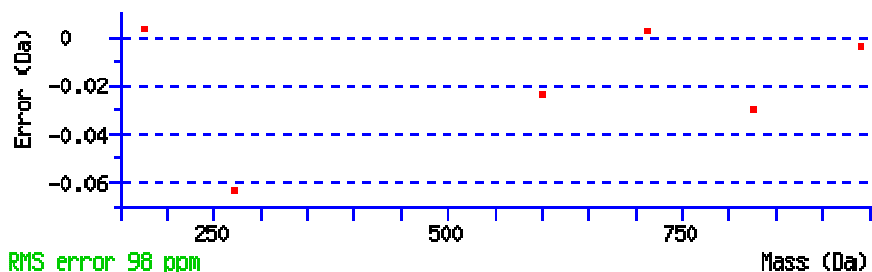
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 33 **Expect:** 0.13

**Matches (Bold Red):** 6/78 fragment ions using 15 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y <sup>*</sup>	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	158.081165	79.544220	140.070600	70.538938	E							9
2	<b>271.165229</b>	136.086253	253.154664	127.080970	I	<b>940.546208</b>	470.776742	923.519659	462.263468	922.535643	461.771460	8
3	384.249293	192.628285	366.238728	183.623002	I	<b>827.462144</b>	414.234710	810.435595	405.721436	809.451579	405.229428	7
4	499.276236	250.141756	481.265671	241.136474	D	<b>714.378080</b>	357.692678	697.351531	349.179404	696.367515	348.687396	6
5	596.329000	298.668138	578.318435	289.662856	P	<b>599.351137</b>	300.179207	582.324588	291.665932	581.340572	291.173924	5
6	695.397414	348.202345	677.386849	339.197063	V	502.298373	251.652824	485.271824	243.139550	484.287808	242.647542	4
7	808.481478	404.744377	790.470913	395.739095	L	403.229959	202.118617	386.203410	193.605343	385.219394	193.113335	3
8	923.508421	462.257849	905.497856	453.252566	D	290.145895	145.576585	273.119346	137.063311	272.135330	136.571303	2
9					R	<b>175.118952</b>	88.063114	158.092403	79.549840			1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
33.1	1096.612808	0.001922	<a href="#">EIIDPVLDR</a>
17.1	1095.603622	1.011108	<a href="#">KILED AHSR</a>
13.7	1095.603622	1.011108	<a href="#">KILED AHSR</a>
12.6	1096.612793	0.001937	<a href="#">EILPEVQNK</a>
12.1	1096.624023	-0.009293	<a href="#">IEIPNINTR</a>
11.8	1096.606262	0.008468	<a href="#">ELEHMVRK</a>
11.0	1095.600967	1.013763	<a href="#">GGRARGGQGR</a>
9.5	1095.611023	1.003707	<a href="#">GALCHLELK</a>
9.2	1096.606277	0.008453	<a href="#">IELCPPGKR</a>
8.9	1096.610107	0.004623	<a href="#">EEPLRGRR</a>

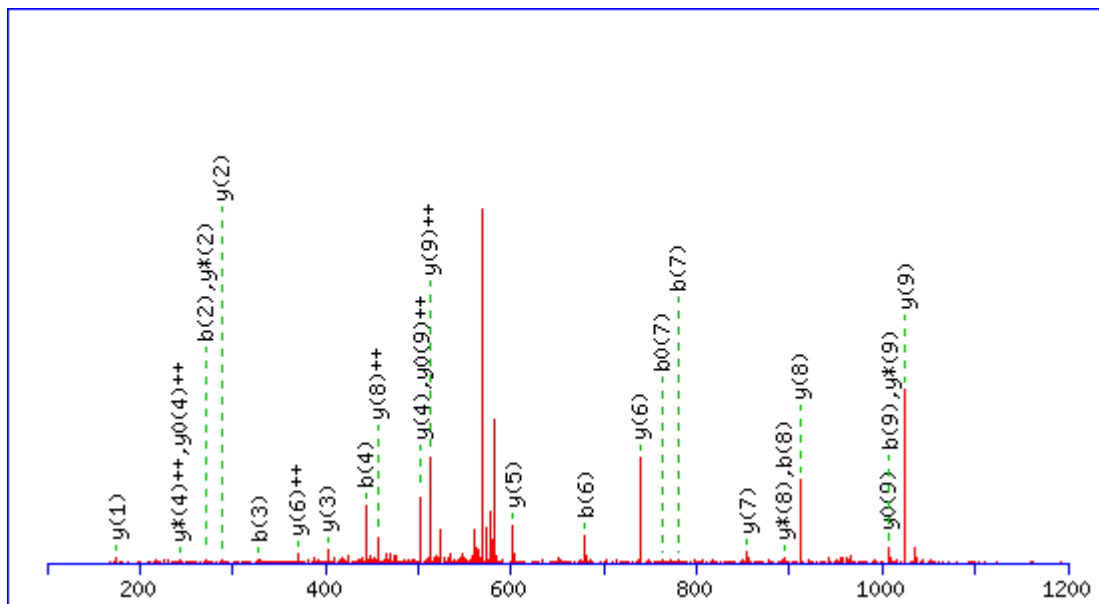
MS/MS Fragmentation of **ELGDHVTNLR**

Found in **IPI00554521.2**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=FTH1 Ferritin heavy chain

Match to Query 5146: 1182.625448 from(592.320000,2+)

Title: Elution from: 22.05 to 26.02 period: FD070412dMavril01.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 0.0 FinneganScanNumber: 1395

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril01.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1180.620026

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

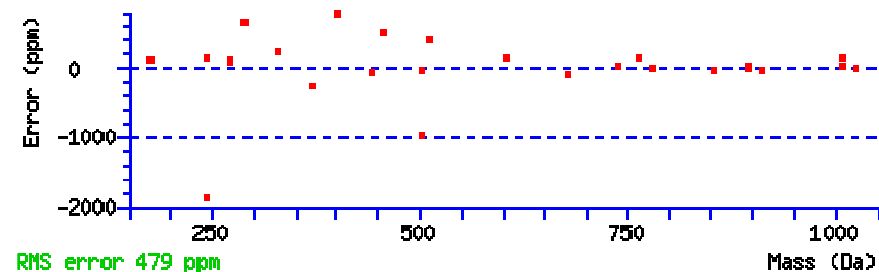
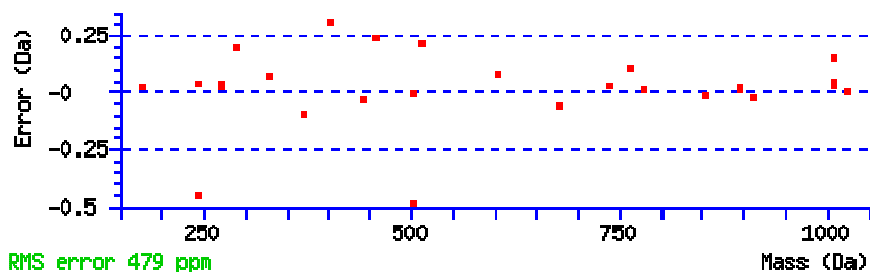
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 55 **Expect:** 0.00085

**Matches (Bold Red):** 27/88 fragment ions using 60 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b*	b <sup>*++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y*	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	158.081165	79.544220			140.070600	70.538938	E							10
2	<b>271.165229</b>	136.086253			253.154664	127.080970	L	<b>1024.553419</b>	<b>512.780347</b>	<b>1007.526870</b>	504.267073	<b>1006.542854</b>	<b>503.775065</b>	9
3	<b>328.186693</b>	164.596984			310.176128	155.591702	G	<b>911.469355</b>	<b>456.238315</b>	<b>894.442806</b>	447.725041	893.458790	447.233033	8
4	<b>443.213636</b>	222.110456			425.203071	213.105174	D	<b>854.447891</b>	427.727584	837.421342	419.214309	836.437326	418.722301	7
5	580.272548	290.639912			562.261983	281.634630	H	<b>739.420948</b>	<b>370.214112</b>	722.394399	361.700837	721.410383	361.208829	6
6	<b>679.340962</b>	340.174119			661.330397	331.168836	V	<b>602.362036</b>	301.684656	585.335487	293.171381	584.351471	292.679373	5
7	<b>780.388641</b>	390.697959			<b>762.378076</b>	381.692676	T	<b>503.293622</b>	252.150449	486.267073	<b>243.637174</b>	485.283057	<b>243.145166</b>	4
8	<b>894.431568</b>	447.719422	877.405019	439.206147	876.421003	438.714139	N	<b>402.245943</b>	201.626609	385.219394	193.113335			3
9	<b>1007.515632</b>	504.261454	990.489083	495.748179	989.505067	495.256171	L	<b>288.203016</b>	144.605146	<b>271.176467</b>	136.091871			2
10							R	<b>175.118952</b>	88.063114	158.092403	79.549839			1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
55.5	1180.620026	2.005422	<a href="#">ELGDHVTNLR</a>
13.9	1180.627396	1.998052	<a href="#">XMKTAENIR</a>
12.3	1180.610107	2.015341	<a href="#">EAVHAWRER</a>
11.3	1181.622635	1.002813	<a href="#">ENGMYGKRR</a>
11.2	1180.627396	1.998052	<a href="#">EEKCLPPPR</a>
11.0	1181.623322	1.002126	<a href="#">FYFPSLQPR</a>
10.8	1182.617874	0.007574	<a href="#">MRERYSASK</a>
10.8	1180.612793	2.012655	<a href="#">EIHATYYK</a>
10.7	1181.622635	1.002813	<a href="#">MAKKNYDLR</a>



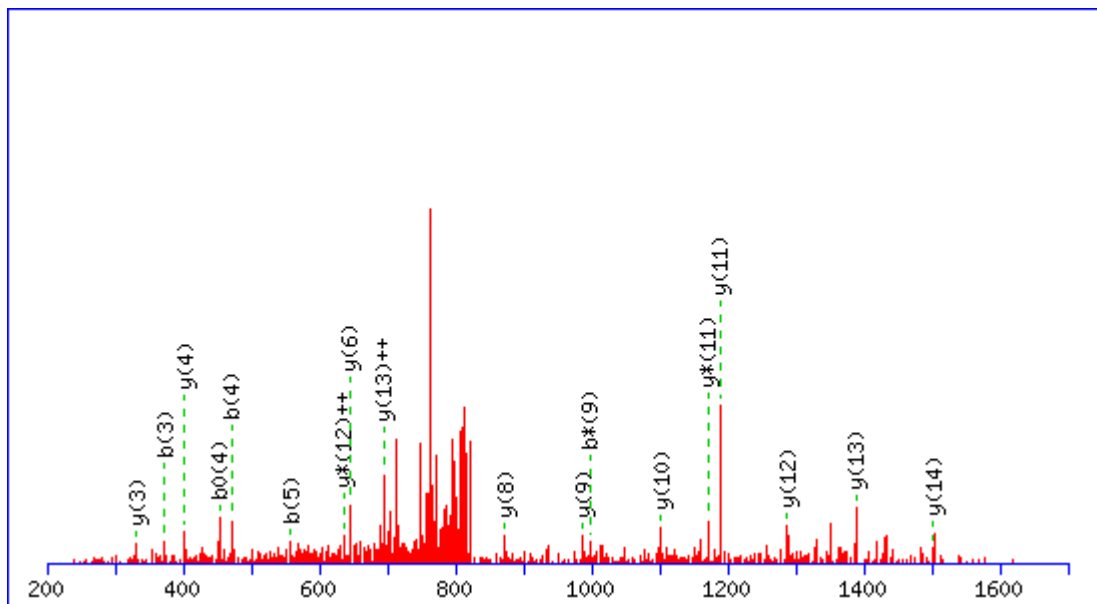
MS/MS Fragmentation of **ELTVSNNDINEAGVR**

Found in **IPI00550069.3**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=RNH1 Ribonuclease inhibitor

Match to Query 5464: 1657.836628 from(829.925590,2+)

Title: Elution from: 29.47 to 33.35 period: FD070412dMavril05.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 79773.2 FinneganScanNumber: 1907

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril05.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1657.827103

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

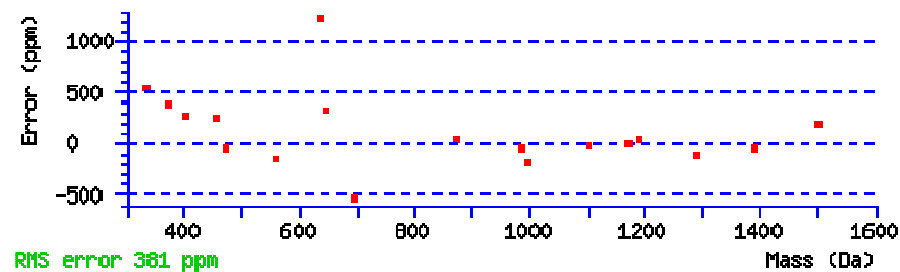
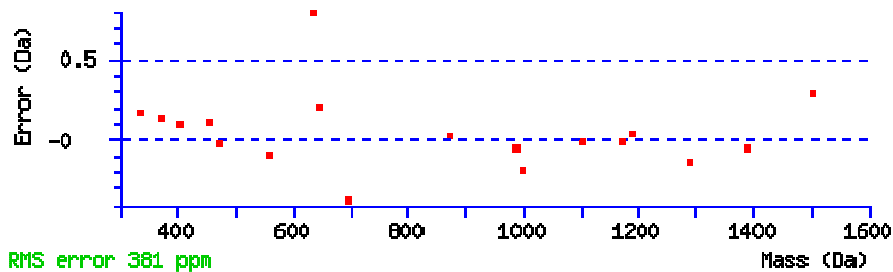
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 54 **Expect:** 0.0012

**Matches (Bold Red):** 18/150 fragment ions using 48 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b*	b <sup>*++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y*	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	158.081165	79.544220			140.070600	70.538938	E							15
2	271.165229	136.086253			253.154664	127.080970	L	1501.760510	751.383893	1484.733961	742.870618	1483.749945	742.378610	14
3	372.212908	186.610092			354.202343	177.604810	T	1388.676446	694.841861	1371.649897	686.328587	1370.665881	685.836578	13
4	471.281322	236.144299			453.270757	227.139017	V	1287.628767	644.318021	1270.602218	635.804747	1269.618202	635.312739	12
5	558.313350	279.660313			540.302785	270.655031	S	1188.560353	594.783814	1171.533804	586.270540	1170.549788	585.778532	11
6	672.356277	336.681777	655.329728	328.168502	654.345712	327.676494	N	1101.528325	551.267801	1084.501776	542.754526	1083.517760	542.262518	10
7	786.399204	393.703240	769.372655	385.189966	768.388639	384.697958	N	987.485398	494.246337	970.458849	485.733062	969.474833	485.241054	9
8	901.426147	451.216712	884.399598	442.703437	883.415582	442.211429	D	873.442471	437.224874	856.415922	428.711599	855.431906	428.219591	8
9	1014.510211	507.758744	997.483662	499.245469	996.499646	498.753461	I	758.415528	379.711402	741.388979	371.198127	740.404963	370.706119	7
10	1128.553138	564.780207	1111.526589	556.266933	1110.542573	555.774925	N	645.331464	323.169370	628.304915	314.656095	627.320899	314.164087	6
11	1257.595731	629.301504	1240.569182	620.788229	1239.585166	620.296221	E	531.288537	266.147906	514.261988	257.634632	513.277972	257.142624	5
12	1328.632845	664.820061	1311.606296	656.306786	1310.622280	655.814778	A	402.245944	201.626610	385.219395	193.113335			4
13	1385.654309	693.330793	1368.627760	684.817518	1367.643744	684.325510	G	331.208830	166.108053	314.182281	157.594778			3
14	1484.722723	742.865000	1467.696174	734.351725	1466.712158	733.859717	V	274.187366	137.597321	257.160817	129.084046			2
15							R	175.118952	88.063114	158.092403	79.549839			1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
54.5	1657.827103	0.009525	<a href="#">ELTVSNNDINEAGVR</a>
7.9	1657.831802	0.004826	<a href="#">RNMRSQPLTSPESR</a>
4.9	1657.831818	0.004810	<a href="#">QTNSRGNGKMTSPPR</a>
4.0	1657.842361	-0.005733	<a href="#">HSEVKAADEDVFRK</a>

0.2	1657.834503	0.002125	<a href="#">SPSSNGLSPSPGAGMLK</a>
-----	-------------	----------	-----------------------------------

---



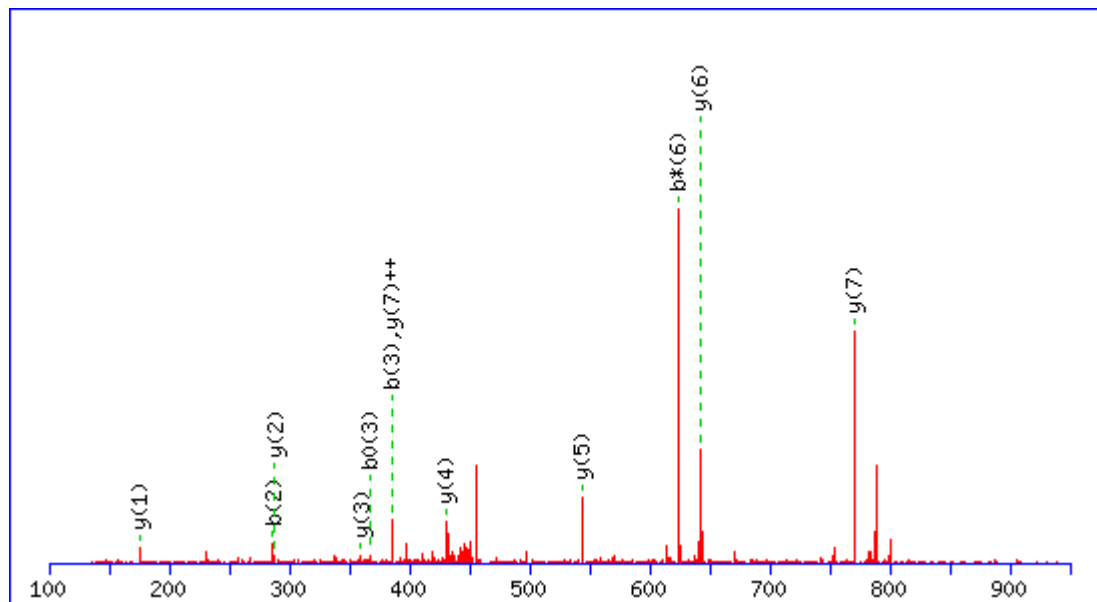
MS/MS Fragmentation of **EQVIAALR**

Found in **IPI00008223.3**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=RAD23B UV excision repair protein RAD23 homolog B

Match to Query 3304: 928.560936 from(465.287744,2+)

Title: Elution from: 28.12 to 32.00 period: FD070412dMavril04.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 788800.2 FinneganScanNumber: 1854

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril04.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 926.554886

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

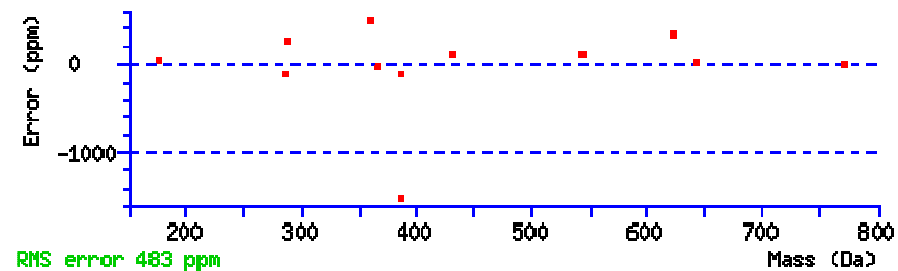
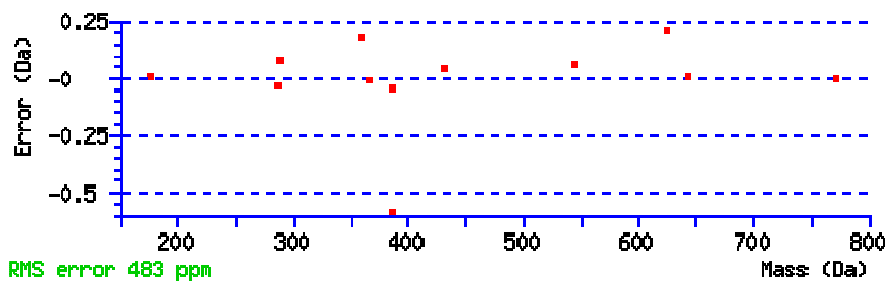
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 43 **Expect:** 0.017

**Matches (Bold Red):** 12/68 fragment ions using 23 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b <sup>*</sup>	b <sup>*++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y <sup>*</sup>	y <sup>*++</sup>	#
1	158.081165	79.544220			140.070600	70.538938	E					8
2	<b>286.139743</b>	143.573510	269.113194	135.060235	268.129178	134.568227	Q	<b>770.488300</b>	<b>385.747788</b>	753.461751	377.234514	7
3	<b>385.208157</b>	193.107717	368.181608	184.594442	<b>367.197592</b>	184.102434	V	<b>642.429722</b>	321.718499	625.403173	313.205225	6
4	498.292221	249.649749	481.265672	241.136474	480.281656	240.644466	I	<b>543.361308</b>	272.184292	526.334759	263.671018	5
5	569.329335	285.168306	552.302786	276.655031	551.318770	276.163023	A	<b>430.277244</b>	215.642260	413.250695	207.128985	4
6	640.366449	320.686863	<b>623.339900</b>	312.173588	622.355884	311.681580	A	<b>359.240130</b>	180.123703	342.213581	171.610428	3
7	753.450513	377.228895	736.423964	368.715620	735.439948	368.223612	L	<b>288.203016</b>	144.605146	271.176467	136.091871	2
8							R	<b>175.118952</b>	88.063114	158.092403	79.549839	1



#### All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
43.0	926.554886	2.006050	<a href="#">EQVIAALR</a>
24.9	926.554886	2.006050	<a href="#">RESGIPIK</a>
21.6	926.554871	2.006065	<a href="#">EREKPLK</a>
17.9	928.559311	0.001625	<a href="#">DQLASVLK</a>
17.0	928.552780	0.008156	<a href="#">MKALSPVR</a>
15.0	926.559586	2.001350	<a href="#">RRMAPIR</a>
14.4	928.559311	0.001625	<a href="#">DSQLAVLK</a>
14.1	926.548386	2.012550	<a href="#">VXPVRLR</a>
13.7	926.559586	2.001350	<a href="#">MRRAPLR</a>
13.7	926.554871	2.006065	<a href="#">SRAEAPLK</a>

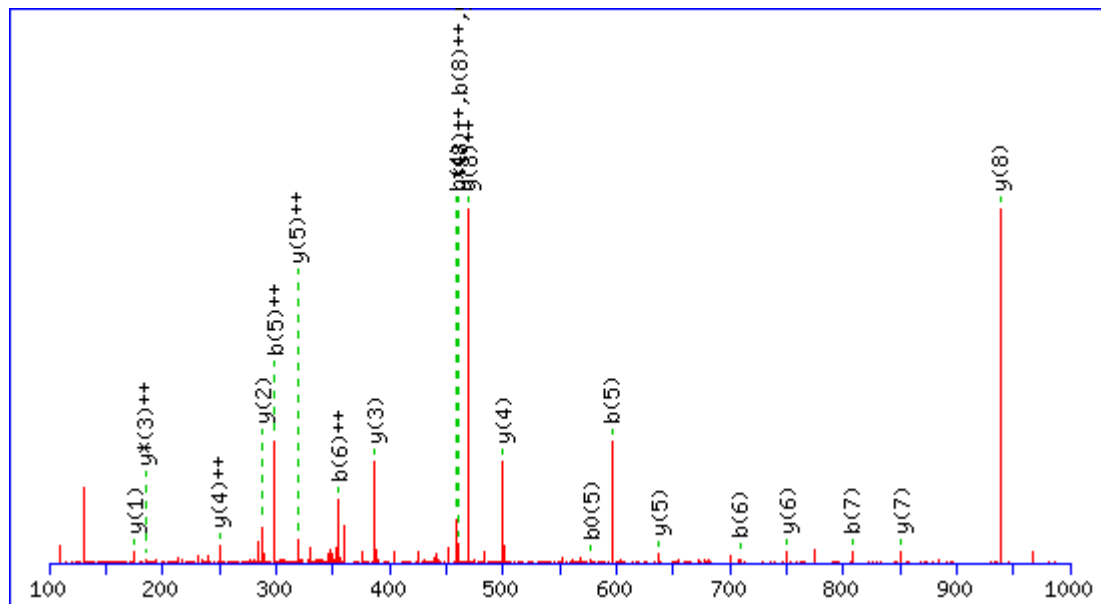
MS/MS Fragmentation of **ESTLHLVLR**

Found in **IPI00179330.6**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=UBC;RPS27A;UBB ubiquitin and ribosomal protein S27a precursor

Match to Query 3875: 1094.648070 from(365.889966,3+)

Title: Elution from: 31.56 to 35.41 period: FD070412dMavril06.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 4267810.0 FinneganScanNumber: 2057

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril06.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1094.644775

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

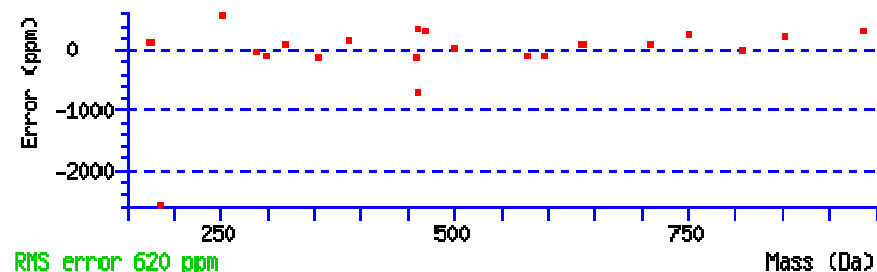
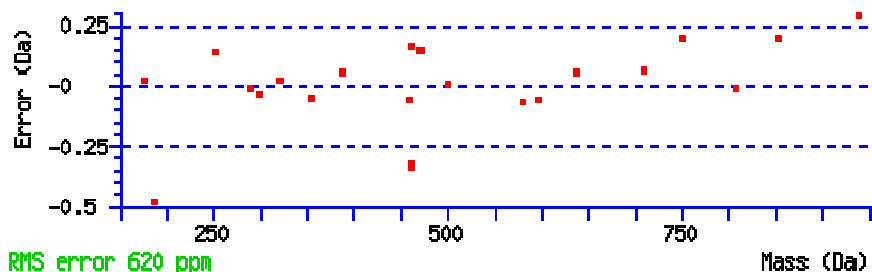
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 54 **Expect:** 0.0007

**Matches (Bold Red):** 22/68 fragment ions using 47 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y <sup>*</sup>	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	158.081165	79.544220	140.070600	70.538938	E							9
2	245.113193	123.060234	227.102628	114.054952	S	938.578177	469.792727	921.551628	461.279452	920.567612	460.787444	8
3	346.160872	173.584074	328.150307	164.578791	T	851.546149	426.276713	834.519600	417.763438	833.535584	417.271430	7
4	459.244936	230.126106	441.234371	221.120824	L	750.498470	375.752873	733.471921	367.239598			6
5	596.303848	298.655562	578.293283	289.650280	H	637.414406	319.210841	620.387857	310.697566			5
6	709.387912	355.197594	691.377347	346.192312	L	500.355494	250.681385	483.328945	242.168110			4
7	808.456326	404.731801	790.445761	395.726518	V	387.271430	194.139353	370.244881	185.626078			3
8	921.540390	461.273833	903.529825	452.268551	L	288.203016	144.605146	271.176467	136.091871			2
9					R	175.118952	88.063114	158.092403	79.549839			1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
54.4	1094.644775	0.003295	<a href="#">ESTLHLVLR</a>
10.5	1094.644760	0.003310	<a href="#">TAPKPGEAIR</a>
9.8	1093.649521	0.998549	<a href="#">KKTISNTEFK</a>
9.8	1093.649521	0.998549	<a href="#">KKTISNTEFK</a>
9.2	1094.638260	0.009810	<a href="#">QVMHIVGKR</a>
9.0	1094.648773	-0.000703	<a href="#">KYQPYKIK</a>
9.0	1094.648773	-0.000703	<a href="#">KYQPYKIK</a>
8.8	1094.648788	-0.000718	<a href="#">NFPLPLPNK</a>
8.4	1094.652145	-0.004075	<a href="#">KYGSMVKAK</a>
8.4	1094.652145	-0.004075	<a href="#">KYGSMVKAK</a>



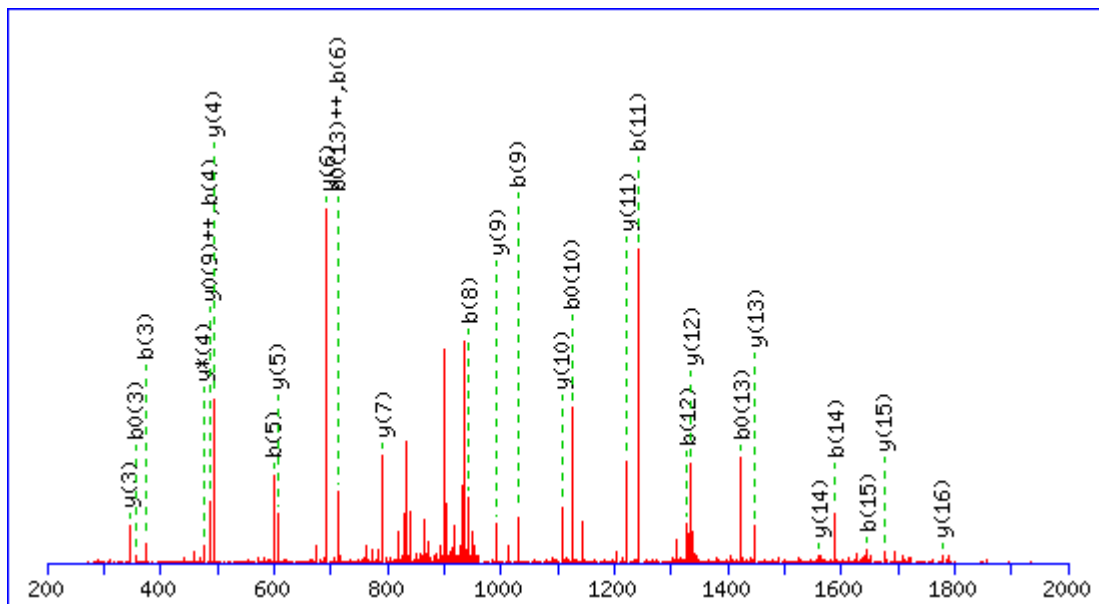
MS/MS Fragmentation of **ETDLLLDDSLVSIFGNR**

Found in **IPI00024915.2**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=PRDX5 Isoform Mitochondrial of Peroxiredoxin-5, mitochondrial

Match to Query 6540: 1933.983928 from(967.999240,2+)

Title: Elution from: 59.57 to 63.39 period: FD070412dMavril06.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 144657.6 FinneganScanNumber: 4123

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril06.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1933.999664

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

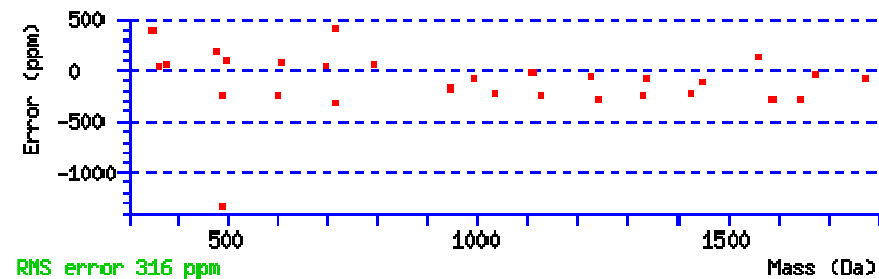
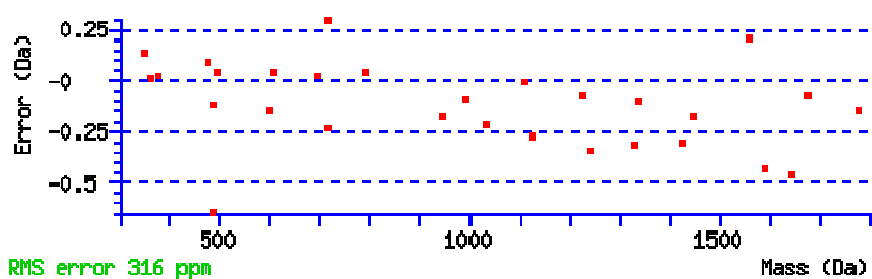
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 112 **Expect:** 2.9e-09

**Matches (Bold Red):** 29/152 fragment ions using 39 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b*	b <sup>*++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y*	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	158.081165	79.544220			140.070600	70.538938	E							17
2	259.128844	130.068060			241.118279	121.062778	T	1777.933055	889.470165	1760.906506	880.956891	1759.922490	880.464883	16
3	374.155787	187.581532			356.145222	178.576249	D	1676.885376	838.946326	1659.858827	830.433052	1658.874811	829.941043	15
4	487.239851	244.123564			469.229286	235.118281	L	1561.858433	781.432854	1544.831884	772.919580	1543.847868	772.427572	14
5	600.323915	300.665596			582.313350	291.660313	L	1448.774369	724.890822	1431.747820	716.377548	1430.763804	715.885540	13
6	713.407979	357.207628			695.397414	348.202345	L	1335.690305	668.348790	1318.663756	659.835516	1317.679740	659.343508	12
7	828.434922	414.721099			810.424357	405.715817	D	1222.606241	611.806758	1205.579692	603.293484	1204.595676	602.801476	11
8	943.461865	472.234571			925.451300	463.229288	D	1107.579298	554.293287	1090.552749	545.780012	1089.568733	545.288004	10
9	1030.493893	515.750585			1012.483328	506.745302	S	992.552355	496.779815	975.525806	488.266541	974.541790	487.774533	9
10	1143.577957	572.292617			1125.567392	563.287334	L	905.520327	453.263801	888.493778	444.750527	887.509762	444.258519	8
11	1242.646371	621.826824			1224.635806	612.821541	V	792.436263	396.721770	775.409714	388.208495	774.425698	387.716487	7
12	1329.678399	665.342838			1311.667834	656.337555	S	693.367849	347.187563	676.341300	338.674288	675.357284	338.182280	6
13	1442.762463	721.884870			1424.751898	712.879587	I	606.335821	303.671548	589.309272	295.158274			5
14	1589.830877	795.419077			1571.820312	786.413794	F	493.251757	247.129516	476.225208	238.616242			4
15	1646.852341	823.929809			1628.841776	814.924526	G	346.183343	173.595309	329.156794	165.082035			3
16	1760.895268	880.951272	1743.868719	872.437998	1742.884703	871.945989	N	289.161879	145.084577	272.135330	136.571303			2
17							R	175.118952	88.063114	158.092403	79.549839			1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
111.7	1933.999664	-0.015736	<a href="#">ETDLLLDDSLVSIFGNR</a>
9.7	1932.994492	0.989436	<a href="#">ASADHEAVEKFKFAK</a>

9.5	1932.990494	0.993434	<a href="#">RAFLDLLSVTDDEGNR</a>
6.5	1933.985260	-0.001332	<a href="#">MMLATEETSPDLVGIKR</a>
4.2	1933.985260	-0.001332	<a href="#">MMLATEETSPDLVGIKR</a>
3.4	1932.997864	0.986064	<a href="#">QVYKEDLPQLKEQCK</a>
3.3	1932.982620	1.001308	<a href="#">QMASQAPAVNTLTESTLK</a>
0.5	1933.978516	0.005412	<a href="#">EIHVLDTDYEGYAILR</a>



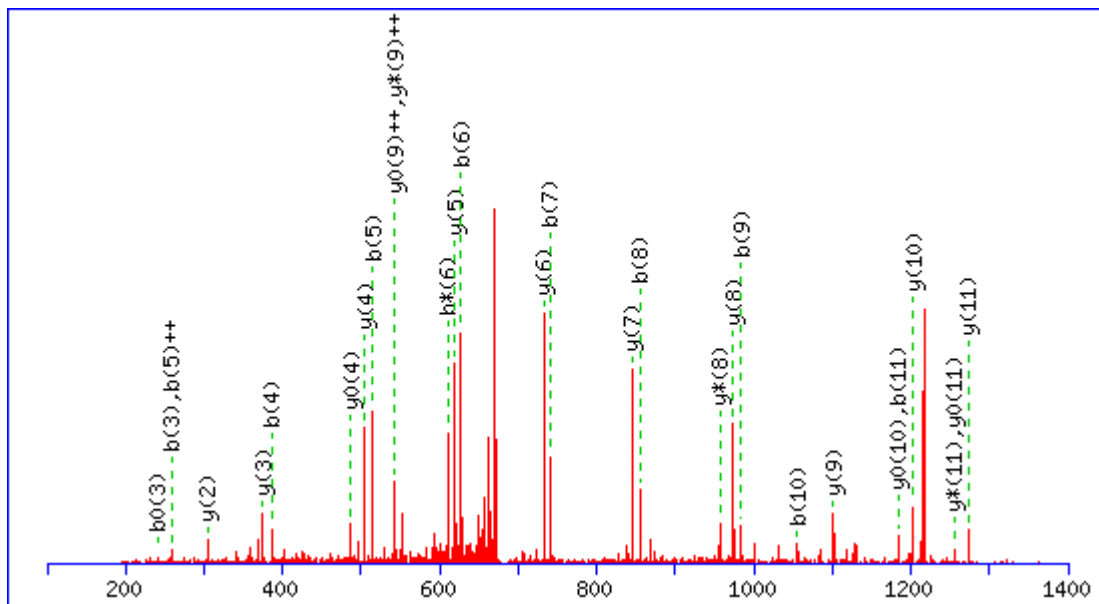
MS/MS Fragmentation of **GATQQLDEAER**

Found in **IPI00297779.7**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=CCT2 T-complex protein 1 subunit beta

Match to Query 4715: 1357.690228 from(679.852390,2+)

Title: Elution from: 28.31 to 32.29 period: FD070412dMavril04.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 1901470.4 FinneganScanNumber: 1872

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril04.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1357.683731

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

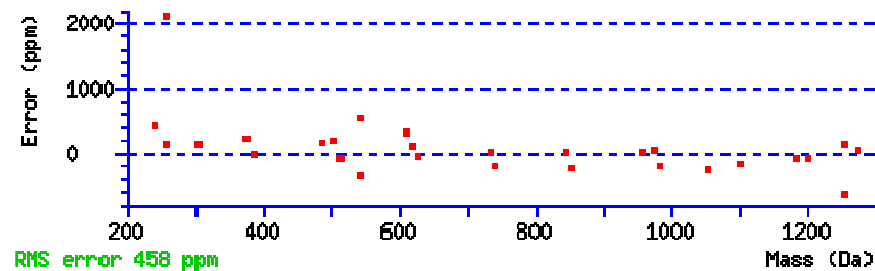
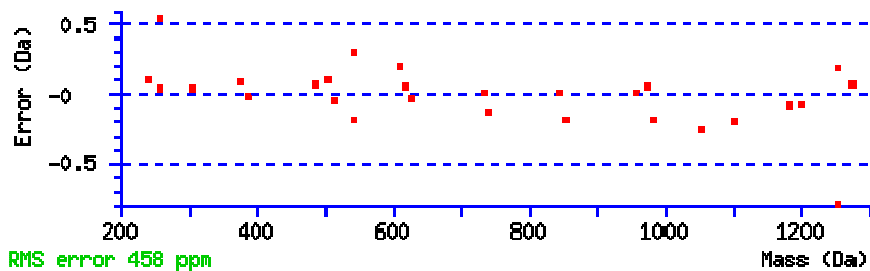
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 67 **Expect:** 6.2e-05

**Matches (Bold Red):** 29/120 fragment ions using 52 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b*	b <sup>*++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y*	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	86.060036	43.533656					G							12
2	157.097150	79.052213					A	1273.638272	637.322774	1256.611723	628.809500	1255.627707	628.317492	11
3	258.144829	129.576053			240.134264	120.570770	T	1202.601158	601.804217	1185.574609	593.290943	1184.590593	592.798935	10
4	386.203407	193.605342	369.176858	185.092067	368.192842	184.600059	Q	1101.553479	551.280378	1084.526930	542.767103	1083.542914	542.275095	9
5	514.261985	257.634631	497.235436	249.121356	496.251420	248.629348	Q	973.494901	487.251089	956.468352	478.737814	955.484336	478.245806	8
6	627.346049	314.176663	610.319500	305.663388	609.335484	305.171380	I	845.436323	423.221800	828.409774	414.708525	827.425758	414.216517	7
7	740.430113	370.718695	723.403564	362.205420	722.419548	361.713412	L	732.352259	366.679768	715.325710	358.166493	714.341694	357.674485	6
8	855.457056	428.232166	838.430507	419.718892	837.446491	419.226884	D	619.268195	310.137736	602.241646	301.624461	601.257630	301.132453	5
9	984.499649	492.753463	967.473100	484.240188	966.489084	483.748180	E	504.241252	252.624264	487.214703	244.110990	486.230687	243.618982	4
10	1055.536763	528.272020	1038.510214	519.758745	1037.526198	519.266737	A	375.198659	188.102968	358.172110	179.589693	357.188094	179.097685	3
11	1184.579356	592.793316	1167.552807	584.280042	1166.568791	583.788034	E	304.161545	152.584411	287.134996	144.071136	286.150980	143.579128	2
12							R	175.118952	88.063114	158.092403	79.549839			1



#### All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
66.6	1357.683731	0.006497	<a href="#">GATQOILDEAER</a>
15.7	1356.699738	0.990490	<a href="#">QQOGAILEVDTR</a>
12.0	1357.683746	0.006482	<a href="#">QELSGSGQASGPGK</a>
11.5	1357.694946	-0.004718	<a href="#">VEEQREQEKR</a>
9.6	1357.683716	0.006512	<a href="#">EKQQAIEIQEK</a>
9.6	1357.694946	-0.004718	<a href="#">EQOKEQREQK</a>
9.3	1357.683716	0.006512	<a href="#">DLOEQQREEK</a>

8.4	1357.684601	0.005627	<a href="#">LNMLHPMSQKK</a>
7.5	1357.694946	-0.004718	<a href="#">EQOKEOREQK</a>
6.6	1357.683701	0.006527	<a href="#">AANEETKNKPK</a>

---

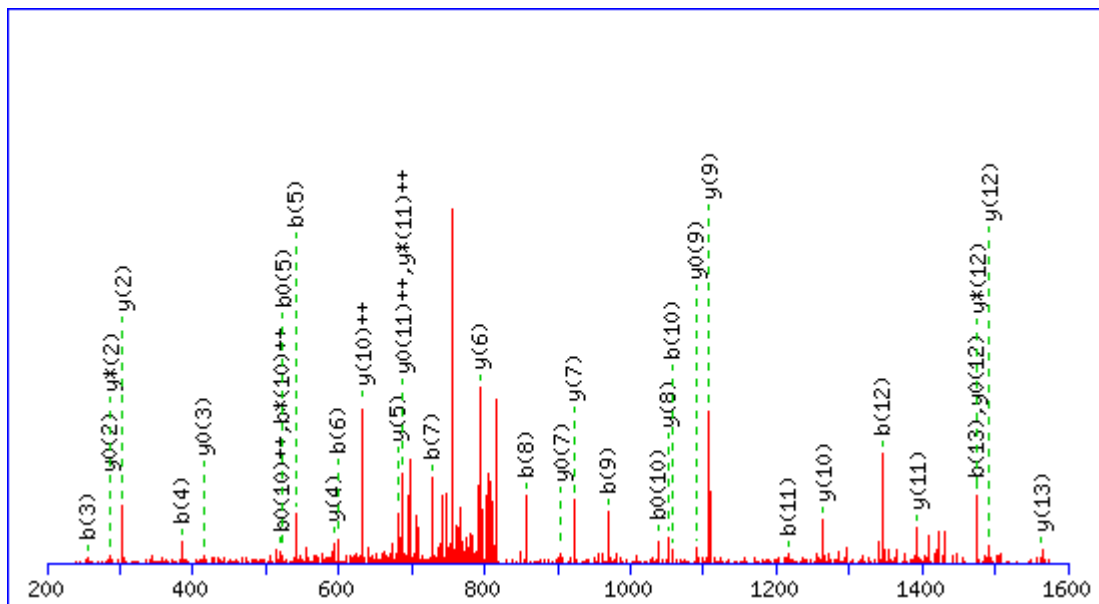
MS/MS Fragmentation of **GAVEKGEELSCEER**

Found in **IPI00013890.2**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=SFN Isoform 1 of 14-3-3 protein sigma

Match to Query 5557: 1648.784496 from(825.399524,2+)

Title: Elution from: 18.25 to 22.22 period: FD070412dMavril07.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 150997.3 FinneganScanNumber: 1162

Data file D:\projectemp\FD080412dM\FD070412dMavril07.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1647.777359

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

**Variable modifications:**

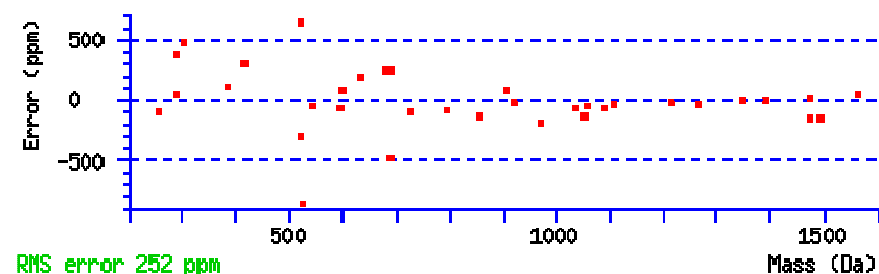
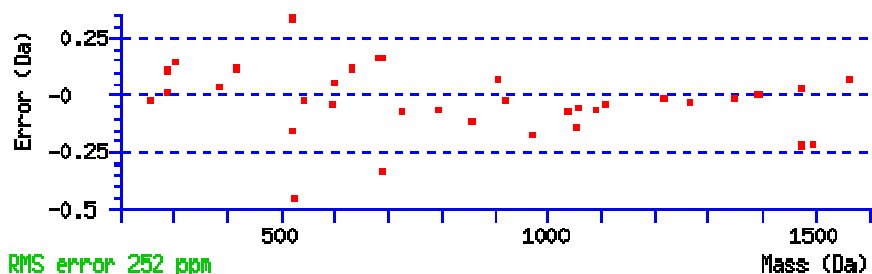
**N-term :** Dimethyl (N-term)

**K5 :** Dimethyl (K)

**Ions Score:** 63 **Expect:** 0.00012

**Matches (Bold Red):** 36/140 fragment ions using 73 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b*	b <sup>*++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y*	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	86.060036	43.533656					G							14
2	157.097150	79.052213					A	1563.731909	782.369593	1546.705360	773.856318	1545.721344	773.364310	13
3	256.165564	128.586420					V	1492.694795	746.851036	1475.668246	738.337761	1474.684230	737.845753	12
4	385.208157	193.107717			367.197592	184.102434	E	1393.626381	697.316829	1376.599832	688.803554	1375.615816	688.311546	11
5	541.334416	271.170846	524.307867	262.657572	523.323851	262.165564	K	1264.583788	632.795532	1247.557239	624.282258	1246.573223	623.790250	10
6	598.355880	299.681578	581.329331	291.168304	580.345315	290.676296	G	1108.457529	554.732403	1091.430980	546.219128	1090.446964	545.727120	9
7	727.398473	364.202875	710.371924	355.689600	709.387908	355.197592	E	1051.436065	526.221671	1034.409516	517.708396	1033.425500	517.216388	8
8	856.441066	428.724171	839.414517	420.210897	838.430501	419.718889	E	922.393472	461.700374	905.366923	453.187100	904.382907	452.695092	7
9	969.525130	485.266203	952.498581	476.752929	951.514565	476.260921	L	793.350879	397.179078	776.324330	388.665803	775.340314	388.173795	6
10	1056.557158	528.782217	1039.530609	520.268943	1038.546593	519.776935	S	680.266815	340.637046	663.240266	332.123771	662.256250	331.631763	5
11	1216.587807	608.797542	1199.561258	600.284267	1198.577242	599.792259	C	593.234787	297.121032	576.208238	288.607757	575.224222	288.115749	4
12	1345.630400	673.318838	1328.603851	664.805564	1327.619835	664.313556	E	433.204138	217.105707	416.177589	208.592432	415.193573	208.100424	3
13	1474.672993	737.840135	1457.646444	729.326860	1456.662428	728.834852	E	304.161545	152.584411	287.134996	144.071136	286.150980	143.579128	2
14							R	175.118952	88.063114	158.092403	79.549839			1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
62.6	1647.777359	1.007137	<a href="#">GAVEKGEELSCEER</a>
4.6	1646.780319	2.004177	<a href="#">SCHKMCIDIQRR</a>
3.9	1647.766113	1.018383	<a href="#">MKNEIDNDPESEK</a>
3.3	1647.795135	0.989361	<a href="#">DTSANVKSAGEGEVEK</a>
3.2	1647.772186	1.012310	<a href="#">MARSCWGPATRAER</a>

2.9	1646.786850	1.997646	<a href="#">HMMKEVLSTGQGNR</a>
1.8	1647.778015	1.006481	<a href="#">RYYDEVEAEGYVK</a>
1.7	1648.798660	-0.014164	<a href="#">MEACMLNGTVIGPGK</a>
1.6	1647.785416	0.999080	<a href="#">KMGTFFSYPPEEK</a>
1.5	1647.774872	1.009624	<a href="#">LYKCSECEKTFR</a>

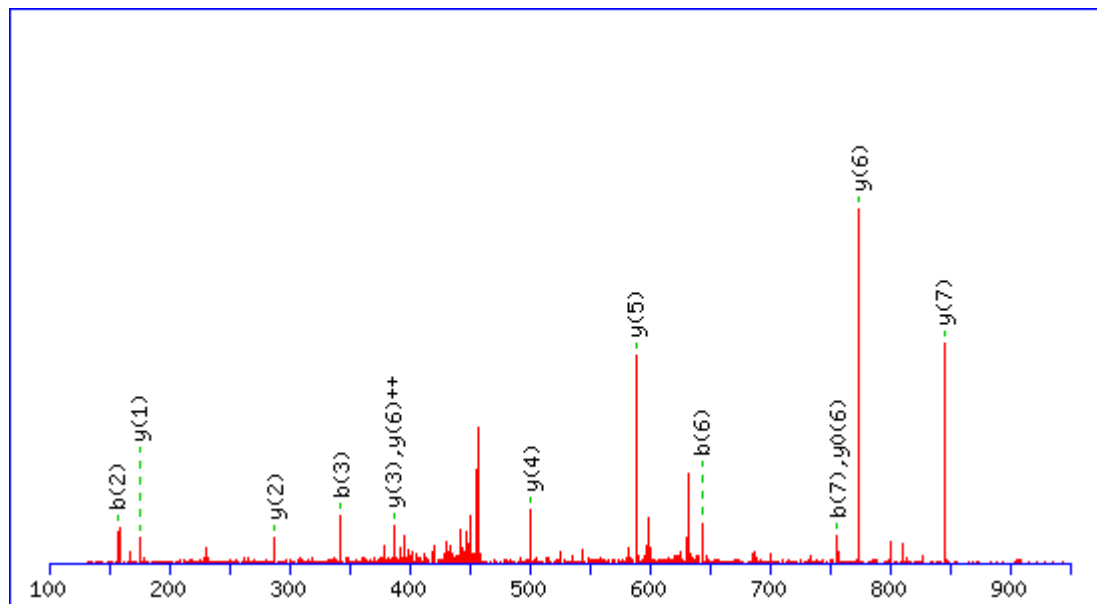
MS/MS Fragmentation of **GAWSNVLR**

Found in **IPI00007188.5**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=SLC25A5 ADP/ATP translocase 2

Match to Query 3009: 929.507956 from(465.761254,2+)

Title: Elution from: 31.80 to 35.53 period: FD070412dMavril07.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 1750525.6 FinneganScanNumber: 2269

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril07.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 929.508286

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

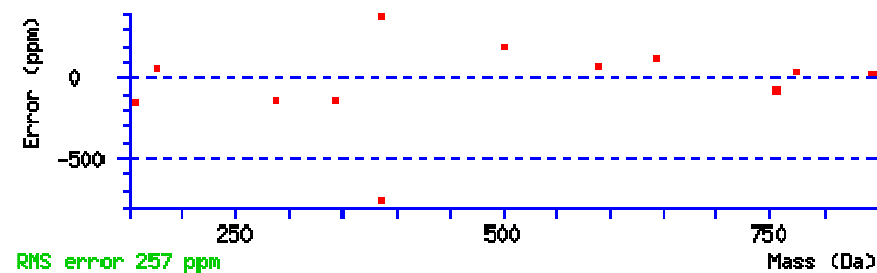
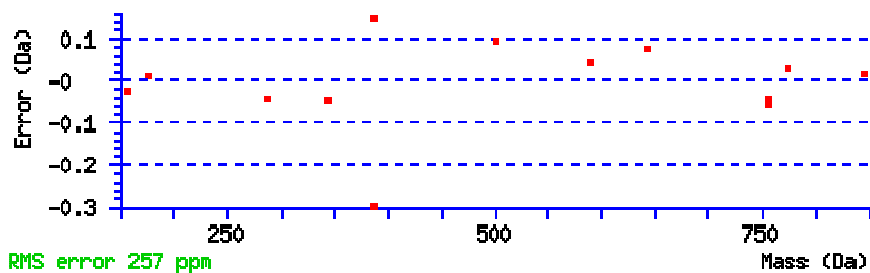
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 46 **Expect:** 0.0087

**Matches (Bold Red):** 13/62 fragment ions using 28 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b <sup>*</sup>	b <sup>*++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y <sup>*</sup>	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	86.060036	43.533656					G							8
2	<b>157.097150</b>	79.052213					A	<b>845.462812</b>	423.235044	828.436263	414.721770	827.452247	414.229762	7
3	<b>343.176463</b>	172.091870					W	<b>774.425698</b>	<b>387.716487</b>	757.399149	379.203213	<b>756.415133</b>	378.711205	6
4	430.208491	215.607884			412.197926	206.602601	S	<b>588.346385</b>	294.676831	571.319836	286.163556	570.335820	285.671548	5
5	544.251418	272.629347	527.224869	264.116073	526.240853	263.624065	N	<b>501.314357</b>	251.160816	484.287808	242.647542			4
6	<b>643.319832</b>	322.163554	626.293283	313.650280	625.309267	313.158272	V	<b>387.271430</b>	194.139353	370.244881	185.626079			3
7	<b>756.403896</b>	378.705586	739.377347	370.192312	738.393331	369.700304	L	<b>288.203016</b>	144.605146	271.176467	136.091872			2
8							R	<b>175.118952</b>	88.063114	158.092403	79.549840			1



#### All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
45.5	929.508286	-0.000330	<a href="#">GAWSNVLR</a>
21.1	929.511642	-0.003686	<a href="#">QCALAALR</a>
20.0	929.511642	-0.003686	<a href="#">KGECPRK</a>
19.2	929.515488	-0.007532	<a href="#">RSDAAVRR</a>
16.6	929.511642	-0.003686	<a href="#">KGECPRK</a>
15.9	929.504257	0.003699	<a href="#">RASDNLVR</a>
15.1	929.504272	0.003684	<a href="#">RAAPTXXGTR</a>
13.5	929.515488	-0.007532	<a href="#">ERGLRGSR</a>
12.7	929.515488	-0.007532	<a href="#">SAPSTRRR</a>
12.7	929.515671	-0.007715	<a href="#">KWMGPQK</a>



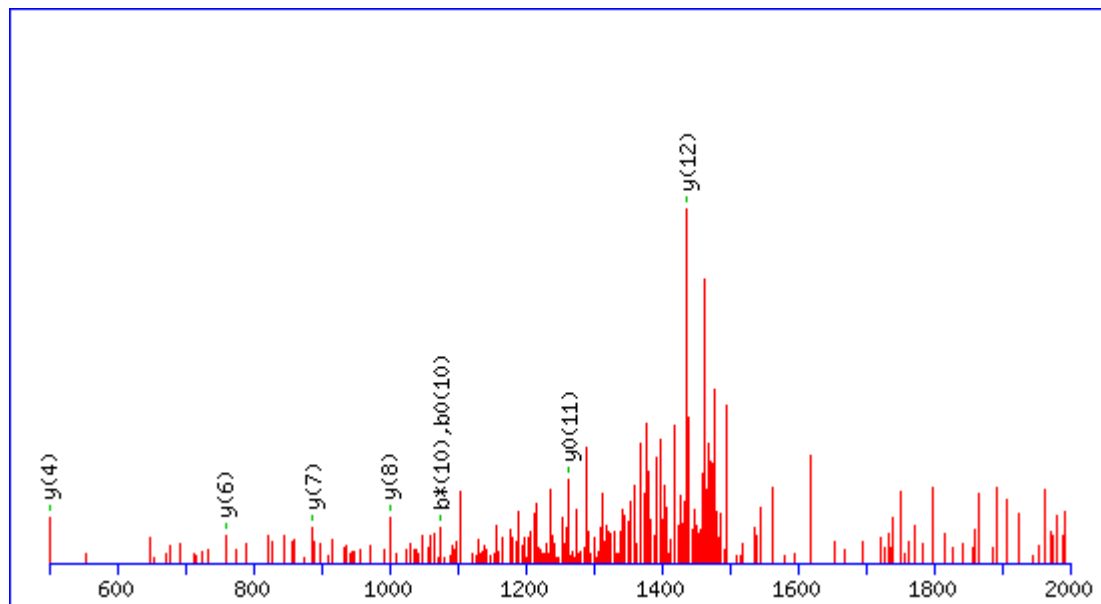
MS/MS Fragmentation of **GKQGPIKEEPPMK**

Found in **IPI00640533.2**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=HYDIN;HYDIN2 Putative uncharacterized protein HYDIN

Match to Query 6250: 1495.833317 from(1496.840593,1+)

Title: Elution from: 94.59 to 98.50 period: FD070412dMavril01.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 1137614.7 FinneganScanNumber: 6056

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril01.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1493.827545

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

**Variable modifications:**

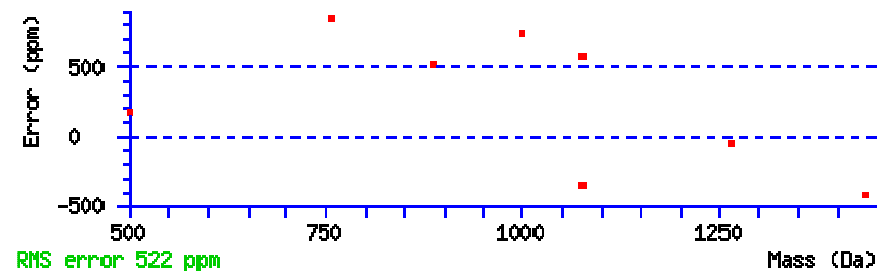
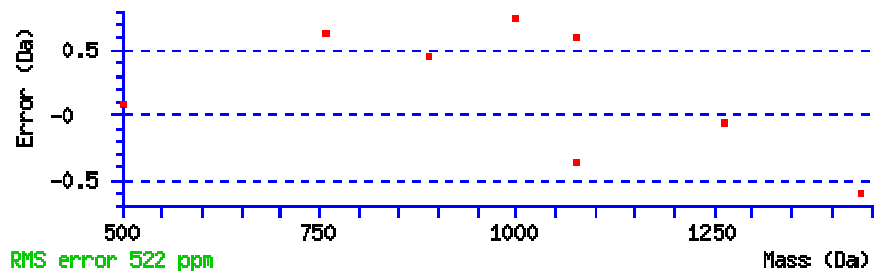
**K2** : Dimethyl (K)

**K13** : Dimethyl (K)

**Ions Score:** 21 **Expect:** 2.3

**Matches (Bold Red):** 8/60 fragment ions using 13 most intense peaks

#	b	b*	b <sup>0</sup>	Seq.	y	y*	y <sup>0</sup>	#
1	58.028740			G				13
2	214.154999	197.128450		K	1437.813391	1420.786842	1419.802826	12
3	342.213577	325.187028		Q	1281.687132	1264.660583	1263.676567	11
4	399.235041	382.208492		G	1153.628554	1136.602005	1135.617989	10
5	496.287805	479.261256		P	1096.607090	1079.580541	1078.596525	9
6	609.371869	592.345320		I	999.554326	982.527777	981.543761	8
7	737.466832	720.440283		K	886.470262	869.443713	868.459697	7
8	866.509425	849.482876	848.498860	E	758.375299	741.348750	740.364734	6
9	995.552018	978.525469	977.541453	E	629.332706	612.306157	611.322141	5
10	1092.604782	1075.578233	1074.594217	P	500.290113	483.263564		4
11	1189.657546	1172.630997	1171.646981	P	403.237349	386.210800		3
12	1320.698031	1303.671482	1302.687466	M	306.184585	289.158036		2
13				K	175.144100	158.117551		1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
21.4	1493.827545	2.005772	<a href="#">GKQGPIKEEPPMK</a>
5.8	1493.827545	2.005772	<a href="#">GKQGPIKEEPPMK</a>

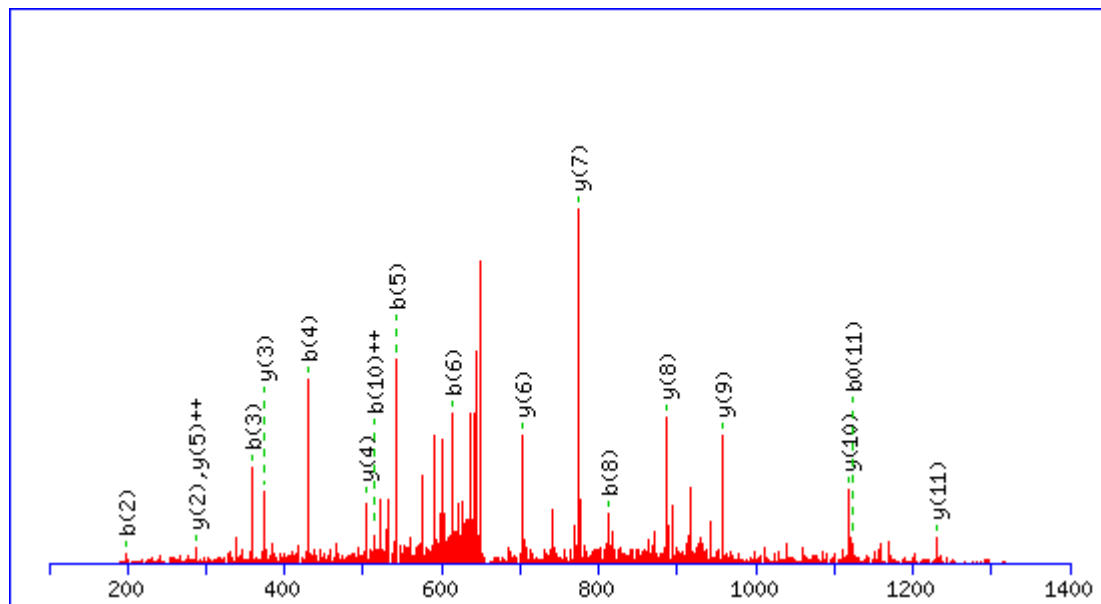
MS/MS Fragmentation of **GLCAIAQAESLR**

Found in **IPI00011253.3**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=RPS3 40S ribosomal protein S3

Match to Query 4434: 1315.693586 from(658.854069,2+)

Title: Elution from: 34.65 to 38.60 period: FD070412dMavril07.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 935746.0 FinneganScanNumber: 2508

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril07.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1315.691788

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

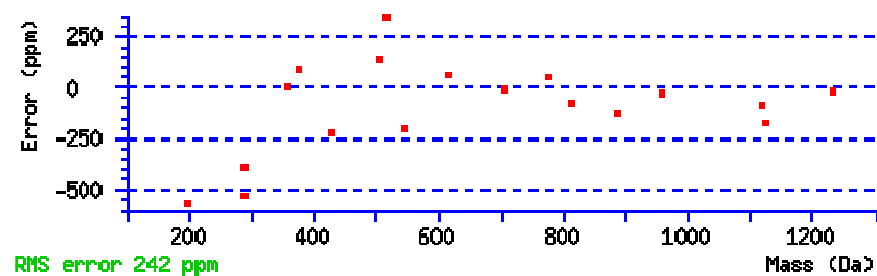
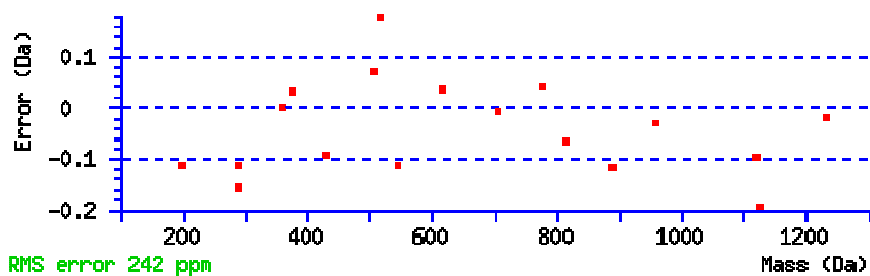
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 52 **Expect:** 0.0023

**Matches (Bold Red):** 18/100 fragment ions using 42 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b*	b <sup>*++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y*	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	86.060036	43.533656					G							12
2	<b>199.144100</b>	100.075688					L	<b>1231.646334</b>	616.326805	1214.619785	607.813531	1213.635769	607.321523	11
3	<b>359.174749</b>	180.091012					C	<b>1118.562270</b>	559.784773	1101.535721	551.271499	1100.551705	550.779490	10
4	<b>430.211863</b>	215.609569					A	<b>958.531621</b>	479.769449	941.505072	471.256174	940.521056	470.764166	9
5	<b>543.295927</b>	272.151602					I	<b>887.494507</b>	444.250892	870.467958	435.737617	869.483942	435.245609	8
6	<b>614.333041</b>	307.670159					A	<b>774.410443</b>	387.708860	757.383894	379.195585	756.399878	378.703577	7
7	742.391619	371.699448	725.365070	363.186173			Q	<b>703.373329</b>	352.190303	686.346780	343.677028	685.362764	343.185020	6
8	<b>813.428733</b>	407.218005	796.402184	398.704730			A	575.314751	<b>288.161014</b>	558.288202	279.647739	557.304186	279.155731	5
9	942.471326	471.739301	925.444777	463.226026	924.460761	462.734018	E	<b>504.277637</b>	252.642456	487.251088	244.129182	486.267072	243.637174	4
10	1029.503354	<b>515.255315</b>	1012.476805	506.742040	1011.492789	506.250032	S	<b>375.235044</b>	188.121160	358.208495	179.607885	357.224479	179.115877	3
11	1142.587418	571.797347	1125.560869	563.284073	<b>1124.576853</b>	562.792065	L	<b>288.203016</b>	144.605146	271.176467	136.091871			2
12							R	175.118952	88.063114	158.092403	79.549839			1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
52.4	1315.691788	0.001798	<a href="#">GLCAIAQAESLR</a>
13.2	1315.691772	0.001814	<a href="#">EMNNLQLALAR</a>
10.8	1314.677887	1.015699	<a href="#">SAQAEELALR</a>
10.4	1314.685333	1.008253	<a href="#">SGDAIVDMVPGK</a>
8.9	1315.698303	-0.004717	<a href="#">ETGAPSKEGKEK</a>
8.9	1315.698303	-0.004717	<a href="#">ETGAPSKEGKEK</a>
8.9	1315.698303	-0.004717	<a href="#">ETGAPSKEGKEK</a>

7.9	1315.688431	0.005155	<a href="#">TADWKTRADPK</a>
6.3	1315.699173	-0.005587	<a href="#">KMLPMLESPSR</a>
5.8	1313.693909	1.999677	<a href="#">EGALVELQTNGR</a>

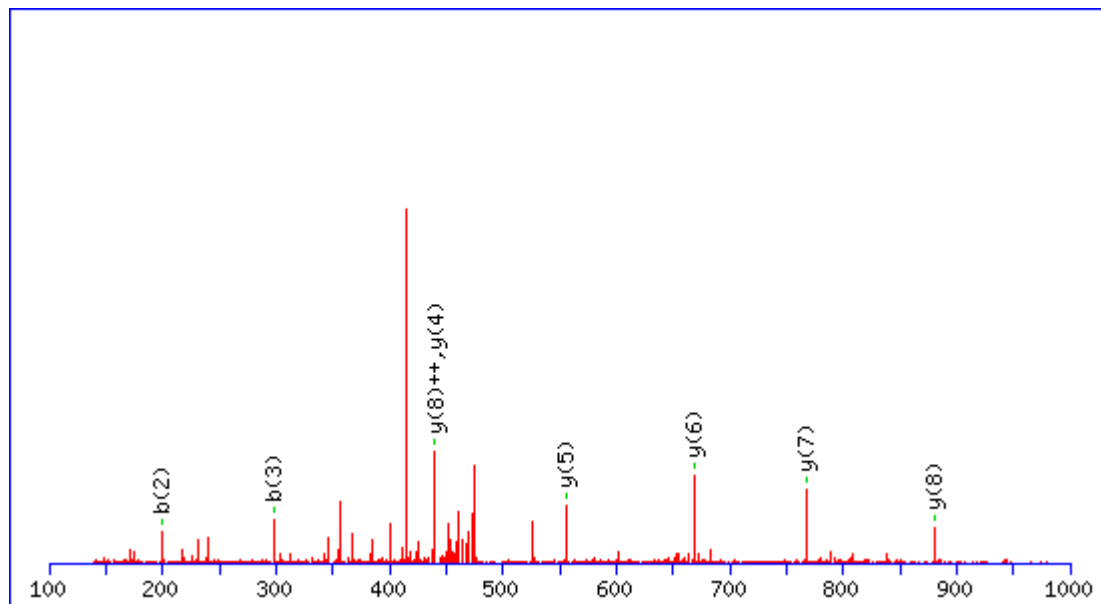
MS/MS Fragmentation of **GLVLDHGAR**

Found in **IPI00027626.3**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=CCT6A T-complex protein 1 subunit zeta

Match to Query 3458: 964.544682 from(483.279617,2+)

Title: Elution from: 19.46 to 23.27 period: FD070412dMavril04.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 212317.7 FinneganScanNumber: 1187

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril04.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 964.545410

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

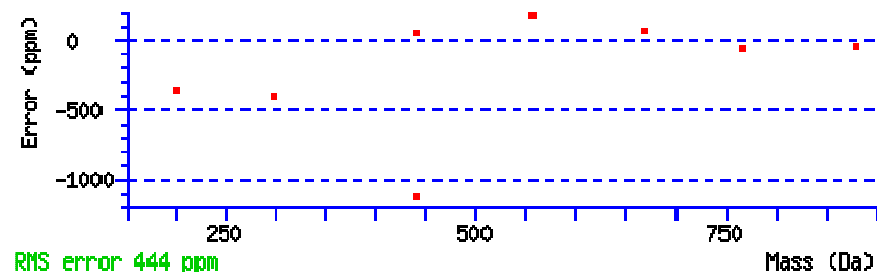
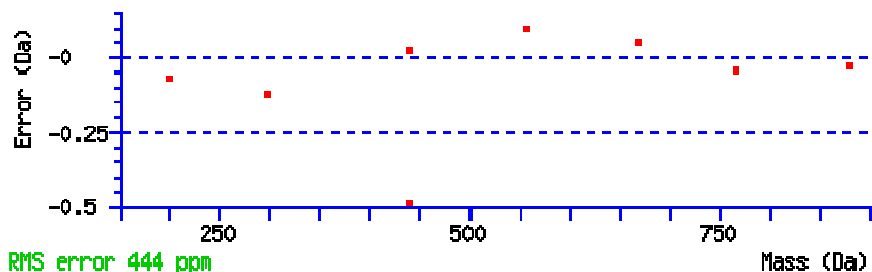
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 39 **Expect:** 0.039

**Matches (Bold Red):** 8/64 fragment ions using 12 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y <sup>*</sup>	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	86.060036	43.533656			G							9
2	<b>199.144100</b>	100.075688			L	<b>880.499927</b>	<b>440.753602</b>	863.473378	432.240327	862.489362	431.748319	8
3	<b>298.212514</b>	149.609895			V	<b>767.415863</b>	384.211570	750.389314	375.698295	749.405298	375.206287	7
4	411.296578	206.151927			L	<b>668.347449</b>	334.677363	651.320900	326.164088	650.336884	325.672080	6
5	526.323521	263.665399	508.312956	254.660116	D	<b>555.263385</b>	278.135331	538.236836	269.622056	537.252820	269.130048	5
6	663.382433	332.194855	645.371868	323.189572	H	<b>440.236442</b>	220.621859	423.209893	212.108585			4
7	720.403897	360.705587	702.393332	351.700304	G	303.177530	152.092403	286.150981	143.579129			3
8	791.441011	396.224144	773.430446	387.218861	A	246.156066	123.581671	229.129517	115.068397			2
9					R	175.118952	88.063114	158.092403	79.549840			1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
39.1	964.545410	-0.000728	<a href="#">GLVLDHGAR</a>
13.8	964.545410	-0.000728	<a href="#">VVEIGHQR</a>
7.5	964.545395	-0.000713	<a href="#">SSHLTKHK</a>
6.3	964.545395	-0.000713	<a href="#">SSHLTKHK</a>
5.0	964.545410	-0.000728	<a href="#">IGISPTGHR</a>
2.7	964.545395	-0.000713	<a href="#">APTLATAHR</a>
2.4	964.538864	0.005818	<a href="#">GHMRKHK</a>
1.8	964.538864	0.005818	<a href="#">GHMRKHK</a>
1.1	962.547028	1.997654	<a href="#">SMLLSAIGK</a>
1.0	963.550140	0.994542	<a href="#">ASPSPPPKR</a>

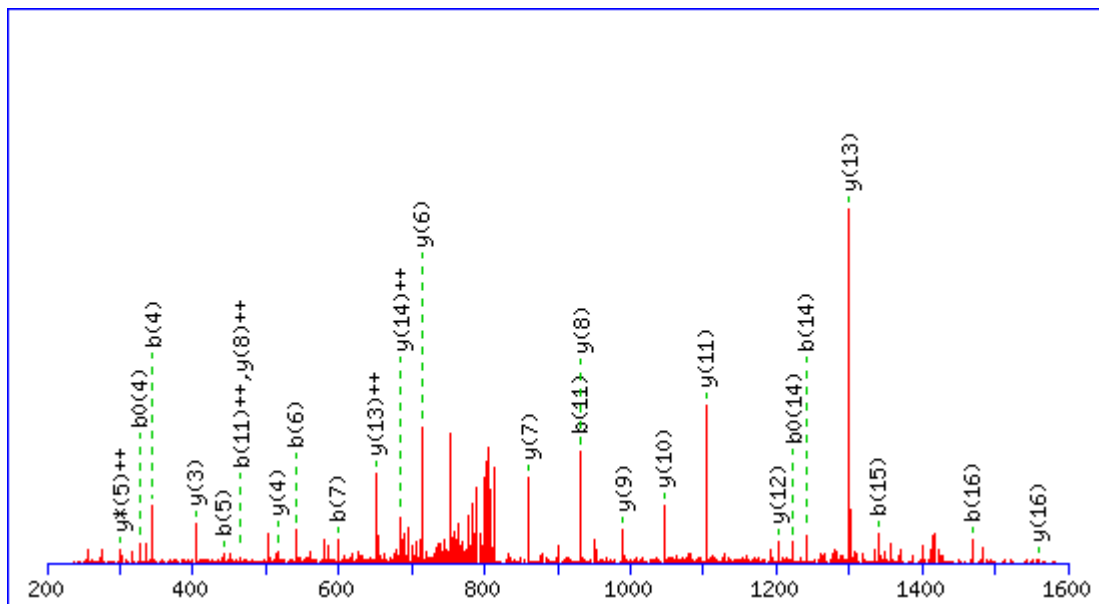
MS/MS Fragmentation of **GSTAPVGGGAFPTIVER**

Found in **IPI00299571.5**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=PDIA6 Isoform 2 of Protein disulfide-isomerase A6

Match to Query 5406: 1642.874960 from(822.444756,2+)

Title: Elution from: 36.82 to 40.75 period: FD070412dMavril05.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 569385.1 FinneganScanNumber: 2480

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril05.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1642.867889

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

**Variable modifications:**

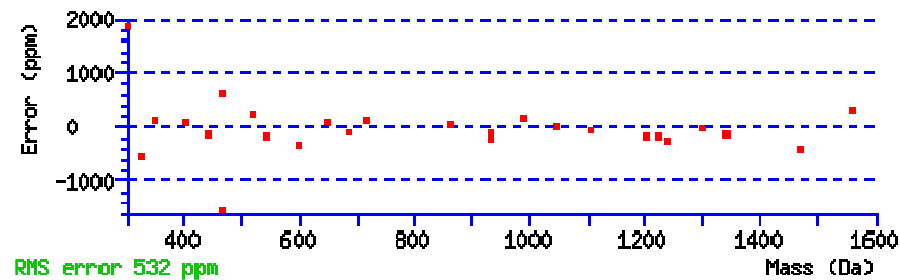
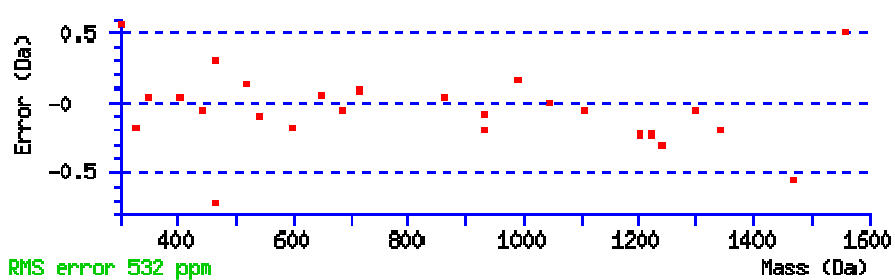
**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 70 **Expect:** 4.6e-05

**Matches (Bold Red):** 26/156 fragment ions using 48 most intense peaks



#	b	b <sup>++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y <sup>*</sup>	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	86.060036	43.533656			G							17
2	173.092064	87.049670	155.081499	78.044387	S	1558.822385	779.914831	1541.795836	771.401556	1540.811820	770.909548	16
3	274.139743	137.573510	256.129178	128.568227	T	1471.790357	736.398817	1454.763808	727.885542	1453.779792	727.393534	15
4	345.176857	173.092066	327.166292	164.086784	A	1370.742678	685.874977	1353.716129	677.361703	1352.732113	676.869695	14
5	442.229621	221.618448	424.219056	212.613166	P	1299.705564	650.356420	1282.679015	641.843146	1281.694999	641.351138	13
6	541.298035	271.152656	523.287470	262.147373	V	1202.652800	601.830038	1185.626251	593.316764	1184.642235	592.824756	12
7	598.319499	299.663388	580.308934	290.658105	G	1103.584386	552.295831	1086.557837	543.782557	1085.573821	543.290549	11
8	655.340963	328.174120	637.330398	319.168837	G	1046.562922	523.785099	1029.536373	515.271825	1028.552357	514.779817	10
9	712.362427	356.684852	694.351862	347.679569	G	989.541458	495.274367	972.514909	486.761093	971.530893	486.269085	9
10	783.399541	392.203409	765.388976	383.198126	A	932.519994	466.763635	915.493445	458.250360	914.509429	457.758353	8
11	930.467955	465.737616	912.457390	456.732333	F	861.482880	431.245078	844.456331	422.731804	843.472315	422.239796	7
12	1027.520719	514.263998	1009.510154	505.258715	P	714.414466	357.710871	697.387917	349.197597	696.403901	348.705589	6
13	1128.568398	564.787837	1110.557833	555.782555	T	617.361702	309.184489	600.335153	300.671215	599.351137	300.179207	5
14	1241.652462	621.329869	1223.641897	612.324587	I	516.314023	258.660650	499.287474	250.147375	498.303458	249.655367	4
15	1340.720876	670.864076	1322.710311	661.858794	V	403.229959	202.118618	386.203410	193.605343	385.219394	193.113335	3
16	1469.763469	735.385373	1451.752904	726.380090	E	304.161545	152.584411	287.134996	144.071136	286.150980	143.579128	2
17					R	175.118952	88.063114	158.092403	79.549839			1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
69.7	1642.867889	0.007071	<a href="#">GSTAPVGGGAFPTIVER</a>
9.0	1642.871216	0.003744	<a href="#">LQELIDQLECKVR</a>

8.4	1641.868546	1.006414	<a href="#">ADELQKQKEELQR</a>
6.5	1642.875061	-0.000101	<a href="#">QQQSGSGTKSRPAK</a>
4.4	1642.888962	-0.014002	<a href="#">SLQVLNDKNVSNEK</a>
3.6	1642.879059	-0.004099	<a href="#">RHQEYKSVG NLEK</a>
3.2	1642.889847	-0.014887	<a href="#">ATPRLASTMGMGPLGK</a>
2.6	1642.877701	-0.002741	<a href="#">IAQTRLLEEEEEK</a>
2.3	1642.864700	0.010260	<a href="#">MQEPRRVTPCLGK</a>
2.2	1642.886459	-0.011499	<a href="#">ELWEKNGAVIMAVR</a>

---

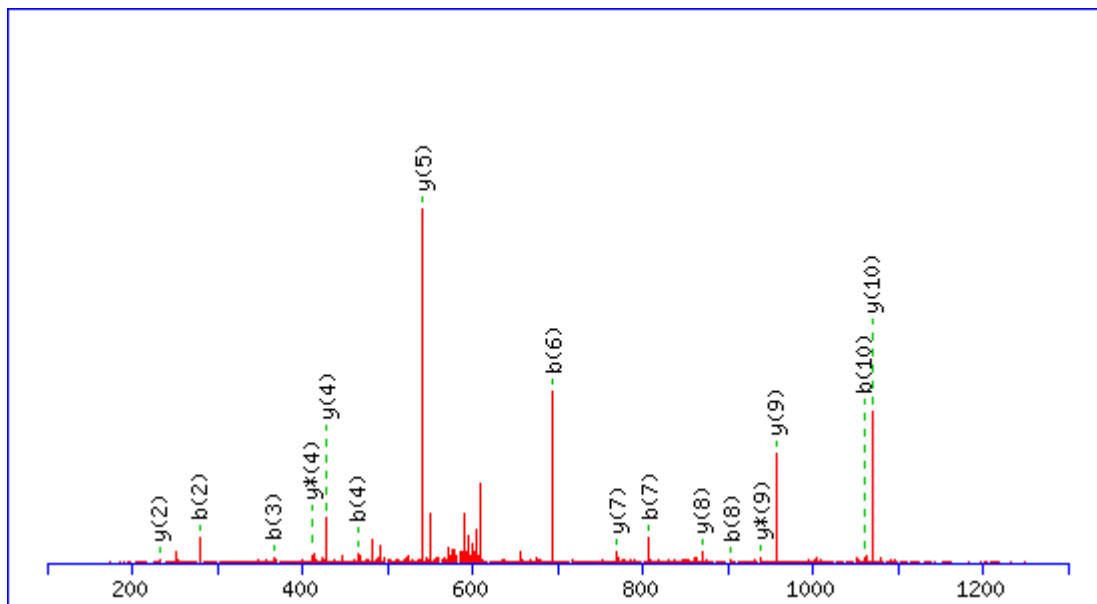
MS/MS Fragmentation of **HLSVNDLPVGR**

Found in **IPI00024919.3**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=PRDX3 Thioredoxin-dependent peroxide reductase, mitochondrial

Match to Query 4286: 1233.684350 from(617.849451,2+)

Title: Elution from: 30.08 to 33.90 period: FD070412dMavril06.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 1599385.7 FinneganScanNumber: 1943

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril06.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1233.682968

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

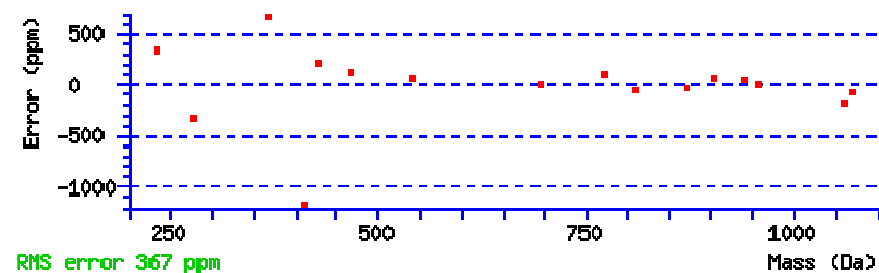
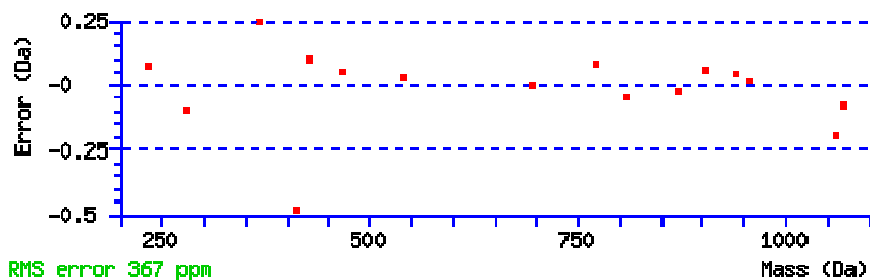
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 44 **Expect:** 0.017

**Matches (Bold Red):** 16/98 fragment ions using 47 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b*	b <sup>*++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y*	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	166.097484	83.552380					H							11
2	<b>279.181548</b>	140.094412					L	<b>1069.600034</b>	535.303655	1052.573485	526.790381	1051.589469	526.298373	10
3	<b>366.213576</b>	183.610426			348.203011	174.605143	S	<b>956.515970</b>	478.761623	<b>939.489421</b>	470.248349	938.505405	469.756341	9
4	<b>465.281990</b>	233.144633			447.271425	224.139350	V	<b>869.483942</b>	435.245609	852.457393	426.732335	851.473377	426.240327	8
5	579.324917	290.166097	562.298368	281.652822	561.314352	281.160814	N	<b>770.415528</b>	385.711402	753.388979	377.198127	752.404963	376.706119	7
6	<b>694.351860</b>	347.679568	677.325311	339.166293	676.341295	338.674285	D	656.372601	328.689939	639.346052	320.176664	638.362036	319.684656	6
7	<b>807.435924</b>	404.221600	790.409375	395.708326	789.425359	395.216318	L	<b>541.345658</b>	271.176467	524.319109	262.663193			5
8	<b>904.488688</b>	452.747982	887.462139	444.234708	886.478123	443.742700	P	<b>428.261594</b>	214.634435	<b>411.235045</b>	206.121160			4
9	1003.557102	502.282189	986.530553	493.768914	985.546537	493.276906	V	331.208830	166.108053	314.182281	157.594778			3
10	<b>1060.578566</b>	530.792921	1043.552017	522.279647	1042.568001	521.787639	G	<b>232.140416</b>	116.573846	215.113867	108.060571			2
11							R	175.118952	88.063114	158.092403	79.549839			1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
43.7	1233.682968	0.001382	<a href="#">HLSVNDLPVGR</a>
4.0	1233.694168	-0.009818	<a href="#">RQDLLSRYR</a>
4.0	1233.694168	-0.009818	<a href="#">SRRLQEVYR</a>
4.0	1231.671326	2.013024	<a href="#">YQNGVLPWKK</a>
2.4	1232.681183	1.003167	<a href="#">HLVCRLHDK</a>
1.8	1232.679840	1.004510	<a href="#">SILVKDTQAMK</a>
1.6	1233.690353	-0.006003	<a href="#">MKKDLFPVGR</a>
1.4	1232.676483	1.007867	<a href="#">EGOILKVFQDK</a>

0.8	1233.682968	0.001382	<a href="#">IVVQPETQHR</a>
0.6	1233.694183	-0.009833	<a href="#">RGPAAPPDKGR</a>

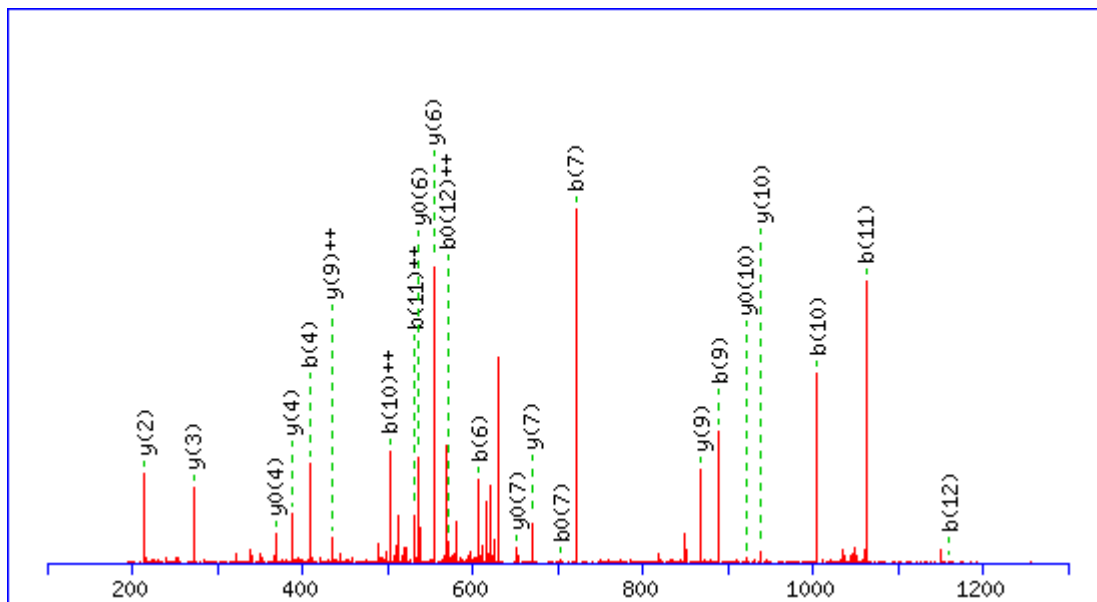
MS/MS Fragmentation of **HTAAPDTPADGPV**

Found in **IPI00030362.1**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=PLP2 Proteolipid protein 2

Match to Query 4442: 1275.614480 from(638.814516,2+)

Title: Elution from: 21.65 to 25.54 period: FD070412dMavril06.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 2533099.5 FinneganScanNumber: 1311

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril06.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1275.609543

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

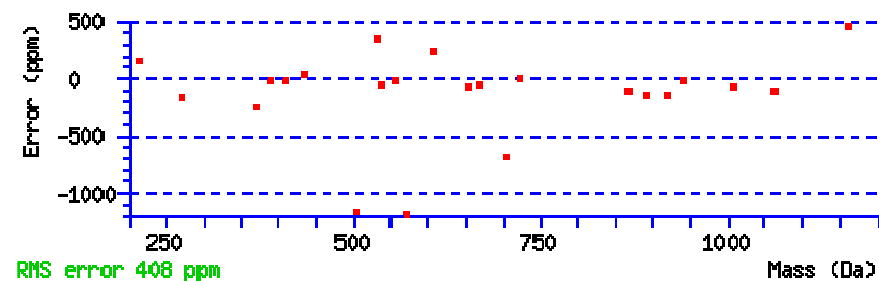
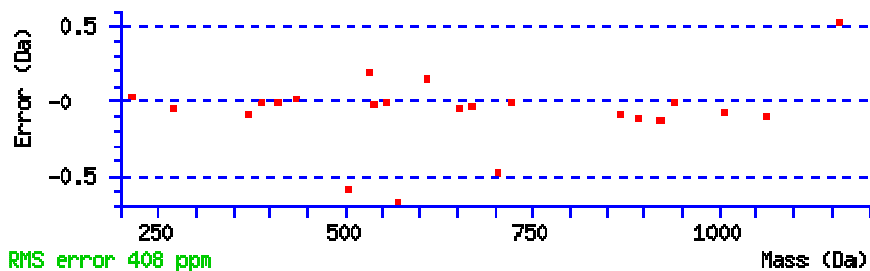
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 60 **Expect:** 0.00018

**Matches (Bold Red):** 23/88 fragment ions using 33 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	166.097484	83.552380			H					13
2	267.145163	134.076219	249.134598	125.070937	T	1111.526597	556.266937	1093.516032	547.261654	12
3	338.182277	169.594776	320.171712	160.589494	A	1010.478918	505.743097	992.468353	496.737815	11
4	<b>409.219391</b>	205.113333	391.208826	196.108051	A	<b>939.441804</b>	470.224540	<b>921.431239</b>	461.219258	10
5	506.272155	253.639715	488.261590	244.634433	P	<b>868.404690</b>	<b>434.705983</b>	850.394125	425.700701	9
6	<b>607.319834</b>	304.163555	589.309269	295.158273	T	771.351926	386.179601	753.341361	377.174319	8
7	<b>722.346777</b>	361.677027	<b>704.336212</b>	352.671744	D	<b>670.304247</b>	335.655762	<b>652.293682</b>	326.650479	7
8	819.399541	410.203409	801.388976	401.198126	P	<b>555.277304</b>	278.142290	<b>537.266739</b>	269.137008	6
9	<b>890.436655</b>	445.721966	872.426090	436.716683	A	458.224540	229.615908	440.213975	220.610625	5
10	<b>1005.463598</b>	<b>503.235437</b>	987.453033	494.230154	D	<b>387.187426</b>	194.097351	<b>369.176861</b>	185.092068	4
11	<b>1062.485062</b>	<b>531.746169</b>	1044.474497	522.740886	G	<b>272.160483</b>	136.583879			3
12	<b>1159.537826</b>	580.272551	1141.527261	<b>571.267269</b>	P	<b>215.139019</b>	108.073148			2
13					V	118.086255	59.546766			1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
60.2	1275.609543	0.004937	<a href="#">HTAAPDPADGPV</a>
11.6	1275.624115	-0.009635	<a href="#">DPMNKSGGKDR</a>
8.8	1275.606842	0.007638	<a href="#">DDRGGRQGYPR</a>
5.2	1274.618973	0.995507	<a href="#">WGGRSAPTEMR</a>
4.4	1275.624115	-0.009635	<a href="#">DPMNKSGGKDR</a>
4.3	1275.620270	-0.005790	<a href="#">EGIMNPEVGMK</a>

3.9	1275.624115	-0.009635	<a href="#">DRDPMNKSGGK</a>
3.7	1273.601929	2.012551	<a href="#">SRACHEMALR</a>
3.6	1275.620270	-0.005790	<a href="#">MLEHTEAVMK</a>
3.5	1274.621490	0.992990	<a href="#">SVQDSGQGGREK</a>



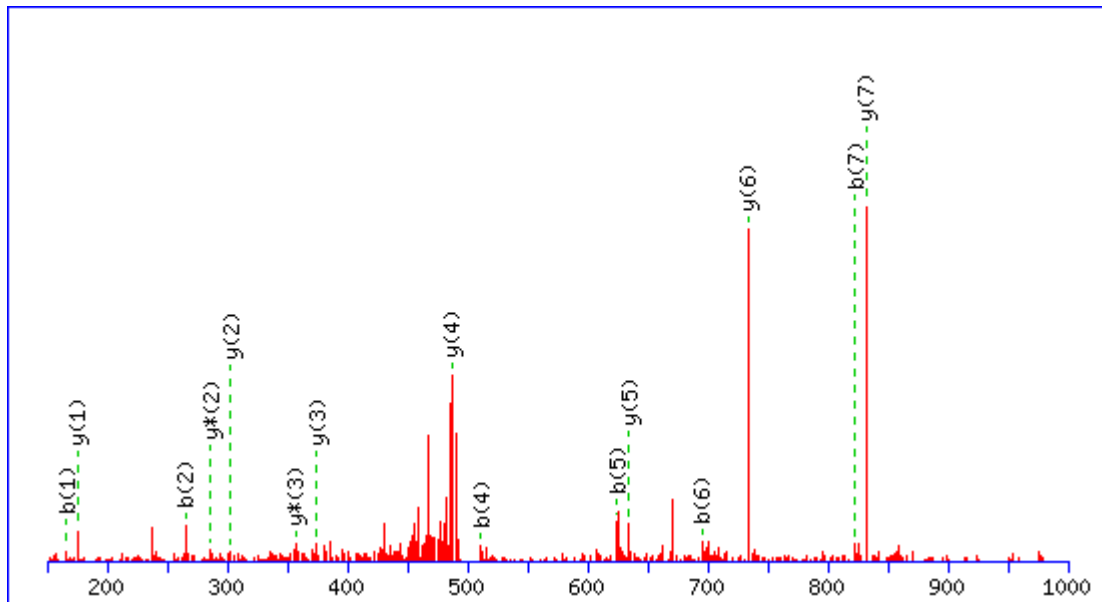
MS/MS Fragmentation of **HVVFIAQR**

Found in **IPI00008293.4**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=LOC149224 similar to mCG19129

Match to Query 3416: 996.587714 from(499.301133,2+)

Title: Elution from: 24.03 to 27.93 period: FD070412dMavril06.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 2693667.9 FinneganScanNumber: 1482

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril06.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 996.586884

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

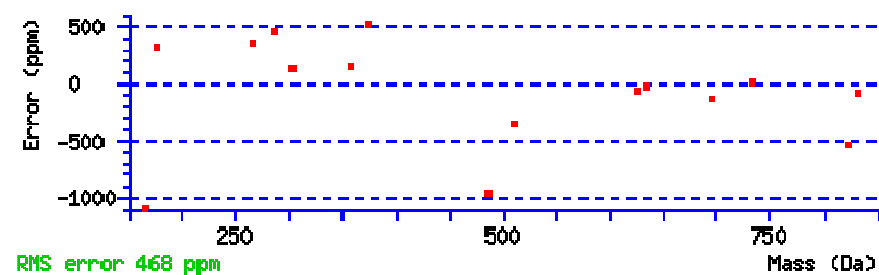
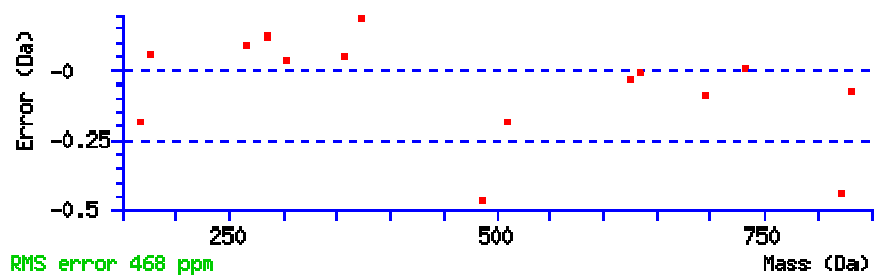
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 31 **Expect:** 0.13

**Matches (Bold Red):** 15/44 fragment ions using 57 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b <sup>*</sup>	b <sup>*++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y <sup>*</sup>	y <sup>*++</sup>	#
1	166.097484	83.552380			H					8
2	265.165898	133.086587			V	832.503950	416.755613	815.477401	408.242339	7
3	364.234312	182.620794			V	733.435536	367.221406	716.408987	358.708131	6
4	511.302726	256.155001			F	634.367122	317.687199	617.340573	309.173924	5
5	624.386790	312.697033			I	487.298708	244.152992	470.272159	235.639717	4
6	695.423904	348.215590			A	374.214644	187.610960	357.188095	179.097685	3
7	823.482482	412.244879	806.455933	403.731605	Q	303.177530	152.092403	286.150981	143.579128	2
8					R	175.118952	88.063114	158.092403	79.549839	1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
31.3	996.586884	0.000830	<a href="#">HVVFIAQR</a>
7.3	994.581085	2.006629	<a href="#">HELEKALK</a>
3.1	996.586899	0.000815	<a href="#">HVVFIVQR</a>
2.5	996.596771	-0.009057	<a href="#">QVDPVQKK</a>
2.0	994.585114	2.002600	<a href="#">YQPYKIK</a>
1.9	995.576340	1.011374	<a href="#">EKSLQAHK</a>
1.9	995.576340	1.011374	<a href="#">EKSLQAHK</a>
1.7	996.596771	-0.009057	<a href="#">VDQVPQKK</a>
1.6	994.581116	2.006598	<a href="#">LNVVPPSNK</a>
1.5	995.576355	1.011359	<a href="#">NPEVRTPK</a>

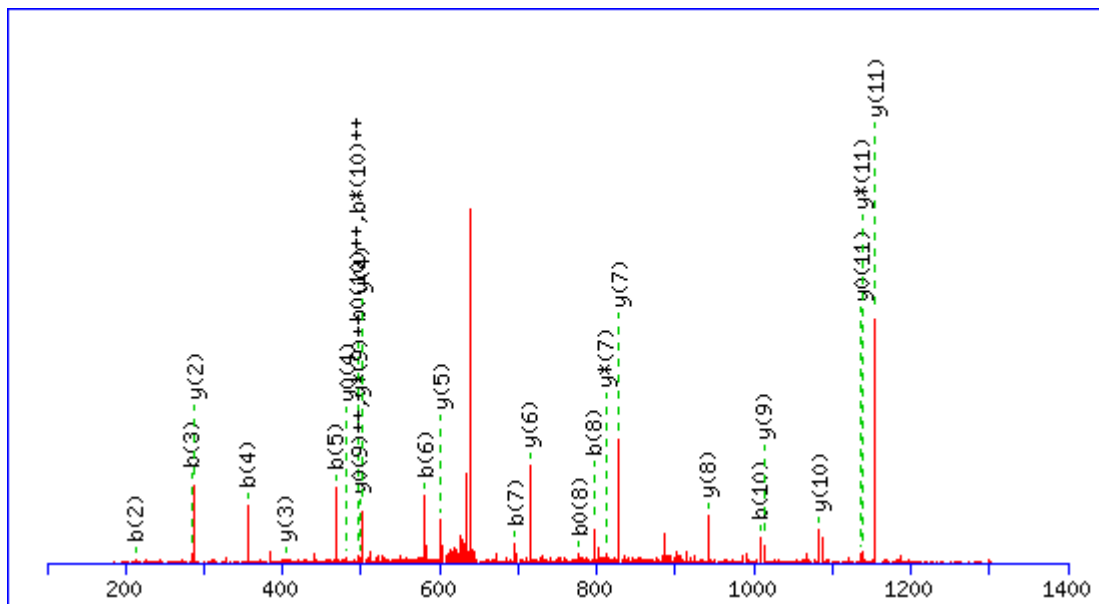
MS/MS Fragmentation of **IAAAILNTPDLR**

Found in **IPI00018206.3**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=GOT2 Aspartate aminotransferase, mitochondrial

Match to Query 4376: 1295.764992 from(648.889772,2+)

Title: Elution from: 37.74 to 41.57 period: FD070412dMavril07.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 1057304.1 FinneganScanNumber: 2757

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril07.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1294.760849

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

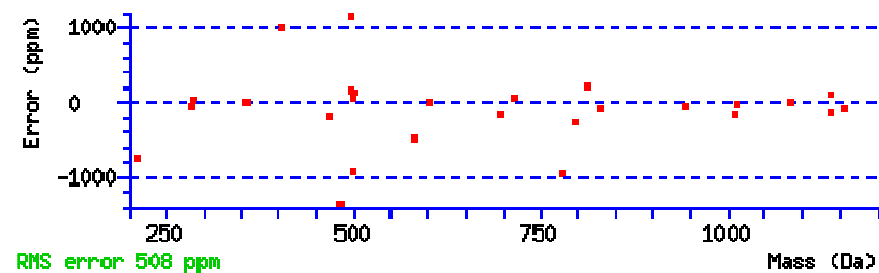
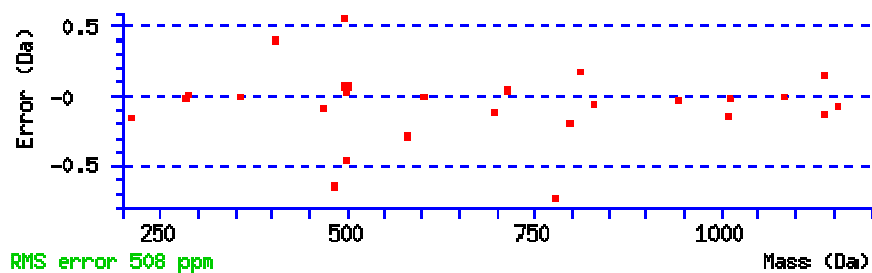
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 68 **Expect:** 3e-05

**Matches (Bold Red):** 27/102 fragment ions using 64 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b*	b <sup>*++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y*	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	142.122636	71.564956					I							12
2	<b>213.159750</b>	107.083513					A	<b>1154.652799</b>	577.830038	<b>1137.626250</b>	569.316763	<b>1136.642234</b>	568.824755	11
3	<b>284.196864</b>	142.602070					A	<b>1083.615685</b>	542.311481	1066.589136	533.798206	1065.605120	533.306198	10
4	<b>355.233978</b>	178.120627					A	<b>1012.578571</b>	506.792923	995.552022	<b>498.279649</b>	994.568006	<b>497.787641</b>	9
5	<b>468.318042</b>	234.662659					I	<b>941.541457</b>	471.274366	924.514908	462.761092	923.530892	462.269084	8
6	<b>581.402106</b>	291.204691					L	<b>828.457393</b>	414.732334	<b>811.430844</b>	406.219060	810.446828	405.727052	7
7	<b>695.445033</b>	348.226155	678.418484	339.712880			N	<b>715.373329</b>	358.190302	698.346780	349.677028	697.362764	349.185020	6
8	<b>796.492712</b>	398.749994	779.466163	390.236719	<b>778.482147</b>	389.744711	T	<b>601.330402</b>	301.168839	584.303853	292.655564	583.319837	292.163556	5
9	893.545476	447.276376	876.518927	438.763102	875.534911	438.271094	P	<b>500.282723</b>	250.644999	483.256174	242.131725	<b>482.272158</b>	241.639717	4
10	<b>1008.572419</b>	504.789848	991.545870	<b>496.276573</b>	990.561854	<b>495.784565</b>	D	<b>403.229959</b>	202.118617	386.203410	193.605343	385.219394	193.113335	3
11	1121.656483	561.331880	1104.629934	552.818605	1103.645918	552.326597	L	<b>288.203016</b>	144.605146	271.176467	136.091871			2
12							R	175.118952	88.063114	158.092403	79.549839			1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
68.3	1294.760849	1.004143	<a href="#">IAAAILNTPDLR</a>
14.3	1294.760880	1.004112	<a href="#">AGTPLGTAPTLLR</a>
7.9	1294.760849	1.004143	<a href="#">ALALDLGSPAALR</a>
6.8	1294.753647	1.011345	<a href="#">LAAFLESTFLK</a>
5.8	1294.749619	1.015373	<a href="#">ALEQDLPVNIK</a>
5.8	1294.760849	1.004143	<a href="#">KDHTASLLNLK</a>
5.7	1294.760849	1.004143	<a href="#">KDHTASLLNLK</a>

5.3	1294.760880	1.004112	<a href="#">VALSPAGVQNLVK</a>
4.5	1293.762924	2.002068	<a href="#">TLPRSGPRNLR</a>
3.4	1295.756104	0.008888	<a href="#">LLEQGAAVNLR</a>

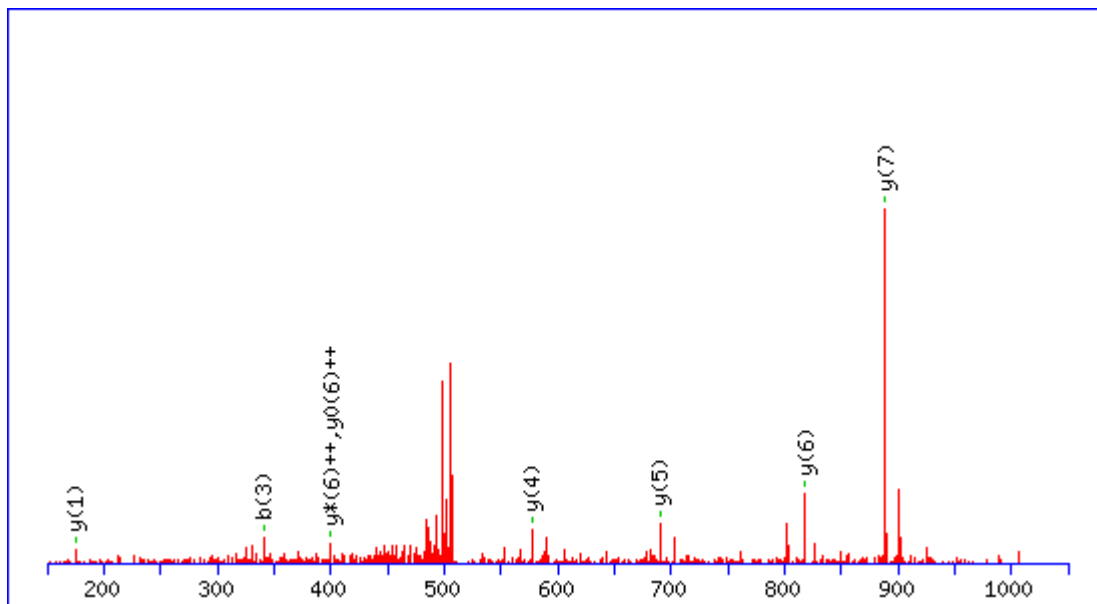
MS/MS Fragmentation of **IAQLICER**

Found in **IPI00013679.1**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=DUT Isoform 1 of Deoxyuridine 5'-triphosphate nucleotidohydrolase, mitochondrial

Match to Query 3530: 1029.568874 from(515.791713,2+)

Title: Elution from: 26.83 to 30.77 period: FD070412dMavril06.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 734691.0 FinneganScanNumber: 1701

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril06.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1029.564072

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

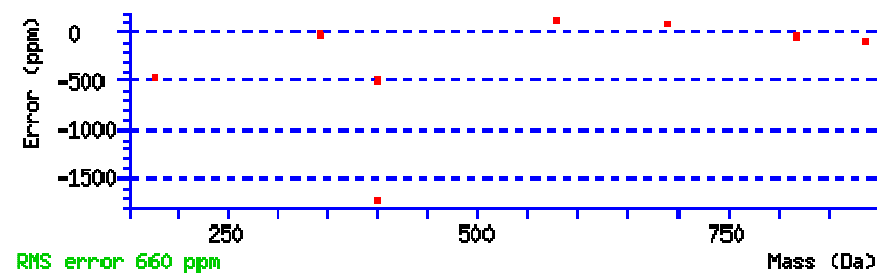
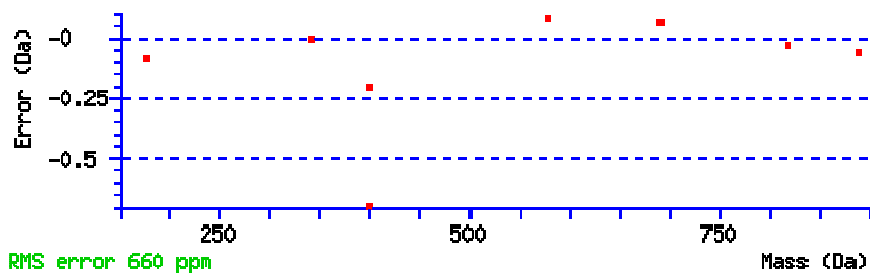
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 36 **Expect:** 0.094

**Matches (Bold Red):** 8/66 fragment ions using 25 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b*	b <sup>*++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y*	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	142.122636	71.564956					I							8
2	213.159750	107.083513					A	889.456014	445.231645	872.429465	436.718371	871.445449	436.226363	7
3	341.218328	171.112802	324.191779	162.599527			Q	818.418900	409.713088	801.392351	401.199814	800.408335	400.707806	6
4	454.302392	227.654834	437.275843	219.141559			L	690.360322	345.683799	673.333773	337.170525	672.349757	336.678517	5
5	567.386456	284.196866	550.359907	275.683592			I	577.276258	289.141767	560.249709	280.628493	559.265693	280.136485	4
6	727.417105	364.212191	710.390556	355.698916			C	464.192194	232.599735	447.165645	224.086461	446.181629	223.594453	3
7	856.459698	428.733487	839.433149	420.220213	838.449133	419.728205	E	304.161545	152.584411	287.134996	144.071136	286.150980	143.579128	2
8							R	175.118952	88.063114	158.092403	79.549840			1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
35.9	1029.564072	0.004802	<a href="#">IAQLICER</a>
11.6	1029.564072	0.004802	<a href="#">LACLAGELR</a>
11.6	1029.560699	0.008175	<a href="#">LAETYLHR</a>
11.6	1029.560699	0.008175	<a href="#">LALGSEAWR</a>
11.5	1029.564087	0.004787	<a href="#">EVCQLLR</a>
11.0	1029.564102	0.004772	<a href="#">VLQPATMVR</a>
10.9	1029.570602	-0.001728	<a href="#">LSVGDIENTK</a>
10.7	1027.559647	2.009227	<a href="#">LPAGKMNNR</a>
10.7	1028.565460	1.003414	<a href="#">PNKEVTWK</a>
10.7	1028.561462	1.007412	<a href="#">PNKVTTVDR</a>

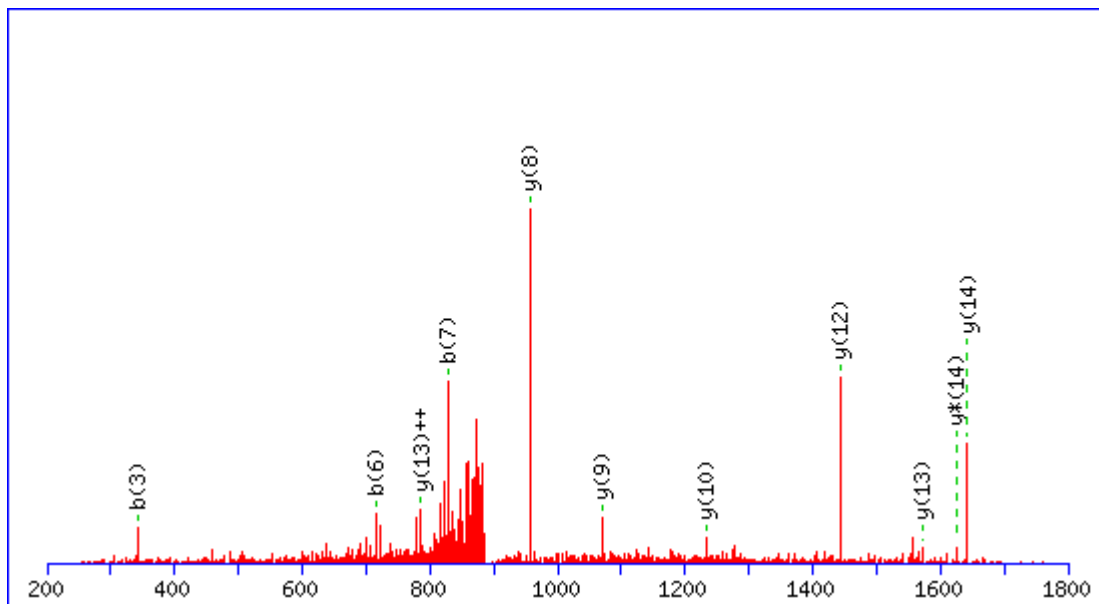
MS/MS Fragmentation of **IAQPNYIPTQQDVL**R

Found in **IPI00337415.9**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=GNAI1 Guanine nucleotide-binding protein G(i), alpha-1 subunit

Match to Query 6293: 1782.964058 from(892.489305,2+)

Title: Elution from: 36.20 to 40.00 period: FD070412dMavril07.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 258010.5 FinneganScanNumber: 2634

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril07.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1782.962814

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

**Variable modifications:**

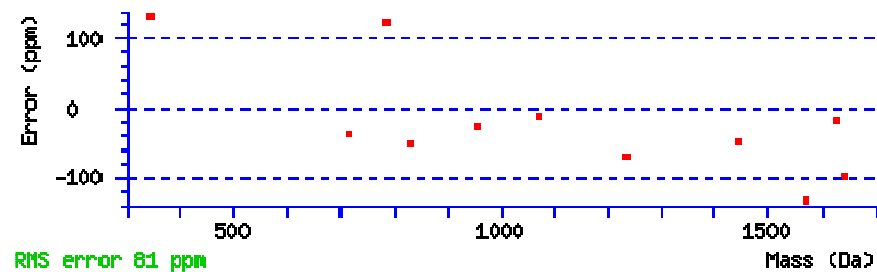
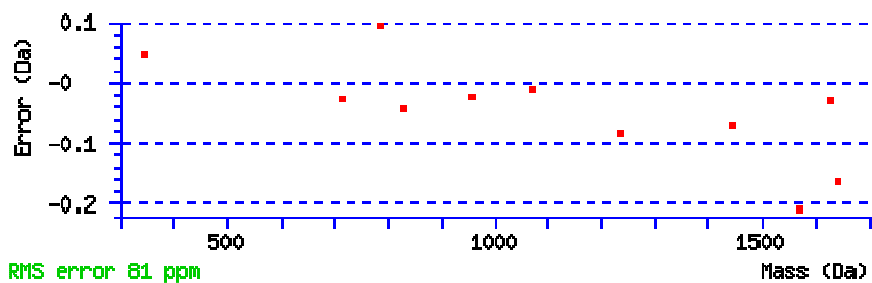
**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 23 **Expect:** 1.8

**Matches (Bold Red):** 11/142 fragment ions using 37 most intense peaks



#	b	b <sup>++</sup>	b*	b <sup>*++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y*	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	142.122636	71.564956					I							15
2	213.159750	107.083513					A	1642.854748	821.931012	1625.828199	813.417738	1624.844183	812.925730	14
3	341.218328	171.112802	324.191779	162.599527			Q	1571.817634	786.412455	1554.791085	777.899181	1553.807069	777.407173	13
4	438.271092	219.639184	421.244543	211.125910			P	1443.759056	722.383166	1426.732507	713.869892	1425.748491	713.377884	12
5	552.314019	276.660648	535.287470	268.147373			N	1346.706292	673.856784	1329.679743	665.343510	1328.695727	664.851502	11
6	715.377348	358.192312	698.350799	349.679038			Y	1232.663365	616.835321	1215.636816	608.322046	1214.652800	607.830038	10
7	828.461412	414.734344	811.434863	406.221070			I	1069.600036	535.303656	1052.573487	526.790382	1051.589471	526.298374	9
8	925.514176	463.260726	908.487627	454.747452			P	956.515972	478.761624	939.489423	470.248350	938.505407	469.756342	8
9	1026.561855	513.784566	1009.535306	505.271291	1008.551290	504.779283	T	859.463208	430.235242	842.436659	421.721968	841.452643	421.229960	7
10	1154.620433	577.813855	1137.593884	569.300580	1136.609868	568.808572	Q	758.415529	379.711403	741.388980	371.198128	740.404964	370.706120	6
11	1282.679011	641.843144	1265.652462	633.329869	1264.668446	632.837861	Q	630.356951	315.682114	613.330402	307.168839	612.346386	306.676831	5
12	1397.705954	699.356615	1380.679405	690.843341	1379.695389	690.351333	D	502.298373	251.652824	485.271824	243.139550	484.287808	242.647542	4
13	1496.774368	748.890822	1479.747819	740.377548	1478.763803	739.885540	V	387.271430	194.139353	370.244881	185.626078			3
14	1609.858432	805.432854	1592.831883	796.919580	1591.847867	796.427572	L	288.203016	144.605146	271.176467	136.091871			2
15							R	175.118952	88.063114	158.092403	79.549839			1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
22.9	1782.962814	0.001244	<a href="#">IAQPNYIPTQQDVLR</a>
11.0	1782.977402	-0.013344	<a href="#">KRSVSEIQLMHNLGK</a>
11.0	1782.977402	-0.013344	<a href="#">KRSVSEIQLMHNLGK</a>
9.8	1782.947525	0.016533	<a href="#">LSQEEQLKSHESKLK</a>

7.9	1781.956314	1.007744	<a href="#">KILEDDKGAFQLYSK</a>
6.7	1782.976730	-0.012672	<a href="#">DLYLIPLSAQDPVPSK</a>
5.9	1782.972702	-0.008644	<a href="#">NPTPESVAIGELKGTSK</a>
3.7	1782.947556	0.016502	<a href="#">DIQDENQLLVADVCR</a>
2.6	1782.951569	0.012489	<a href="#">LKPEGAPEPEGVAAPPK</a>
1.7	1781.974762	0.989296	<a href="#">KIAEETAVAQRPGGATR</a>

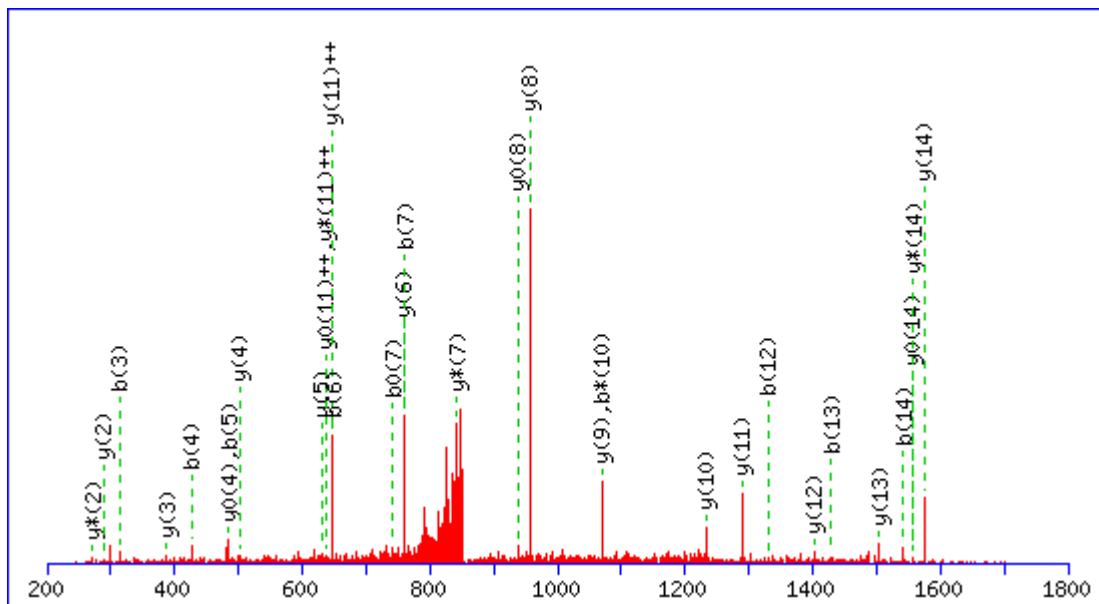
MS/MS Fragmentation of **IATLGYLPTQQDVL**R

Found in **IPI00305551.3**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=GNA11 Guanine nucleotide-binding protein subunit alpha-11

Match to Query 5960: 1714.969456 from(858.492004,2+)

Title: Elution from: 42.69 to 46.68 period: FD070412dMavril07.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 515771.8 FinneganScanNumber: 3162

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril07.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1714.961761

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

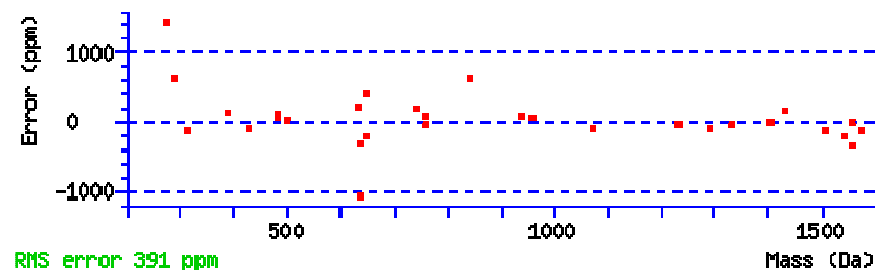
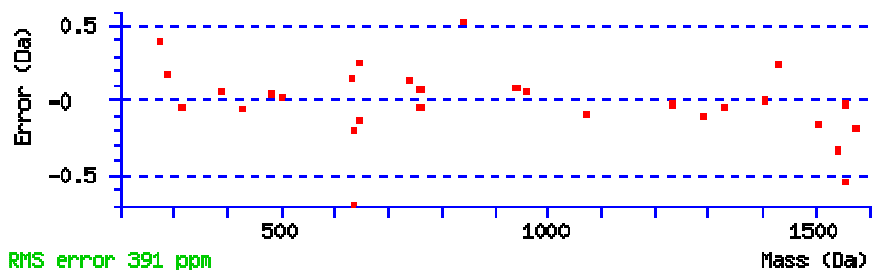
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 50 **Expect:** 0.0029

**Matches (Bold Red):** 31/140 fragment ions using 84 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b*	b <sup>*++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y*	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	142.122636	71.564956					I							15
2	213.159750	107.083513					A	1574.853686	787.930481	1557.827137	779.417207	1556.843121	778.925199	14
3	314.207429	157.607352			296.196864	148.602070	T	1503.816572	752.411924	1486.790023	743.898650	1485.806007	743.406641	13
4	427.291493	214.149384			409.280928	205.144102	L	1402.768893	701.888085	1385.742344	693.374810	1384.758328	692.882802	12
5	484.312957	242.660116			466.302392	233.654834	G	1289.684829	645.346053	1272.658280	636.832778	1271.674264	636.340770	11
6	647.376286	324.191781			629.365721	315.186499	Y	1232.663365	616.835321	1215.636816	608.322046	1214.652800	607.830038	10
7	760.460350	380.733813			742.449785	371.728531	L	1069.600036	535.303656	1052.573487	526.790382	1051.589471	526.298374	9
8	857.513114	429.260195			839.502549	420.254913	P	956.515972	478.761624	939.489423	470.248350	938.505407	469.756342	8
9	958.560793	479.784035			940.550228	470.778752	T	859.463208	430.235242	842.436659	421.721968	841.452643	421.229960	7
10	1086.619371	543.813324	1069.592822	535.300049	1068.608806	534.808041	Q	758.415529	379.711403	741.388980	371.198128	740.404964	370.706120	6
11	1214.677949	607.842613	1197.651400	599.329338	1196.667384	598.837330	Q	630.356951	315.682114	613.330402	307.168839	612.346386	306.676831	5
12	1329.704892	665.356084	1312.678343	656.842810	1311.694327	656.350802	D	502.298373	251.652824	485.271824	243.139550	484.287808	242.647542	4
13	1428.773306	714.890291	1411.746757	706.377017	1410.762741	705.885009	V	387.271430	194.139353	370.244881	185.626078			3
14	1541.857370	771.432323	1524.830821	762.919049	1523.846805	762.427041	L	288.203016	144.605146	271.176467	136.091871			2
15							R	175.118952	88.063114	158.092403	79.549839			1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
50.5	1714.961761	0.007695	<a href="#">IATLGYLPTQODVLR</a>
8.4	1714.979034	-0.009578	<a href="#">IATLMDSLDPDITLLK</a>
5.7	1714.972946	-0.003490	<a href="#">AAKYGVGTPAAAAAKAAAK</a>
5.7	1714.977005	-0.007549	<a href="#">PSKKAPVQWIPPPDK</a>

4.1	1714.980347	-0.010891	<a href="#">AELINIHLMVELK</a>
4.0	1714.957733	0.011723	<a href="#">LELTPTTSLSTRVNR</a>
3.6	1714.961731	0.007725	<a href="#">NLTLKTL SGLNWA EK</a>
3.6	1714.971619	-0.002163	<a href="#">IDSKEKQVILTEEK</a>
3.6	1714.965118	0.004338	<a href="#">IMLKGGNITLLQSVSN</a>
3.2	1712.975952	1.993504	<a href="#">MKOISLDIFKGLHR</a>

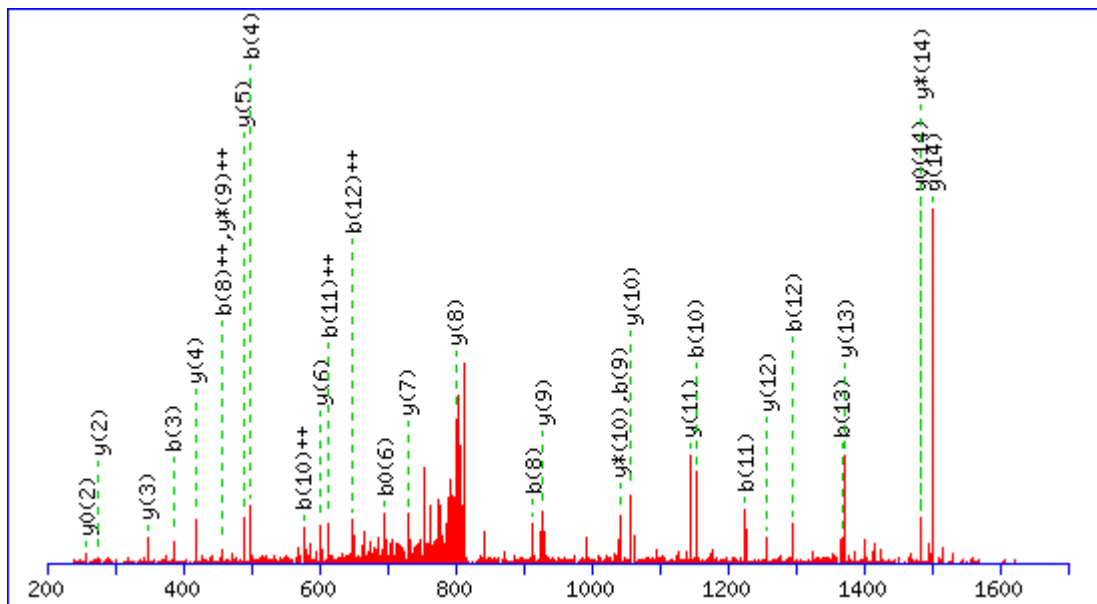
MS/MS Fragmentation of **IEDLSQQAQLAAAEK**

Found in **IPI00023748.3**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=NACA Nascent polypeptide-associated complex subunit alpha

Match to Query 5494: 1641.858172 from(821.936362,2+)

Title: Elution from: 30.85 to 34.72 period: FD070412dMavril07.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 477596.0 FinneganScanNumber: 2194

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril07.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1641.857315

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

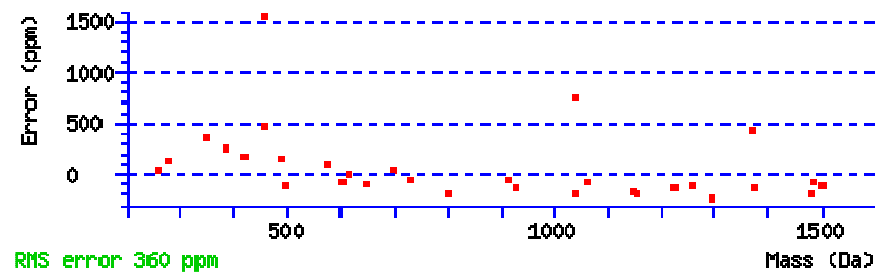
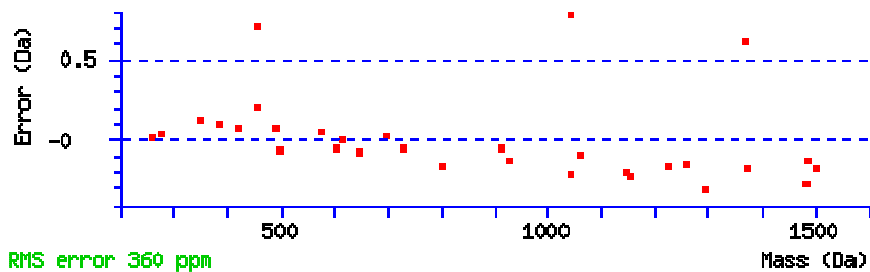
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 101 **Expect:** 3e-08

**Matches (Bold Red):** 31/154 fragment ions using 65 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b*	b <sup>*++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y*	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	142.122636	71.564956					I							15
2	271.165229	136.086253			253.154664	127.080970	E	1501.749279	751.378278	1484.722730	742.865003	1483.738714	742.372995	14
3	386.192172	193.599724			368.181607	184.594442	D	1372.706686	686.856981	1355.680137	678.343707	1354.696121	677.851698	13
4	499.276236	250.141756			481.265671	241.136474	L	1257.679743	629.343509	1240.653194	620.830235	1239.669178	620.338227	12
5	586.308264	293.657770			568.297699	284.652488	S	1144.595679	572.801478	1127.569130	564.288203	1126.585114	563.796195	11
6	714.366842	357.687059	697.340293	349.173785	696.356277	348.681777	Q	1057.563651	529.285463	1040.537102	520.772189	1039.553086	520.280181	10
7	842.425420	421.716348	825.398871	413.203074	824.414855	412.711066	Q	929.505073	465.256174	912.478524	456.742900	911.494508	456.250892	9
8	913.462534	457.234905	896.435985	448.721631	895.451969	448.229623	A	801.446495	401.226885	784.419946	392.713611	783.435930	392.221603	8
9	1041.521112	521.264194	1024.494563	512.750920	1023.510547	512.258912	Q	730.409381	365.708328	713.382832	357.195054	712.398816	356.703046	7
10	1154.605176	577.806226	1137.578627	569.292952	1136.594611	568.800944	L	602.350803	301.679039	585.324254	293.165765	584.340238	292.673757	6
11	1225.642290	613.324783	1208.615741	604.811509	1207.631725	604.319501	A	489.266739	245.137007	472.240190	236.623733	471.256174	236.131725	5
12	1296.679404	648.843340	1279.652855	640.330066	1278.668839	639.838058	A	418.229625	209.618450	401.203076	201.105176	400.219060	200.613168	4
13	1367.716518	684.361897	1350.689969	675.848623	1349.705953	675.356615	A	347.192511	174.099893	330.165962	165.586619	329.181946	165.094611	3
14	1496.759111	748.883194	1479.732562	740.369919	1478.748546	739.877911	E	276.155397	138.581336	259.128848	130.068062	258.144832	129.576054	2
15							K	147.112804	74.060040	130.086255	65.546765			1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
101.0	1641.857315	0.000857	<a href="#">IEDLSQQAQLAAAEK</a>
15.4	1641.872574	-0.014402	<a href="#">IEEANQVLQKWEK</a>
12.8	1641.857330	0.000842	<a href="#">EPNSSAQIDIVISNK</a>
10.1	1641.856201	0.001971	<a href="#">QAWLWVCLPRGTR</a>

7.1	1641.844299	0.013873	<a href="#">LLPGRSCCKPEGGR</a>
6.8	1641.858704	-0.000532	<a href="#">EGGGGAGTAAAVLGGWKR</a>
4.8	1641.854828	0.003344	<a href="#">CDKGNLYNFSKLK</a>
4.5	1641.847626	0.010546	<a href="#">IPLMWKDTEYFK</a>
4.2	1641.868607	-0.010435	<a href="#">GSLSGLSQATHTAVVSK</a>
3.8	1640.859589	0.998583	<a href="#">TPNFNMYVKKVEK</a>



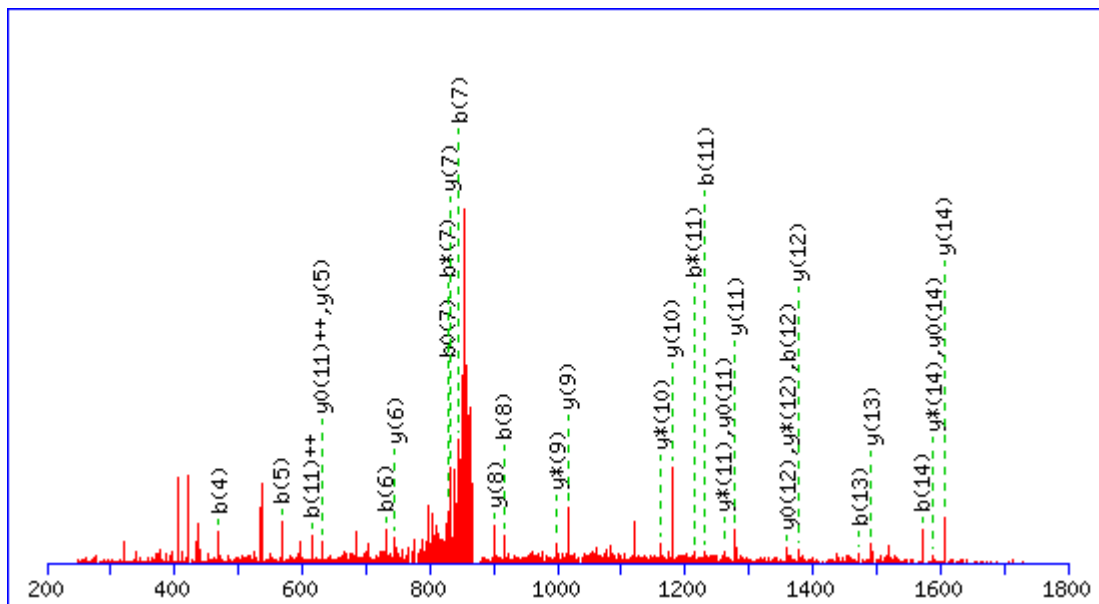
MS/MS Fragmentation of **IDVVYNASNNELVR**

Found in **IPI00216587.9**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=RPS8 40S ribosomal protein S8

Match to Query 6126: 1745.939474 from(873.977013,2+)

Title: Elution from: 38.52 to 42.41 period: FD070412dMavril07.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 557865.2 FinneganScanNumber: 2824

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril07.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1745.931168

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

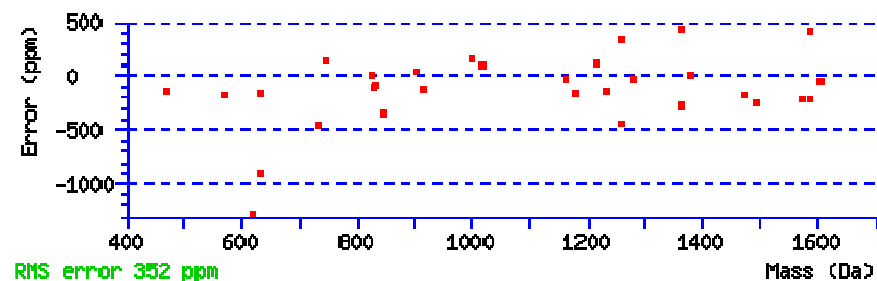
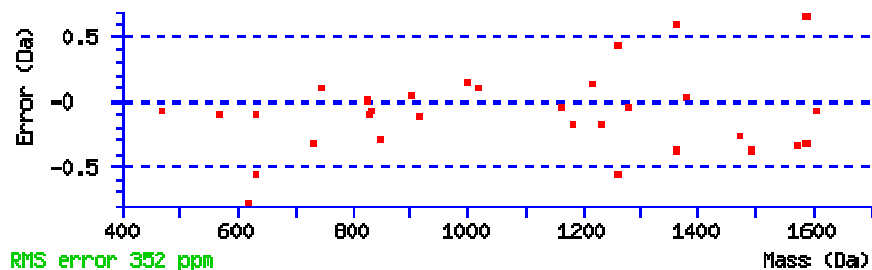
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 46 **Expect:** 0.012

**Matches (Bold Red):** 32/146 fragment ions using 89 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b*	b <sup>*++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y*	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	142.122636	71.564956					I							15
2	255.206700	128.106988					I	1605.823110	803.415193	1588.796561	794.901919	1587.812545	794.409911	14
3	370.233643	185.620459			352.223078	176.615177	D	1492.739046	746.873161	1475.712497	738.359887	1474.728481	737.867879	13
4	469.302057	235.154666			451.291492	226.149384	V	1377.712103	689.359690	1360.685554	680.846415	1359.701538	680.354407	12
5	568.370471	284.688874			550.359906	275.683591	V	1278.643689	639.825483	1261.617140	631.312208	1260.633124	630.820200	11
6	731.433800	366.220538			713.423235	357.215256	Y	1179.575275	590.291276	1162.548726	581.778001	1161.564710	581.285993	10
7	845.476727	423.242002	828.450178	414.728727	827.466162	414.236719	N	1016.511946	508.759611	999.485397	500.246337	998.501381	499.754329	9
8	916.513841	458.760559	899.487292	450.247284	898.503276	449.755276	A	902.469019	451.738148	885.442470	443.224873	884.458454	442.732865	8
9	1003.545869	502.276573	986.519320	493.763298	985.535304	493.271290	S	831.431905	416.219591	814.405356	407.706316	813.421340	407.214308	7
10	1117.588796	559.298036	1100.562247	550.784762	1099.578231	550.292754	N	744.399877	372.703577	727.373328	364.190302	726.389312	363.698294	6
11	1231.631723	616.319500	1214.605174	607.806225	1213.621158	607.314217	N	630.356950	315.682113	613.330401	307.168839	612.346385	306.676831	5
12	1360.674316	680.840796	1343.647767	672.327522	1342.663751	671.835514	E	516.314023	258.660650	499.287474	250.147375	498.303458	249.655367	4
13	1473.758380	737.382828	1456.731831	728.869554	1455.747815	728.377546	L	387.271430	194.139353	370.244881	185.626078			3
14	1572.826794	786.917035	1555.800245	778.403761	1554.816229	777.911753	V	274.187366	137.597321	257.160817	129.084046			2
15							R	175.118952	88.063114	158.092403	79.549839			1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
45.6	1745.931168	0.008306	<a href="#">IIDVVYNASNNELVR</a>
10.9	1743.915527	2.023947	<a href="#">GILDYLDNISPOQIR</a>
7.5	1745.924637	0.014837	<a href="#">KAENKYAGGNPVCVR</a>
5.3	1745.935211	0.004263	<a href="#">DDPLVLYVYAAPQVR</a>

4.9	1745.932037	0.007437	<a href="#">LHQCREVMLLTYK</a>
4.0	1745.953796	-0.014322	<a href="#">LLKYGMLLYQNYR</a>
3.9	1744.928085	1.011389	<a href="#">DMGLVTPEAASLGTVIK</a>
3.6	1745.927994	0.011480	<a href="#">KRMQDLNLAMDALR</a>
3.5	1745.931183	0.008291	<a href="#">IVIDFDSINSRPSQK</a>
2.9	1745.931152	0.008322	<a href="#">EIAQYLLEKGADVNR</a>

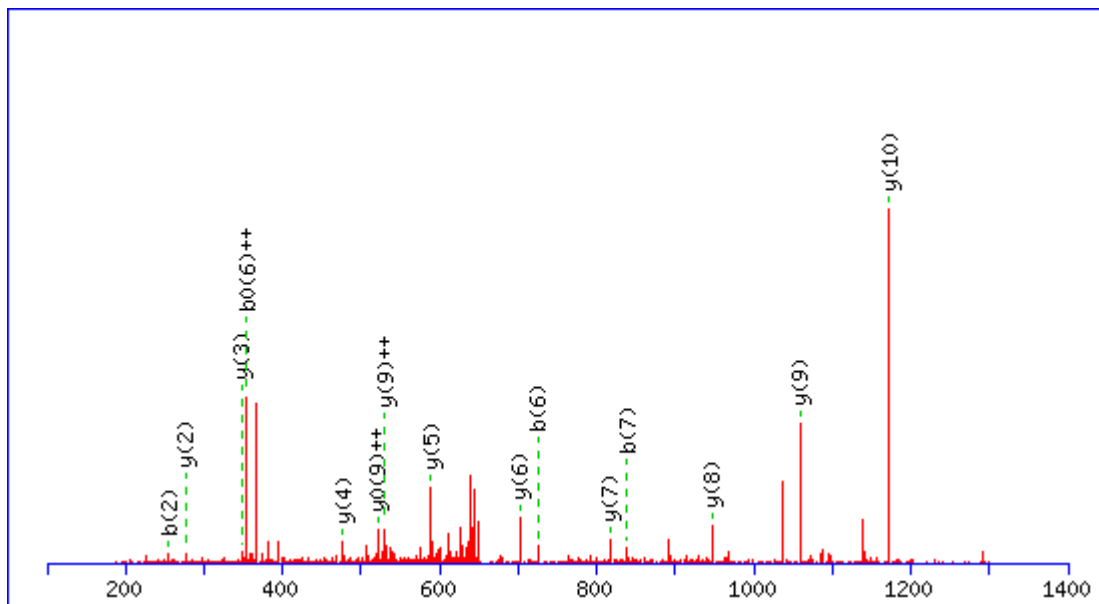
MS/MS Fragmentation of **HIEDLLEATR**

Found in **IPI00001159.10**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=GCN1L1 Translational activator GCN1

Match to Query 5778: 1312.771106 from(657.392829,2+)

Title: Elution from: 48.62 to 52.59 period: FD070412dMavril01.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 194438.9 FinneganScanNumber: 3297

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril01.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1312.760178

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

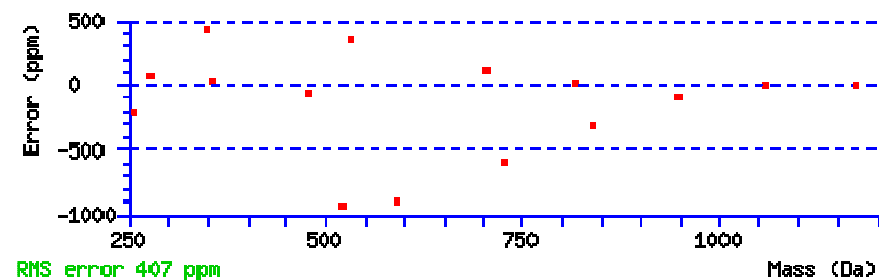
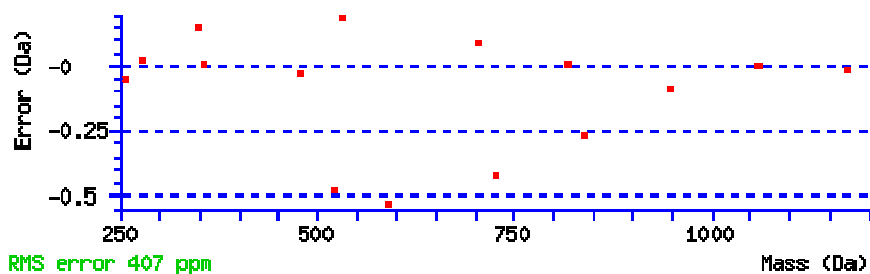
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 55 **Expect:** 0.00096

**Matches (Bold Red):** 15/92 fragment ions using 30 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y*	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	142.122636	71.564956			I							11
2	<b>255.206700</b>	128.106988			I	<b>1172.652130</b>	586.829703	1155.625581	578.316429	1154.641565	577.824421	10
3	368.290764	184.649020			I	<b>1059.568066</b>	<b>530.287671</b>	1042.541517	521.774397	1041.557501	<b>521.282389</b>	9
4	497.333357	249.170316	479.322792	240.165034	E	<b>946.484002</b>	473.745639	929.457453	465.232365	928.473437	464.740357	8
5	612.360300	306.683788	594.349735	297.678506	D	<b>817.441409</b>	409.224343	800.414860	400.711068	799.430844	400.219060	7
6	<b>725.444364</b>	363.225820	707.433799	<b>354.220538</b>	L	<b>702.414466</b>	351.710871	685.387917	343.197597	684.403901	342.705589	6
7	<b>838.528428</b>	419.767852	820.517863	410.762570	L	<b>589.330402</b>	295.168839	572.303853	286.655565	571.319837	286.163557	5
8	967.571021	484.289149	949.560456	475.283866	E	<b>476.246338</b>	238.626807	459.219789	230.113532	458.235773	229.621524	4
9	1038.608135	519.807706	1020.597570	510.802423	A	<b>347.203745</b>	174.105510	330.177196	165.592236	329.193180	165.100228	3
10	1139.655814	570.331545	1121.645249	561.326263	T	<b>276.166631</b>	138.586953	259.140082	130.073679	258.156066	129.581671	2
11					R	175.118952	88.063114	158.092403	79.549839			1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
55.0	1312.760178	0.010928	<a href="#">IIEDLLEATR</a>
16.7	1312.771408	-0.000302	<a href="#">LILENRSRSPK</a>
14.7	1312.775436	-0.004330	<a href="#">IIEIDGQKKW</a>
10.8	1312.771408	-0.000302	<a href="#">LLILSAAGDERK</a>
6.0	1312.760178	0.010928	<a href="#">ILENVEVKGEK</a>
5.8	1311.766266	1.004840	<a href="#">PKIELPERFR</a>
5.8	1311.766266	1.004840	<a href="#">PKIELPERFR</a>
5.3	1311.773499	0.997607	<a href="#">VGIQGRLLKANTR</a>

4.8	1312.760178	0.010928	<a href="#">ILENVEVKGEK</a>
4.2	1311.766281	1.004825	<a href="#">HKLNKGVFGEK</a>

---

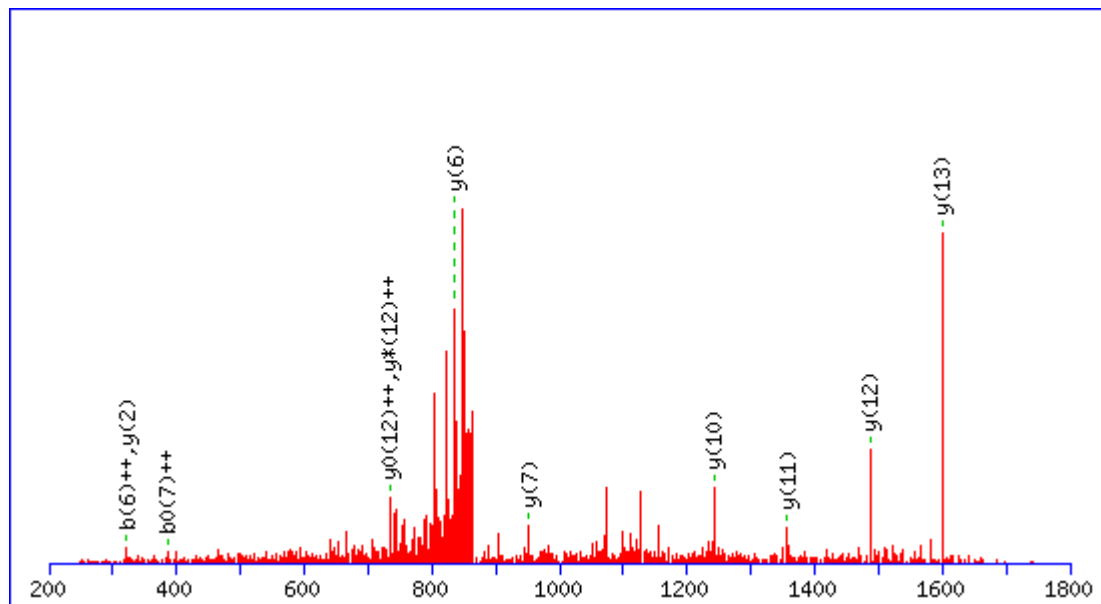
MS/MS Fragmentation of **ILED SGFDEQQEFR**

Found in **IPI00220901.4**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=TBC1D4 TBC1D4 protein

Match to Query 6744: 1740.811876 from(871.413214,2+)

Title: Elution from: 35.11 to 39.00 period: FD070412dMavril02.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 447559.1 FinneganScanNumber: 2412

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril02.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1739.800232

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

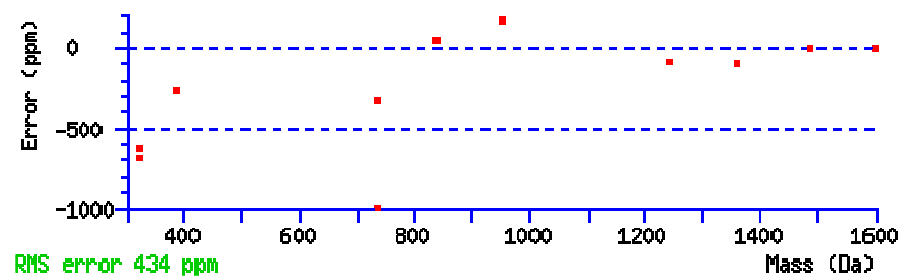
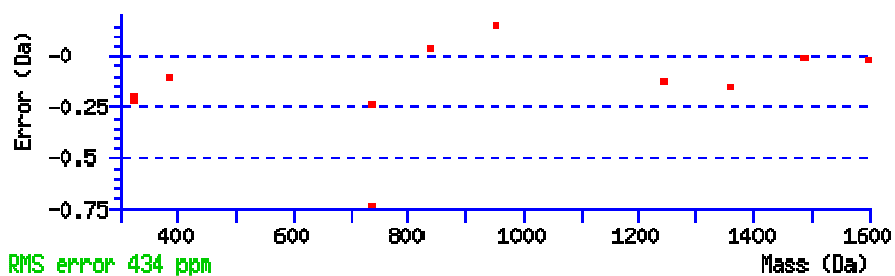
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 42 **Expect:** 0.01

**Matches (Bold Red):** 11/130 fragment ions using 34 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b*	b <sup>*++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y*	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	142.122636	71.564956					I							14
2	255.206700	128.106988					L	1599.692157	800.349717	1582.665608	791.836442	1581.681592	791.344434	13
3	384.249293	192.628285			366.238728	183.623002	E	1486.608093	743.807685	1469.581544	735.294410	1468.597528	734.802402	12
4	499.276236	250.141756			481.265671	241.136474	D	1357.565500	679.286388	1340.538951	670.773114	1339.554935	670.281106	11
5	586.308264	293.657770			568.297699	284.652488	S	1242.538557	621.772917	1225.512008	613.259642	1224.527992	612.767634	10
6	643.329728	322.168502			625.319163	313.163220	G	1155.506529	578.256903	1138.479980	569.743628	1137.495964	569.251620	9
7	790.398142	395.702709			772.387577	386.697427	F	1098.485065	549.746171	1081.458516	541.232896	1080.474500	540.740888	8
8	905.425085	453.216181			887.414520	444.210898	D	951.416651	476.211964	934.390102	467.698689	933.406086	467.206681	7
9	1034.467678	517.737477			1016.457113	508.732195	E	836.389708	418.698492	819.363159	410.185218	818.379143	409.693210	6
10	1162.526256	581.766766	1145.499707	573.253492	1144.515691	572.761484	Q	707.347115	354.177196	690.320566	345.663921	689.336550	345.171913	5
11	1290.584834	645.796055	1273.558285	637.282781	1272.574269	636.790773	Q	579.288537	290.147907	562.261988	281.634632	561.277972	281.142624	4
12	1419.627427	710.317352	1402.600878	701.804077	1401.616862	701.312069	E	451.229959	226.118618	434.203410	217.605343	433.219394	217.113335	3
13	1566.695841	783.851559	1549.669292	775.338284	1548.685276	774.846276	F	322.187366	161.597321	305.160817	153.084046			2
14							R	175.118952	88.063114	158.092403	79.549839			1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
42.1	1739.800232	1.011644	<a href="#">ILED SGFDEQQEFR</a>
6.0	1740.823990	-0.012114	<a href="#">AKEEQDDTVYMGK</a>
4.5	1739.814835	0.997041	<a href="#">LQTQMDQDEGTKYR</a>
3.3	1739.809662	1.002214	<a href="#">RVSRS HNVYCCFR</a>



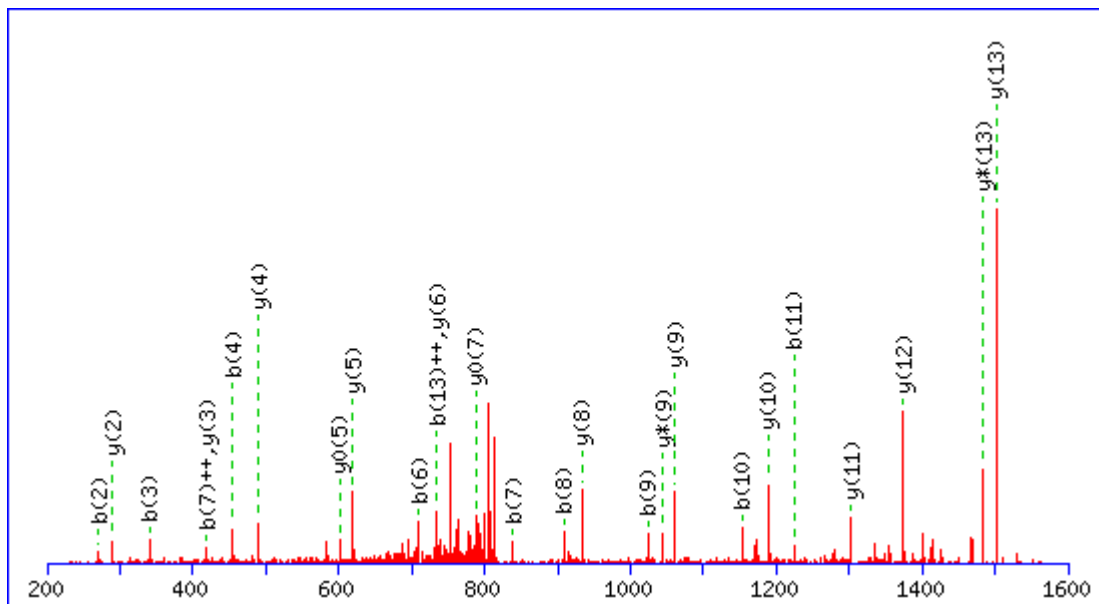
MS/MS Fragmentation of **IQALQQADEAEDR**

Found in **IPI00010779.4**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=TPM4 Isoform 1 of Tropomyosin alpha-4 chain

Match to Query 5491: 1641.797048 from(821.905800,2+)

Title: Elution from: 24.33 to 28.21 period: FD070412dMavril07.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 748031.6 FinneganScanNumber: 1653

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril07.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1641.795792

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

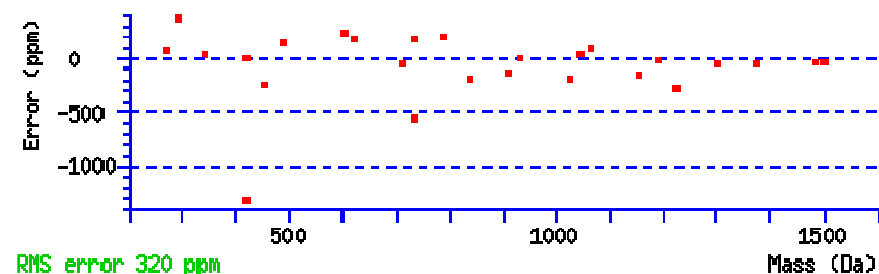
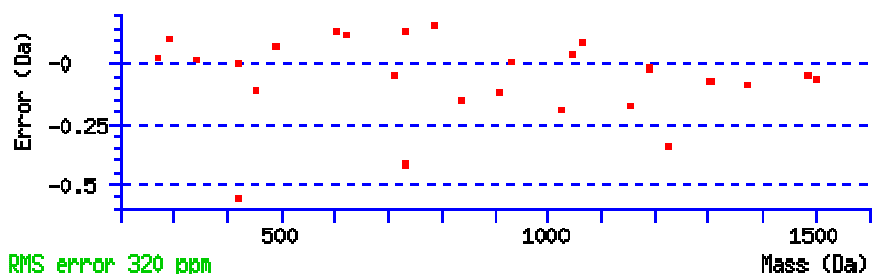
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 89 **Expect:** 3.2e-07

**Matches (Bold Red):** 26/136 fragment ions using 36 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b*	b <sup>*++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y*	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	142.122636	71.564956					I							14
2	<b>270.181214</b>	135.594245	253.154665	127.080971			Q	<b>1501.687742</b>	751.347509	<b>1484.661193</b>	742.834235	1483.677177	742.342227	13
3	<b>341.218328</b>	171.112802	324.191779	162.599527			A	<b>1373.629164</b>	687.318220	1356.602615	678.804946	1355.618599	678.312938	12
4	<b>454.302392</b>	227.654834	437.275843	219.141559			L	<b>1302.592050</b>	651.799663	1285.565501	643.286389	1284.581485	642.794381	11
5	582.360970	291.684123	565.334421	283.170849			Q	<b>1189.507986</b>	595.257631	1172.481437	586.744357	1171.497421	586.252349	10
6	<b>710.419548</b>	355.713412	693.392999	347.200138			Q	<b>1061.449408</b>	531.228342	<b>1044.422859</b>	522.715068	1043.438843	522.223060	9
7	<b>838.478126</b>	<b>419.742701</b>	821.451577	411.229427			Q	<b>933.390830</b>	467.199053	916.364281	458.685779	915.380265	458.193771	8
8	<b>909.515240</b>	455.261258	892.488691	446.747984			A	805.332252	403.169764	788.305703	394.656490	<b>787.321687</b>	394.164482	7
9	<b>1024.542183</b>	512.774729	1007.515634	504.261455	1006.531618	503.769447	D	<b>734.295138</b>	367.651207	717.268589	359.137933	716.284573	358.645925	6
10	<b>1153.584776</b>	577.296026	1136.558227	568.782752	1135.574211	568.290744	E	<b>619.268195</b>	310.137736	602.241646	301.624461	<b>601.257630</b>	301.132453	5
11	<b>1224.621890</b>	612.814583	1207.595341	604.301309	1206.611325	603.809301	A	<b>490.225602</b>	245.616439	473.199053	237.103165	472.215037	236.611157	4
12	1353.664483	677.335880	1336.637934	668.822605	1335.653918	668.330597	E	<b>419.188488</b>	210.097882	402.161939	201.584608	401.177923	201.092600	3
13	1468.691426	<b>734.849351</b>	1451.664877	726.336077	1450.680861	725.844069	D	<b>290.145895</b>	145.576585	273.119346	137.063311	272.135330	136.571303	2
14							R	175.118952	88.063114	158.092403	79.549839			1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
89.0	1641.795792	0.001256	<a href="#">IQALQQQADEAEDR</a>
28.6	1641.795807	0.001241	<a href="#">IQVLQQQADDAEER</a>
6.1	1641.811081	-0.014033	<a href="#">WVHLDTEITNSSGR</a>
4.3	1641.785431	0.011617	<a href="#">QALSCKMAVEYDR</a>
2.9	1641.800522	-0.003474	<a href="#">IMHPSSRSLQNSGGR</a>

1.1	1641.795776	0.001272	<a href="#">AAEGKERPAEEDGGK</a>
-----	-------------	----------	---------------------------------

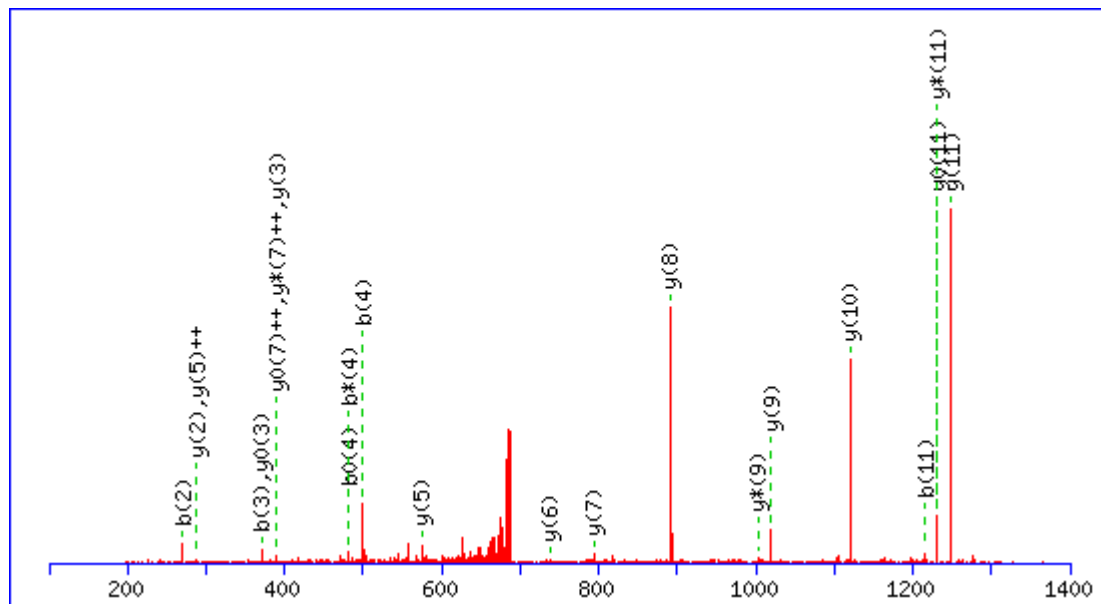
MS/MS Fragmentation of **IQTQPGYANTLR**

Found in **IPI00022202.3**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=SLC25A3 Isoform A of Phosphate carrier protein, mitochondrial

Match to Query 4559: 1388.741476 from(695.378014,2+)

Title: Elution from: 25.13 to 29.00 period: FD070412dMavril07.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 2261399.4 FinneganScanNumber: 1723

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril07.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1388.741196

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

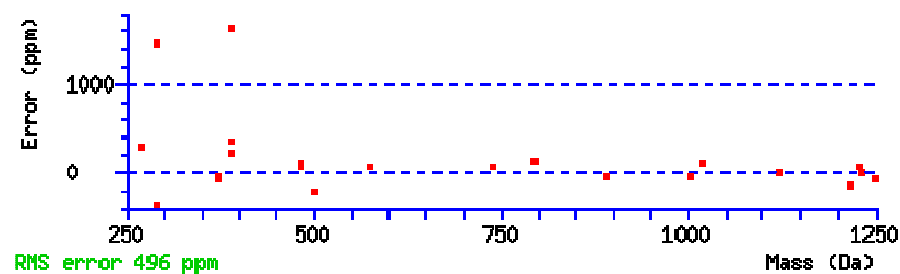
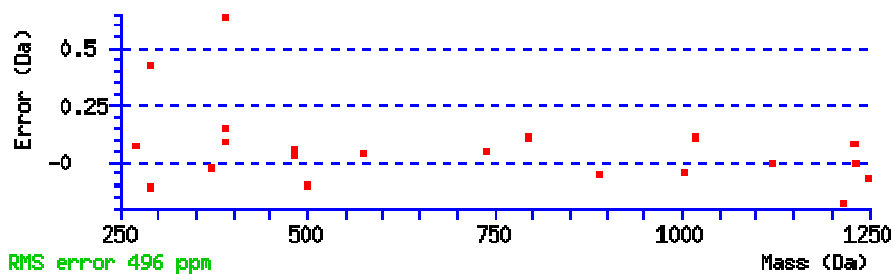
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 56 **Expect:** 0.0013

**Matches (Bold Red):** 22/122 fragment ions using 55 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b*	b <sup>*++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y*	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	142.122636	71.564956					I							12
2	<b>270.181214</b>	135.594245	253.154665	127.080971			Q	<b>1248.633128</b>	624.820202	<b>1231.606579</b>	616.306928	<b>1230.622563</b>	615.814920	11
3	<b>371.228893</b>	186.118085	354.202344	177.604810	353.218328	177.112802	T	<b>1120.574550</b>	560.790913	1103.548001	552.277639	1102.563985	551.785631	10
4	<b>499.287471</b>	250.147374	<b>482.260922</b>	241.634099	<b>481.276906</b>	241.142091	Q	<b>1019.526871</b>	510.267074	<b>1002.500322</b>	501.753799	1001.516306	501.261791	9
5	596.340235	298.673756	579.313686	290.160481	578.329670	289.668473	P	<b>891.468293</b>	446.237785	874.441744	437.724510	873.457728	437.232502	8
6	653.361699	327.184488	636.335150	318.671213	635.351134	318.179205	G	<b>794.415529</b>	397.711403	777.388980	<b>389.198128</b>	776.404964	<b>388.706120</b>	7
7	816.425028	408.716152	799.398479	400.202878	798.414463	399.710870	Y	<b>737.394065</b>	369.200671	720.367516	360.687396	719.383500	360.195388	6
8	887.462142	444.234709	870.435593	435.721435	869.451577	435.229427	A	<b>574.330736</b>	<b>287.669006</b>	557.304187	279.155731	556.320171	278.663723	5
9	1001.505069	501.256173	984.478520	492.742898	983.494504	492.250890	N	503.293622	252.150449	486.267073	243.637174	485.283057	243.145166	4
10	1102.552748	551.780012	1085.526199	543.266738	1084.542183	542.774730	T	<b>389.250695</b>	195.128985	372.224146	186.615711	<b>371.240130</b>	186.123703	3
11	<b>1215.636812</b>	608.322044	1198.610263	599.808770	1197.626247	599.316762	L	<b>288.203016</b>	144.605146	271.176467	136.091871			2
12							R	175.118952	88.063114	158.092403	79.549839			1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
55.7	1388.741196	0.000280	<a href="#">IQTQPGYANTLR</a>
9.4	1388.733322	0.008154	<a href="#">IQESLDLMQLR</a>
8.7	1388.748566	-0.007090	<a href="#">LQNEKWMNVK</a>
7.5	1388.739853	0.001623	<a href="#">LVKEDEVVSSEK</a>
6.2	1388.738541	0.002935	<a href="#">HVRQGGGAAGPVR</a>
5.8	1388.755112	-0.013636	<a href="#">QELQEVVEFLK</a>
5.4	1388.748596	-0.007120	<a href="#">LHCYQTLTGIK</a>

4.8	1388.730652	0.010824	<a href="#">LQSVREGCRTR</a>
3.8	1388.739807	0.001669	<a href="#">IKKESEEDA EK</a>
3.8	1388.744537	-0.003061	<a href="#">NLMNSLEQKIR</a>

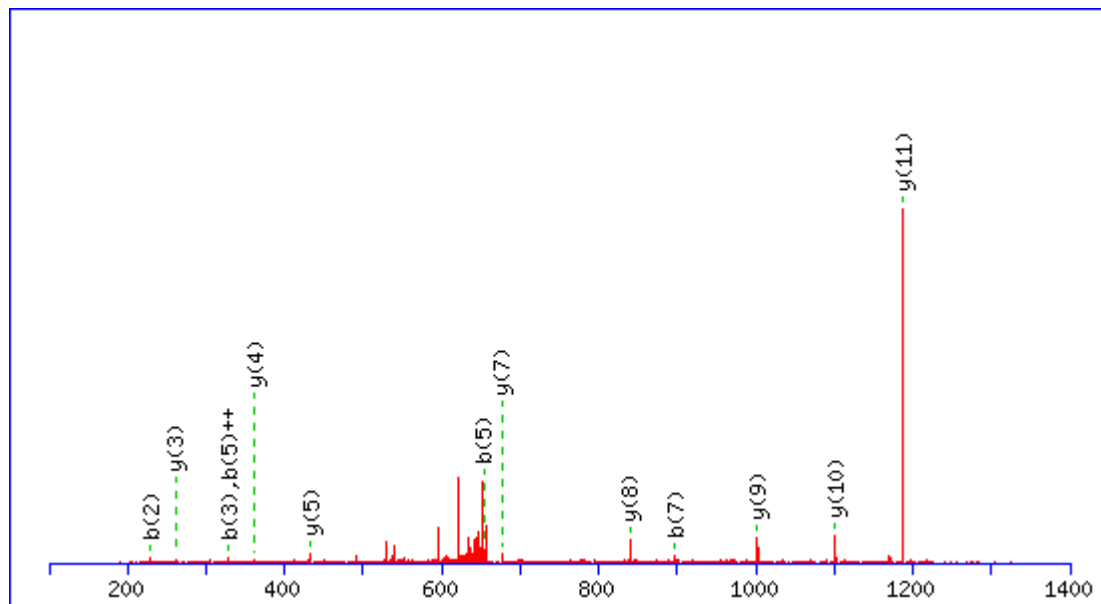
MS/MS Fragmentation of **ISVYYNEATGGK**

Found in **IPI00011654.2**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=TUBB Tubulin beta chain

Match to Query 4675: 1328.667876 from(665.341214,2+)

Title: Elution from: 27.90 to 31.85 period: FD070412dMavril04.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 811171.6 FinneganScanNumber: 1842

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril04.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1328.661209

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

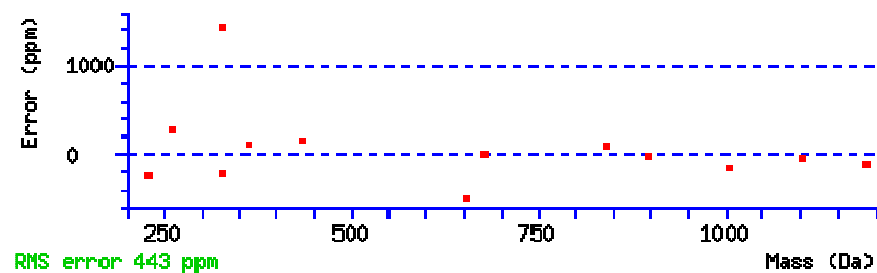
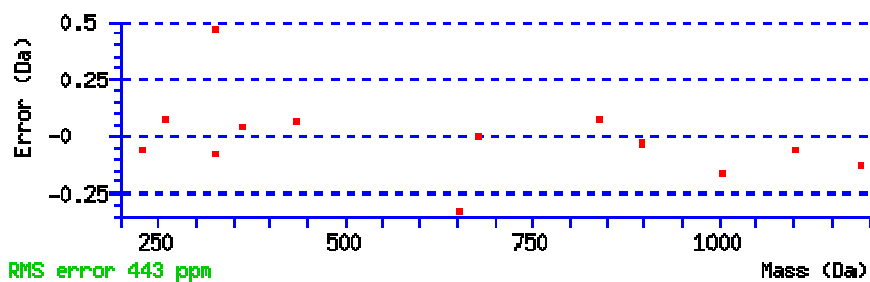
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 36 **Expect:** 0.066

**Matches (Bold Red):** 13/114 fragment ions using 45 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b*	b <sup>*++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y*	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	142.122636	71.564956					I							12
2	<b>229.154664</b>	115.080970			211.144099	106.075687	S	<b>1188.553145</b>	594.780210	1171.526596	586.266936	1170.542580	585.774928	11
3	<b>328.223078</b>	164.615177			310.212513	155.609894	V	<b>1101.521117</b>	551.264196	1084.494568	542.750922	1083.510552	542.258914	10
4	491.286407	246.146841			473.275842	237.141559	Y	<b>1002.452703</b>	501.729989	985.426154	493.216715	984.442138	492.724707	9
5	<b>654.349736</b>	<b>327.678506</b>			636.339171	318.673224	Y	<b>839.389374</b>	420.198325	822.362825	411.685050	821.378809	411.193042	8
6	768.392663	384.699970	751.366114	376.186695	750.382098	375.694687	N	<b>676.326045</b>	338.666660	659.299496	330.153386	658.315480	329.661378	7
7	<b>897.435256</b>	449.221266	880.408707	440.707991	879.424691	440.215983	E	562.283118	281.645197	545.256569	273.131922	544.272553	272.639914	6
8	968.472370	484.739823	951.445821	476.226548	950.461805	475.734540	A	<b>433.240525</b>	217.123900	416.213976	208.610626	415.229960	208.118618	5
9	1069.520049	535.263663	1052.493500	526.750388	1051.509484	526.258380	T	<b>362.203411</b>	181.605343	345.176862	173.092069	344.192846	172.600061	4
10	1126.541513	563.774394	1109.514964	555.261120	1108.530948	554.769112	G	<b>261.155732</b>	131.081504	244.129183	122.568229			3
11	1183.562977	592.285126	1166.536428	583.771852	1165.552412	583.279844	G	204.134268	102.570772	187.107719	94.057497			2
12							K	147.112804	74.060040	130.086255	65.546765			1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
35.9	1328.661209	0.006667	<a href="#">ISVYYNEATGGK</a>
3.1	1328.665939	0.001937	<a href="#">FLNVFMSGRSR</a>
1.5	1328.668610	-0.000734	<a href="#">LCYITLDFEK</a>



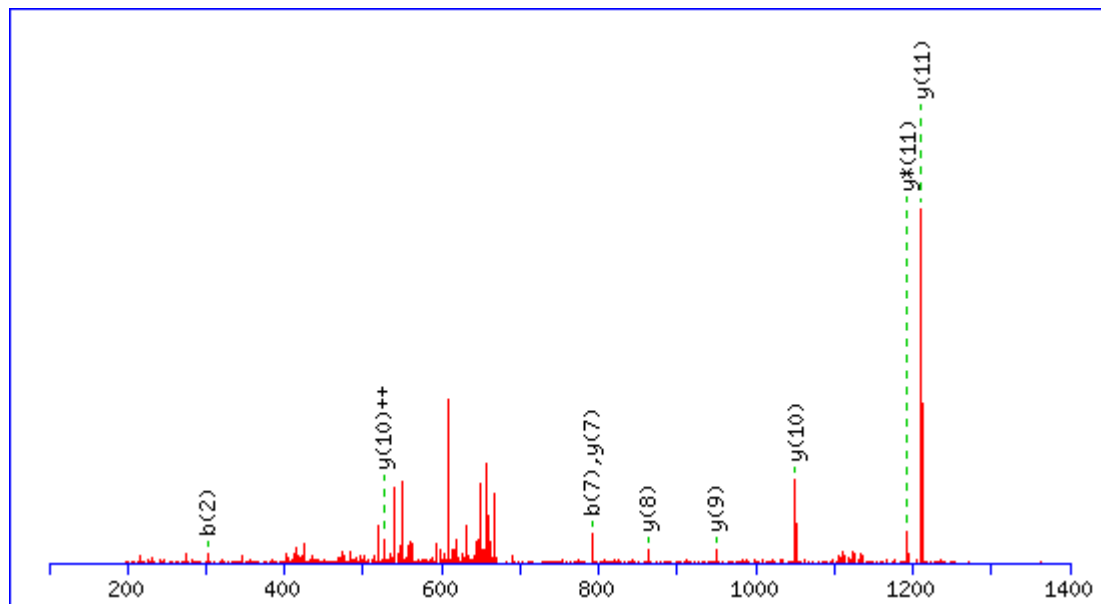
MS/MS Fragmentation of **LCTSATESEVAR**

Found in **IPI00013847.4**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=UQCRC1 Cytochrome b-c1 complex subunit 1, mitochondrial

Match to Query 4405: 1350.651804 from(676.333178,2+)

Title: Elution from: 20.62 to 24.47 period: FD070412dMavril05.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 327309.3 FinneganScanNumber: 1226

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril05.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1350.644913

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

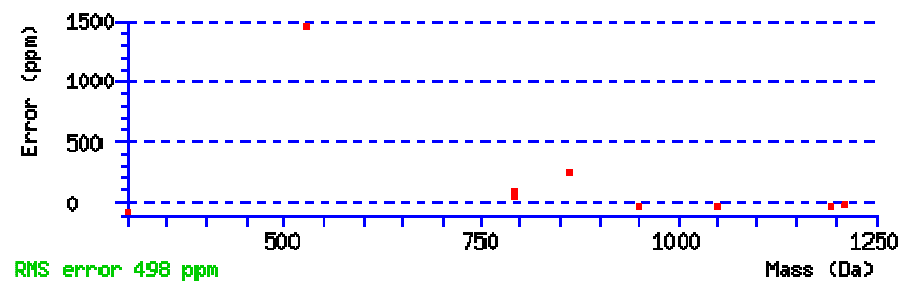
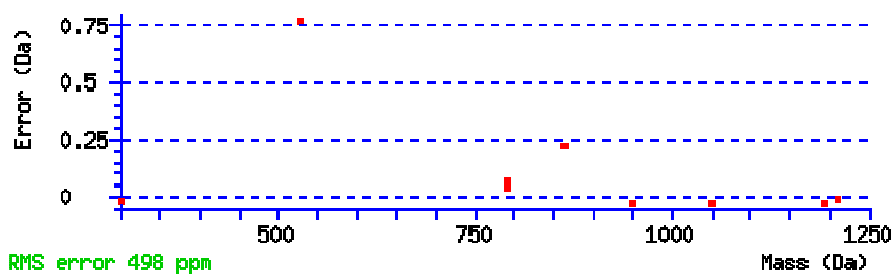
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 29 **Expect:** 0.26

**Matches (Bold Red):** 9/100 fragment ions using 24 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y*	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	142.122636	71.564956			L							12
2	<b>302.153285</b>	151.580280			C	<b>1210.536843</b>	605.772060	<b>1193.510294</b>	597.258785	1192.526278	596.766777	11
3	403.200964	202.104120	385.190399	193.098838	T	<b>1050.506194</b>	<b>525.756735</b>	1033.479645	517.243461	1032.495629	516.751453	10
4	490.232992	245.620134	472.222427	236.614852	S	<b>949.458515</b>	475.232896	932.431966	466.719621	931.447950	466.227613	9
5	561.270106	281.138691	543.259541	272.133409	A	<b>862.426487</b>	431.716881	845.399938	423.203607	844.415922	422.711599	8
6	662.317785	331.662531	644.307220	322.657248	T	<b>791.389373</b>	396.198325	774.362824	387.685050	773.378808	387.193042	7
7	<b>791.360378</b>	396.183827	773.349813	387.178545	E	690.341694	345.674485	673.315145	337.161210	672.331129	336.669202	6
8	878.392406	439.699841	860.381841	430.694559	S	561.299101	281.153188	544.272552	272.639914	543.288536	272.147906	5
9	1007.434999	504.221138	989.424434	495.215855	E	474.267073	237.637174	457.240524	229.123900	456.256508	228.631892	4
10	1106.503413	553.755345	1088.492848	544.750062	V	345.224480	173.115878	328.197931	164.602603			3
11	1177.540527	589.273902	1159.529962	580.268619	A	246.156066	123.581671	229.129517	115.068396			2
12					R	175.118952	88.063114	158.092403	79.549839			1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
29.4	1350.644913	0.006891	<a href="#">LCTSATESEVAR</a>
6.7	1350.644882	0.006922	<a href="#">LMEESSTNREK</a>
4.8	1348.654404	1.997400	<a href="#">SLATSCPEELSK</a>
1.9	1349.642258	1.009546	<a href="#">NSEAASETQTKGK</a>
1.8	1349.647629	1.004175	<a href="#">WEQAHAHTASGK</a>
0.9	1349.650543	1.001261	<a href="#">IILPACMDMVR</a>
0.8	1350.644928	0.006876	<a href="#">LCTSVTESEVAR</a>

0.3	1350.638397	0.013407	<a href="#">LCAICGDRSSGK</a>
-----	-------------	----------	------------------------------

---

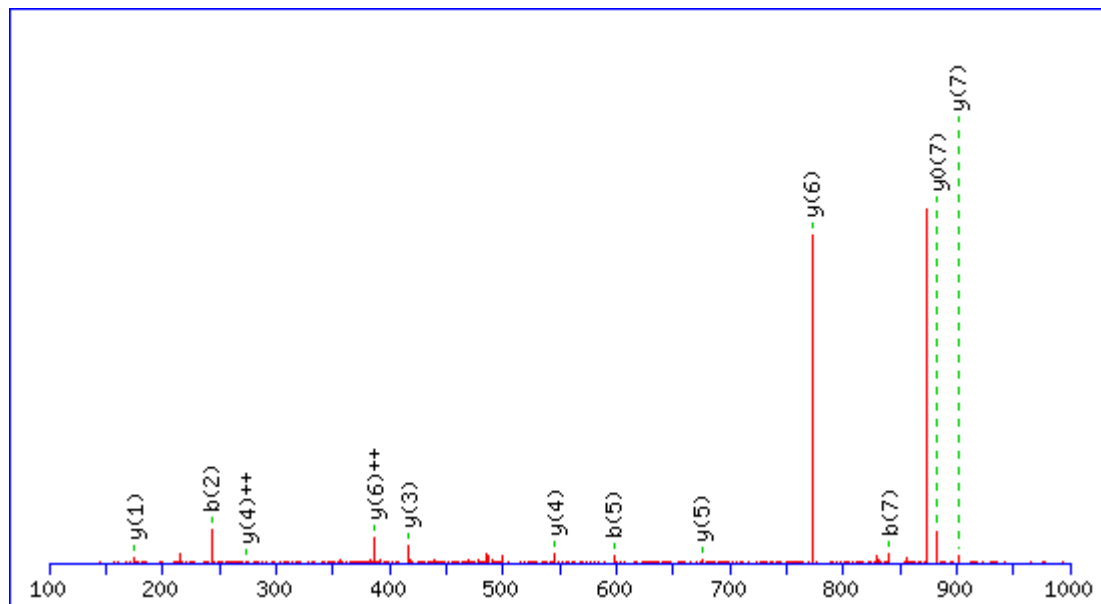
MS/MS Fragmentation of **LEPEEQNR**

Found in **IPI00307783.9**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=WHSC1L1 Isoform 3 of Histone-lysine N-methyltransferase NSD3

Match to Query 3670: 1013.479652 from(507.747102,2+)

Title: Elution from: 26.69 to 30.67 period: FD070412dMavril03.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 40775196.6 FinneganScanNumber: 1776

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril03.msm



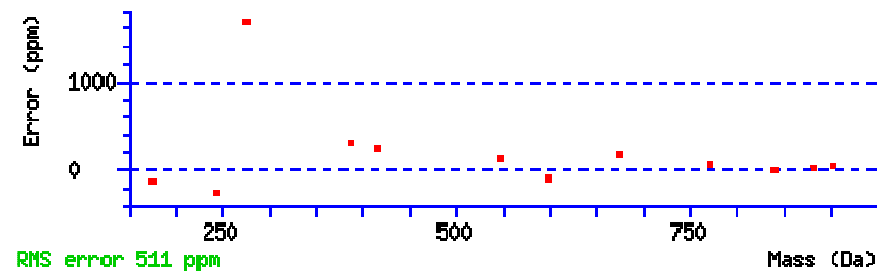
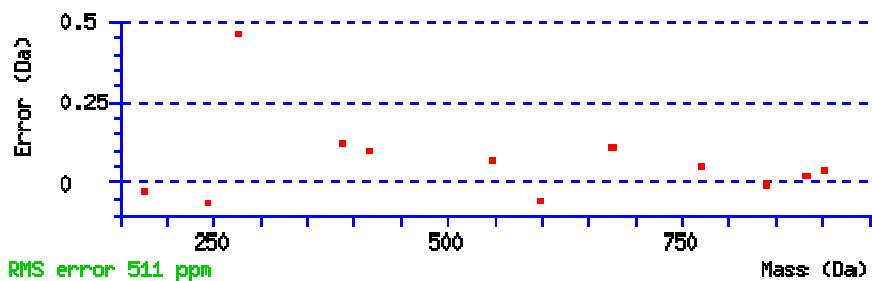
**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1013.477753

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

**Ions Score:** 29 **Expect:** 0.13

**Matches (Bold Red):** 12/66 fragment ions using 37 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b <sup>*</sup>	b <sup>*++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y <sup>*</sup>	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	114.091340	57.549308					L							8
2	<b>243.133933</b>	122.070605			225.123368	113.065322	E	<b>901.401000</b>	451.204138	884.374451	442.690864	<b>883.390435</b>	442.198856	7
3	340.186697	170.596987			322.176132	161.591704	P	<b>772.358407</b>	<b>386.682842</b>	755.331858	378.169567	754.347842	377.677559	6
4	469.229290	235.118283			451.218725	226.113001	E	<b>675.305643</b>	338.156460	658.279094	329.643185	657.295078	329.151177	5
5	<b>598.271883</b>	299.639580			580.261318	290.634297	E	<b>546.263050</b>	<b>273.635163</b>	529.236501	265.121889	528.252485	264.629881	4
6	726.330461	363.668869	709.303912	355.155594	708.319896	354.663586	Q	<b>417.220457</b>	209.113867	400.193908	200.600592			3
7	<b>840.373388</b>	420.690332	823.346839	412.177058	822.362823	411.685050	N	289.161879	145.084577	272.135330	136.571303			2
8							R	<b>175.118952</b>	88.063114	158.092403	79.549840			1



#### All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
29.4	1013.477753	0.001899	<a href="#">LEPEEQNR</a>
6.5	1013.489014	-0.009362	<a href="#">GSGGAAGAPGER</a>
5.4	1012.472153	1.007499	<a href="#">MAGFGAMEK</a>
4.8	1013.485184	-0.005532	<a href="#">LTLHDLCD</a>
4.4	1013.485168	-0.005516	<a href="#">ELPGCPEGK</a>
2.5	1013.489014	-0.009362	<a href="#">DDADLPRGR</a>
2.3	1013.482681	-0.003029	<a href="#">PKCCFFK</a>
1.4	1013.488998	-0.009346	<a href="#">GKDANPQER</a>
1.0	1012.468628	1.011024	<a href="#">SPGHSTGSQR</a>
0.2	1012.475525	1.004127	<a href="#">LLASMMCK</a>

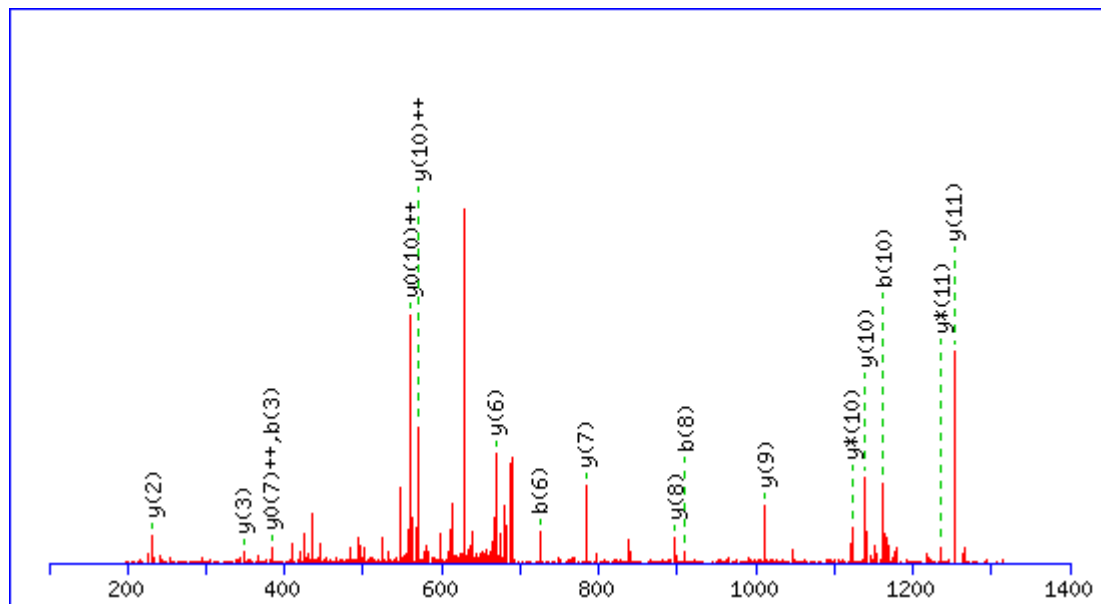
MS/MS Fragmentation of **LIQNLDANHDGR**

Found in **IPI00062120.1**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=S100A16 Protein S100-A16

Match to Query 4841: 1393.711454 from(697.863003,2+)

Title: Elution from: 19.78 to 23.62 period: FD070412dMavril06.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 177704.1 FinneganScanNumber: 1177

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril06.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1392.710953

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

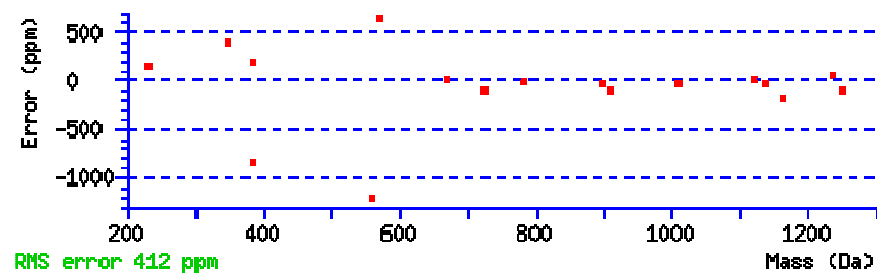
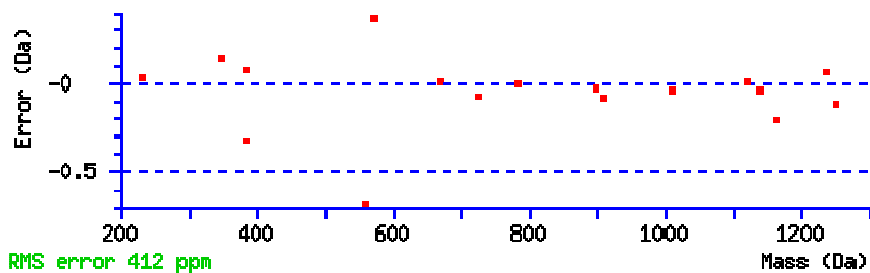
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 53 **Expect:** 0.0018

**Matches (Bold Red):** 17/114 fragment ions using 46 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b*	b <sup>*++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y*	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	142.122636	71.564956					L							12
2	255.206700	128.106988					I	1252.602888	626.805082	1235.576339	618.291808	1234.592323	617.799799	11
3	383.265278	192.136277	366.238729	183.623003			Q	1139.518824	570.263050	1122.492275	561.749775	1121.508259	561.257767	10
4	497.308205	249.157741	480.281656	240.644466			N	1011.460246	506.233761	994.433697	497.720486	993.449681	497.228478	9
5	610.392269	305.699773	593.365720	297.186498			L	897.417319	449.212297	880.390770	440.699023	879.406754	440.207015	8
6	725.419212	363.213244	708.392663	354.699970	707.408647	354.207962	D	784.333255	392.670265	767.306706	384.156991	766.322690	383.664983	7
7	796.456326	398.731801	779.429777	390.218526	778.445761	389.726518	A	669.306312	335.156794	652.279763	326.643519	651.295747	326.151511	6
8	910.499253	455.753265	893.472704	447.239990	892.488688	446.747982	N	598.269198	299.638237	581.242649	291.124962	580.258633	290.632954	5
9	1047.558165	524.282720	1030.531616	515.769446	1029.547600	515.277438	H	484.226271	242.616773	467.199722	234.103499	466.215706	233.611491	4
10	1162.585108	581.796192	1145.558559	573.282918	1144.574543	572.790909	D	347.167359	174.087317	330.140810	165.574043	329.156794	165.082035	3
11	1219.606572	610.306924	1202.580023	601.793650	1201.596007	601.301641	G	232.140416	116.573846	215.113867	108.060571			2
12							R	175.118952	88.063114	158.092403	79.549839			1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
52.6	1392.710953	1.000501	<a href="#">LIQNLDANHDGR</a>
8.9	1392.710999	1.000455	<a href="#">LGAPGGGGGGGGPELGR</a>
5.7	1393.698975	0.012479	<a href="#">EKGELARWDYK</a>
5.5	1392.703751	1.007703	<a href="#">YLYSAVDGQPPR</a>
3.2	1391.715881	1.995573	<a href="#">WSPPEVLMYSK</a>

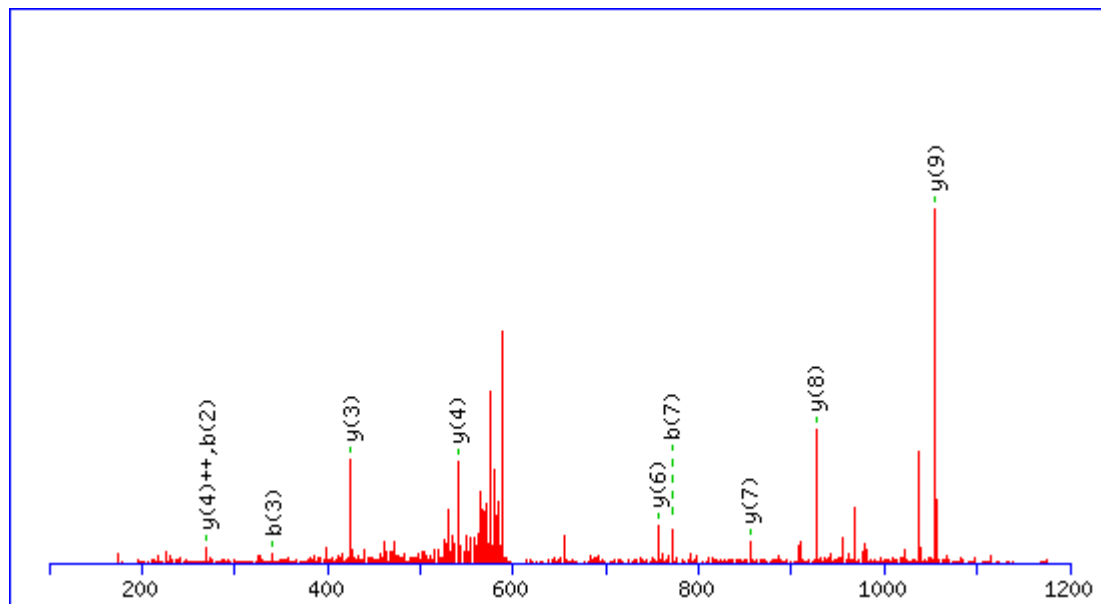
MS/MS Fragmentation of **LQAVTDDHIR**

Found in **IPI00219910.2**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=- 22 kDa protein

Match to Query 4161: 1194.641486 from(598.328019,2+)

Title: Elution from: 21.35 to 25.24 period: FD070412dMavril06.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 270267.0 FinneganScanNumber: 1285

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril06.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1194.635681

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

**Variable modifications:**

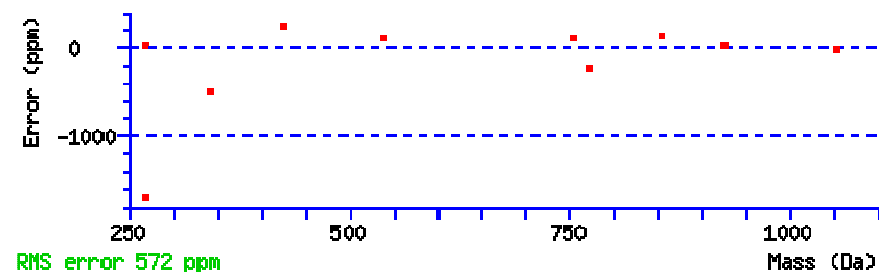
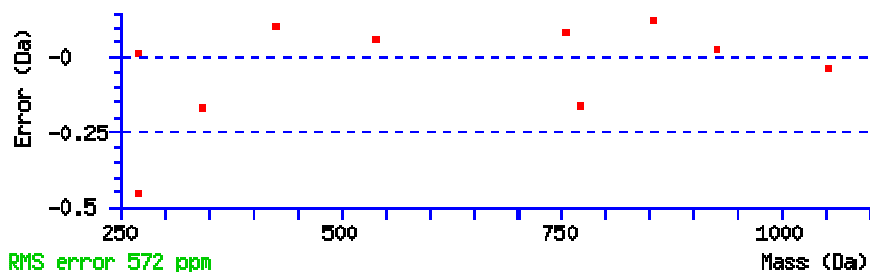
**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 46 **Expect:** 0.0086

**Matches (Bold Red):** 10/92 fragment ions using 16 most intense peaks



#	b	b <sup>++</sup>	b*	b <sup>*++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y*	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	142.122636	71.564956					L							10
2	<b>270.181214</b>	135.594245	253.154665	127.080971			Q	<b>1054.527599</b>	527.767438	1037.501050	519.254163	1036.517034	518.762155	9
3	<b>341.218328</b>	171.112802	324.191779	162.599527			A	<b>926.469021</b>	463.738148	909.442472	455.224874	908.458456	454.732866	8
4	440.286742	220.647009	423.260193	212.133735			V	<b>855.431907</b>	428.219591	838.405358	419.706317	837.421342	419.214309	7
5	541.334421	271.170849	524.307872	262.657574	523.323856	262.165566	T	<b>756.363493</b>	378.685384	739.336944	370.172110	738.352928	369.680102	6
6	656.361364	328.684320	639.334815	320.171045	638.350799	319.679037	D	655.315814	328.161545	638.289265	319.648270	637.305249	319.156262	5
7	<b>771.388307</b>	386.197791	754.361758	377.684517	753.377742	377.192509	D	<b>540.288871</b>	<b>270.648074</b>	523.262322	262.134799	522.278306	261.642791	4
8	908.447219	454.727247	891.420670	446.213973	890.436654	445.721965	H	<b>425.261928</b>	213.134602	408.235379	204.621327			3
9	1021.531283	511.269279	1004.504734	502.756005	1003.520718	502.263997	I	288.203016	144.605146	271.176467	136.091871			2
10							R	175.118952	88.063114	158.092403	79.549839			1



#### All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
46.3	1194.635681	0.005805	<a href="#">LQAVTDDHIR</a>
7.9	1192.645187	1.996299	<a href="#">GPAVTDLDHLK</a>
7.5	1194.646896	-0.005410	<a href="#">RPSGTSHNALK</a>
7.2	1194.646912	-0.005426	<a href="#">LQHAGGDKSVR</a>
7.0	1194.631821	0.009665	<a href="#">ICOLLSDYK</a>
6.5	1193.647812	0.993674	<a href="#">EKFNQMVVK</a>
6.4	1193.629181	1.012305	<a href="#">LEPSLALNSGPP</a>
6.4	1194.635635	0.005851	<a href="#">IQEEHREAK</a>
6.3	1194.635178	0.006308	<a href="#">LKOELMSMK</a>

5.8	1192.637299	2.004187	<a href="#">MLISDSLDDK</a>
-----	-------------	----------	----------------------------

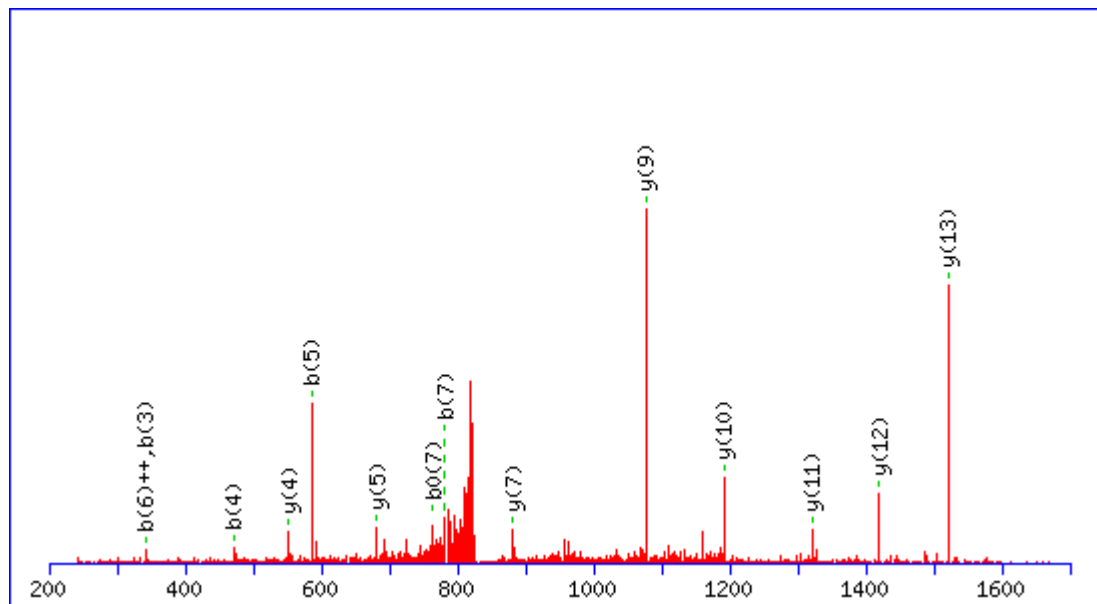
MS/MS Fragmentation of **LTVEDPVTVEYITR**

Found in **IPI00024175.3**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=PSMA7 Isoform 1 of Proteasome subunit alpha type-7

Match to Query 5635: 1661.895422 from(831.954987,2+)

Title: Elution from: 41.95 to 45.78 period: FD070412dMavril07.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 1640800.4 FinneganScanNumber: 3098

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril07.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1661.887604

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

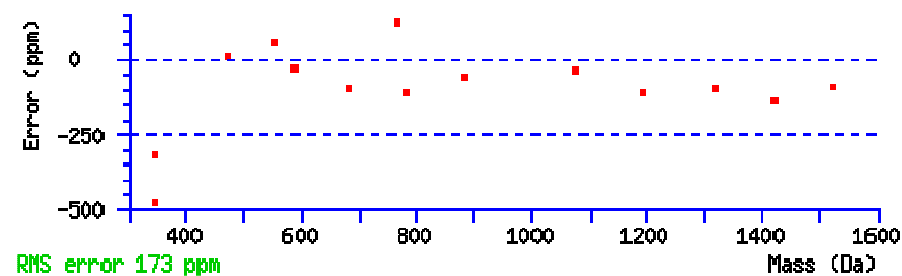
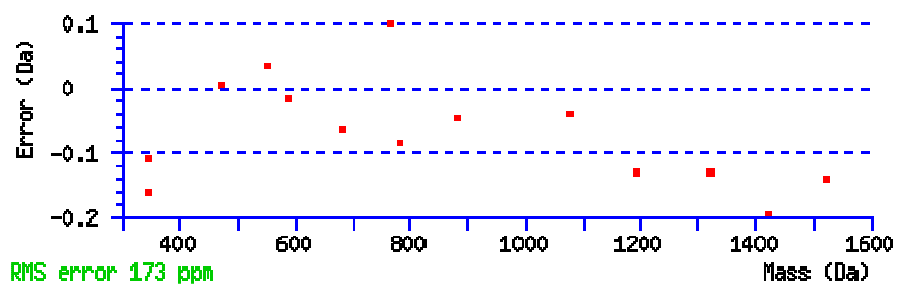
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 48 **Expect:** 0.0062

**Matches (Bold Red):** 14/126 fragment ions using 33 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y <sup>*</sup>	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	142.122636	71.564956			L							14
2	243.170315	122.088795	225.159750	113.083513	T	1521.779517	761.393396	1504.752968	752.880122	1503.768952	752.388114	13
3	342.238729	171.623002	324.228164	162.617720	V	1420.731838	710.869557	1403.705289	702.356283	1402.721273	701.864274	12
4	471.281322	236.144299	453.270757	227.139016	E	1321.663424	661.335350	1304.636875	652.822075	1303.652859	652.330067	11
5	586.308265	293.657771	568.297700	284.652488	D	1192.620831	596.814053	1175.594282	588.300779	1174.610266	587.808771	10
6	683.361029	342.184153	665.350464	333.178870	P	1077.593888	539.300582	1060.567339	530.787307	1059.583323	530.295299	9
7	782.429443	391.718360	764.418878	382.713077	V	980.541124	490.774200	963.514575	482.260925	962.530559	481.768917	8
8	883.477122	442.242199	865.466557	433.236917	T	881.472710	441.239993	864.446161	432.726718	863.462145	432.234710	7
9	982.545536	491.776406	964.534971	482.771123	V	780.425031	390.716153	763.398482	382.202879	762.414466	381.710871	6
10	1111.588129	556.297703	1093.577564	547.292420	E	681.356617	341.181946	664.330068	332.668672	663.346052	332.176664	5
11	1274.651458	637.829367	1256.640893	628.824085	Y	552.314024	276.660650	535.287475	268.147376	534.303459	267.655368	4
12	1387.735522	694.371399	1369.724957	685.366116	I	389.250695	195.128985	372.224146	186.615711	371.240130	186.123703	3
13	1488.783201	744.895239	1470.772636	735.889956	T	276.166631	138.586953	259.140082	130.073679	258.156066	129.581671	2
14					R	175.118952	88.063114	158.092403	79.549839			1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
48.4	1661.887604	0.007818	<a href="#">LTVEDPVTVEYITR</a>
10.2	1661.890945	0.004477	<a href="#">TIDDLEDKCLKTK</a>
5.8	1660.881760	1.013662	<a href="#">SENLNLSIKMDLTR</a>
5.1	1661.890945	0.004477	<a href="#">TIDDLEDKCLKTK</a>
4.4	1661.910049	-0.014627	<a href="#">REAPAPSSGTPIAVGPK</a>

3.0	1660.885803	1.009619	<a href="#">TFDSIMEAHKGITK</a>
2.1	1661.906189	-0.010767	<a href="#">ELVLSKPCKFEEK</a>
1.8	1661.909546	-0.014124	<a href="#">LMQDKEEMIGKLG</a>
1.8	1661.909546	-0.014124	<a href="#">LMQDKEEMIGKLG</a>
1.7	1661.884415	0.011007	<a href="#">LTMDMKVKEDQIR</a>

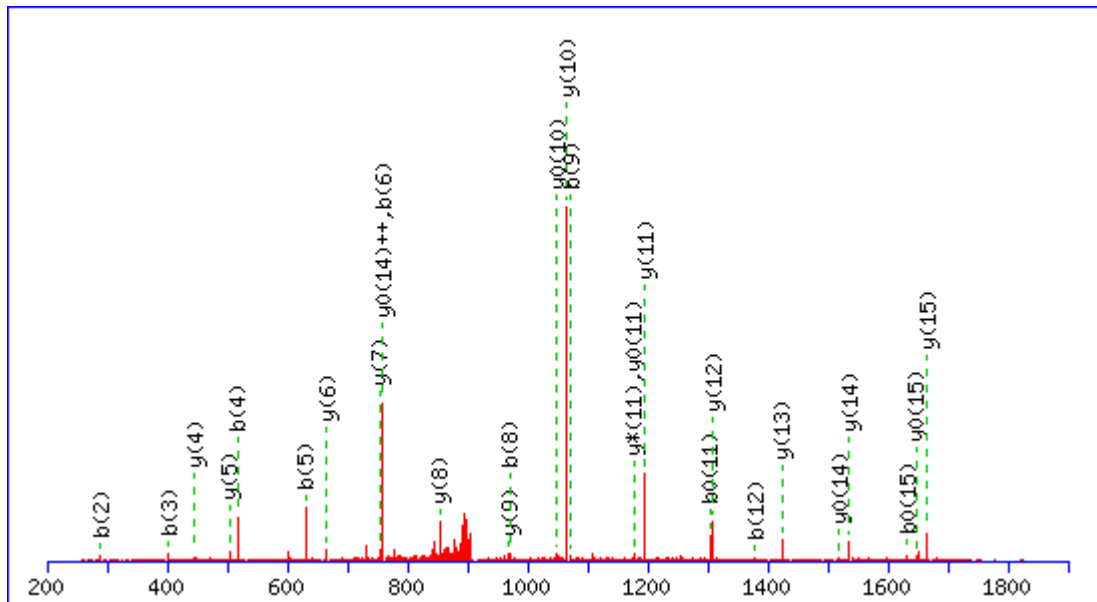
MS/MS Fragmentation of **MELDLEPDTSYGGTLR**

Found in **IPI00152151.4**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=FAM122B Isoform 3 of Protein FAM122B

Match to Query 6431: 1823.867466 from(912.941009,2+)

Title: Elution from: 41.95 to 45.78 period: FD070412dMavril07.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 3187994.1 FinneganScanNumber: 3101

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril07.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1823.861115

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

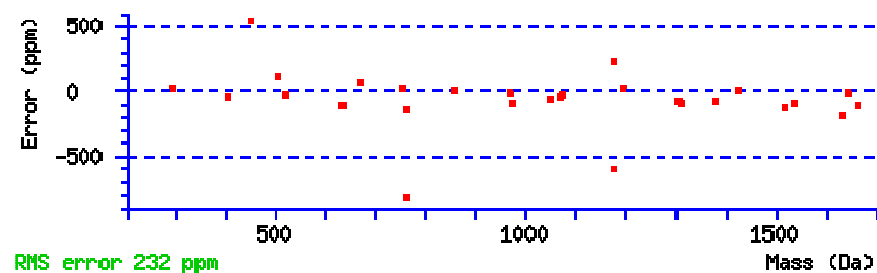
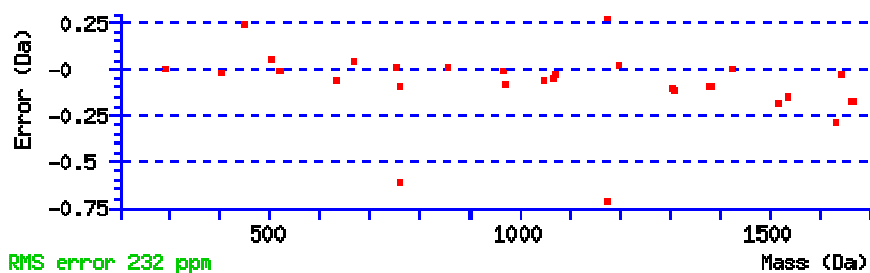
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 84 **Expect:** 9e-07

**Matches (Bold Red):** 28/144 fragment ions using 74 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y*	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	160.079057	80.543166			M							16
2	<b>289.121650</b>	145.064463	271.111085	136.059180	E	<b>1665.796623</b>	833.401950	1648.770074	824.888675	<b>1647.786058</b>	824.396667	15
3	<b>402.205714</b>	201.606495	384.195149	192.601213	L	<b>1536.754030</b>	768.880653	1519.727481	760.367378	<b>1518.743465</b>	<b>759.875370</b>	14
4	<b>517.232657</b>	259.119967	499.222092	250.114684	D	<b>1423.669966</b>	712.338621	1406.643417	703.825347	1405.659401	703.333338	13
5	<b>630.316721</b>	315.661999	612.306156	306.656716	L	<b>1308.643023</b>	654.825149	1291.616474	646.311875	1290.632458	645.819867	12
6	<b>759.359314</b>	380.183295	741.348749	371.178013	E	<b>1195.558959</b>	598.283118	<b>1178.532410</b>	589.769843	<b>1177.548394</b>	589.277835	11
7	856.412078	428.709677	838.401513	419.704395	P	<b>1066.516366</b>	533.761821	1049.489817	525.248547	<b>1048.505801</b>	524.756539	10
8	<b>971.439021</b>	486.223149	953.428456	477.217866	D	<b>969.463602</b>	485.235439	952.437053	476.722164	951.453037	476.230156	9
9	<b>1072.486700</b>	536.746988	1054.476135	527.741706	T	<b>854.436659</b>	427.721968	837.410110	419.208693	836.426094	418.716685	8
10	1159.518728	580.263002	1141.508163	571.257720	S	<b>753.388980</b>	377.198128	736.362431	368.684853	735.378415	368.192845	7
11	1322.582057	661.794667	<b>1304.571492</b>	652.789384	Y	<b>666.356952</b>	333.682114	649.330403	325.168839	648.346387	324.676831	6
12	<b>1379.603521</b>	690.305399	1361.592956	681.300116	G	<b>503.293623</b>	252.150449	486.267074	243.637175	485.283058	243.145167	5
13	1436.624985	718.816131	1418.614420	709.810848	G	<b>446.272159</b>	223.639717	429.245610	215.126443	428.261594	214.634435	4
14	1537.672664	769.339970	1519.662099	760.334688	T	389.250695	195.128985	372.224146	186.615711	371.240130	186.123703	3
15	1650.756728	825.882002	<b>1632.746163</b>	816.876720	L	288.203016	144.605146	271.176467	136.091871			2
16					R	175.118952	88.063114	158.092403	79.549839			1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
84.0	1823.861115	0.006351	<a href="#">MELDLEPDTSYGGTLR</a>
15.9	1823.883163	-0.015697	<a href="#">SVITVCVCEMLTLGVQ</a>
12.2	1823.873657	-0.006191	<a href="#">ARRPPGMEYSYDINR</a>

7.9	1822.854614	1.012852	<a href="#">MLEDLEDLTSPEEFK</a>
6.5	1822.847946	1.019520	<a href="#">STSCINLSVTDAGGSAQR</a>
6.2	1821.878693	1.988773	<a href="#">EMVAPDMCVATRLNK</a>
6.1	1823.853745	0.013721	<a href="#">TETNEGTLDDFTVINR</a>
6.0	1823.875732	-0.008266	<a href="#">SDLSGVDVTMLNMLNR</a>
5.9	1822.847900	1.019566	<a href="#">SRSEEDVQSMDARNK</a>
5.2	1822.859329	1.008137	<a href="#">GDYLPETTRPQEMMK</a>



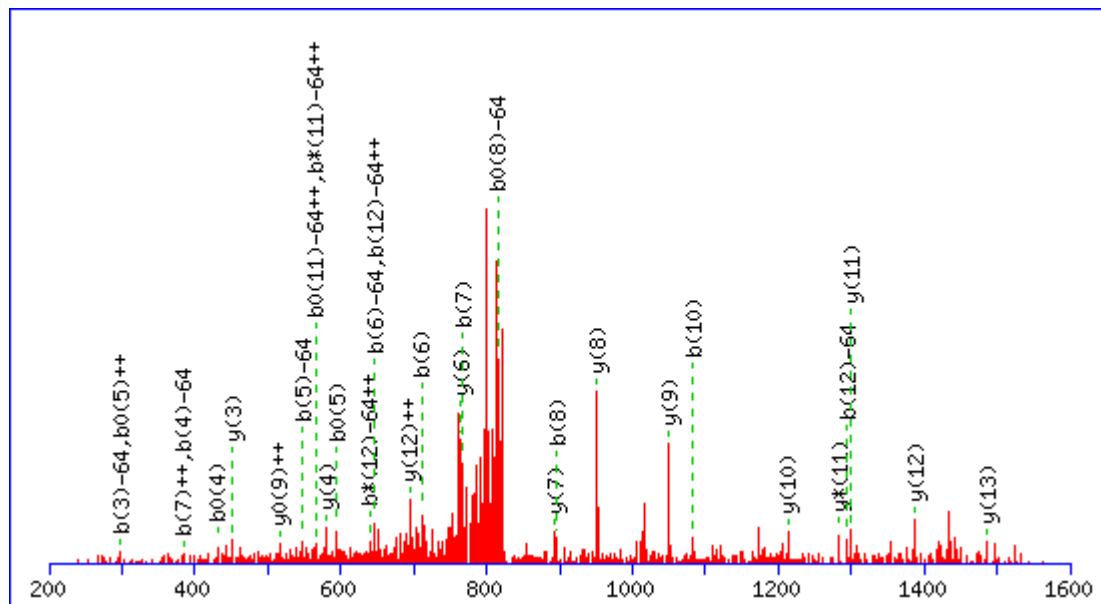
MS/MS Fragmentation of **MVSSYVGENAEFER**

Found in **IPI00026516.1**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=OXCT1 Succinyl-CoA:3-ketoacid-coenzyme A transferase 1, mitochondrial

Match to Query 5921: 1660.745638 from(831.380095,2+)

Title: Elution from: 29.71 to 33.57 period: FD070412dMavril04.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 125653.2 FinneganScanNumber: 1981

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril04.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1660.740265

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

**Variable modifications:**

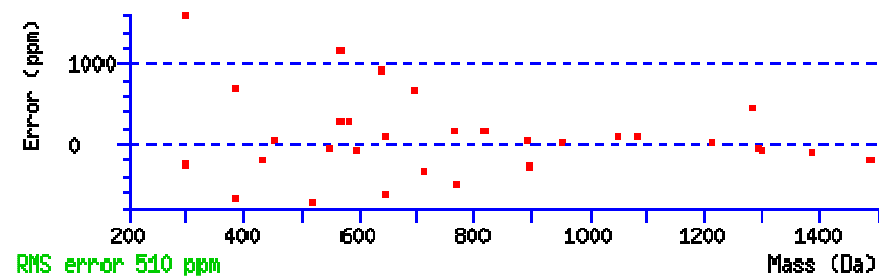
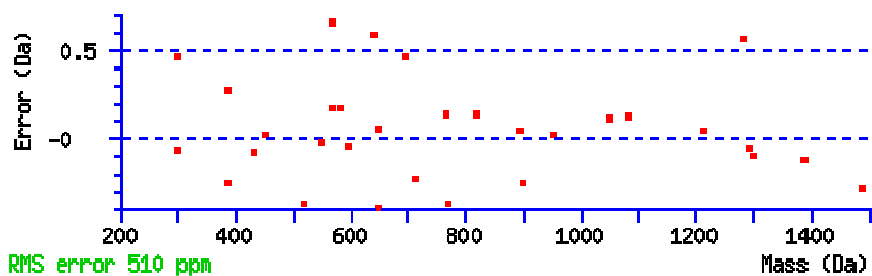
**N-term :** Dimethyl (N-term)

**M1 :** Oxidation (M), with neutral losses 63.998285(shown in table), 0.000000

**Ions Score:** 43 **Expect:** 0.0051

**Matches (Bold Red):** 31/192 fragment ions using 81 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b*	b <sup>*++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y*	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	112.075691	56.541483					M							14
2	211.144105	106.075690					V	1486.680863	743.844070	1469.654314	735.330795	1468.670298	734.838787	13
3	298.176133	149.591704			280.165568	140.586422	S	1387.612449	694.309863	1370.585900	685.796588	1369.601884	685.304580	12
4	385.208161	193.107718			367.197596	184.102436	S	1300.580421	650.793848	1283.553872	642.280574	1282.569856	641.788566	11
5	548.271490	274.639383			530.260925	265.634101	Y	1213.548393	607.277835	1196.521844	598.764560	1195.537828	598.272552	10
6	647.339904	324.173590			629.329339	315.168308	V	1050.485064	525.746170	1033.458515	517.232896	1032.474499	516.740887	9
7	704.361368	352.684322			686.350803	343.679040	G	951.416650	476.211963	934.390101	467.698689	933.406085	467.206681	8
8	833.403961	417.205619			815.393396	408.200336	E	894.395186	447.701231	877.368637	439.187956	876.384621	438.695948	7
9	947.446888	474.227082	930.420339	465.713808	929.436323	465.221800	N	765.352593	383.179935	748.326044	374.666660	747.342028	374.174652	6
10	1018.484002	509.745639	1001.457453	501.232365	1000.473437	500.740357	A	651.309666	326.158471	634.283117	317.645196	633.299101	317.153188	5
11	1147.526595	574.266936	1130.500046	565.753661	1129.516030	565.261653	E	580.272552	290.639914	563.246003	282.126639	562.261987	281.634631	4
12	1294.595009	647.801143	1277.568460	639.287868	1276.584444	638.795860	F	451.229959	226.118617	434.203410	217.605343	433.219394	217.113335	3
13	1423.637602	712.322439	1406.611053	703.809165	1405.627037	703.317157	E	304.161545	152.584410	287.134996	144.071136	286.150980	143.579128	2
14							R	175.118952	88.063114	158.092403	79.549839			1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
42.6	1660.740265	0.005373	<a href="#">MVSSYVGENAEFER</a>
5.6	1660.736237	0.009401	<a href="#">MNAVEENQGPGESQK</a>
2.1	1659.752243	0.993395	<a href="#">MSGSQSEVAPSPQSPR</a>
1.4	1659.741852	1.003786	<a href="#">YMQKMGMTEDDKR</a>

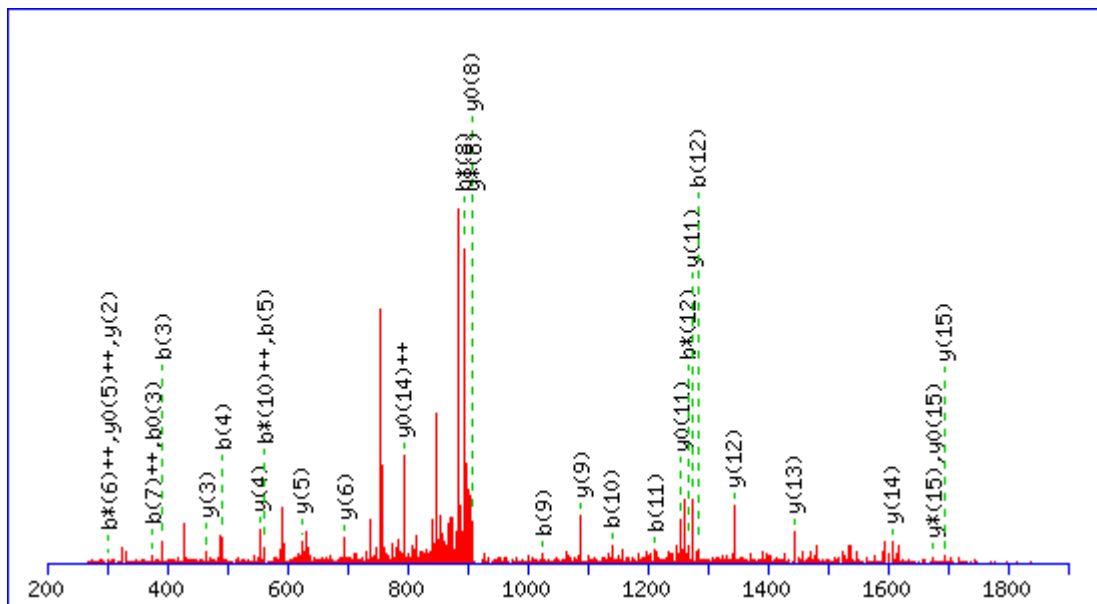
MS/MS Fragmentation of **NSYVAGQYDDAASYQR**

Found in **IPI00853547.1**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=G6PD glucose-6-phosphate dehydrogenase isoform a

Match to Query 6558: 1834.819060 from(918.416806,2+)

Title: Elution from: 27.49 to 31.40 period: FD070412dMavril04.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 187003.5 FinneganScanNumber: 1807

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril04.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1834.812180

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

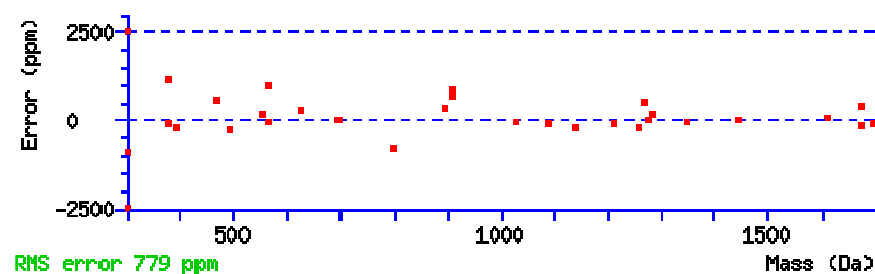
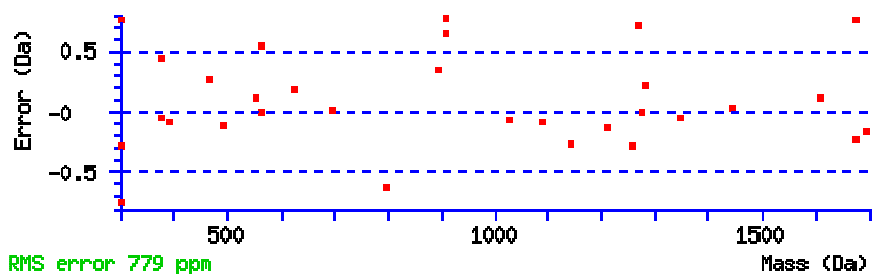
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 47 **Expect:** 0.0025

**Matches (Bold Red):** 31/172 fragment ions using 84 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b*	b <sup>*++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y*	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	143.081499	72.044387	126.054950	63.531113			N							16
2	230.113527	115.560401	213.086978	107.047127	212.102962	106.555119	S	1693.745257	847.376267	1676.718708	838.862992	1675.734692	838.370984	15
3	393.176856	197.092066	376.150307	188.578791	375.166291	188.086783	Y	1606.713229	803.860253	1589.686680	795.346978	1588.702664	794.854970	14
4	492.245270	246.626273	475.218721	238.112999	474.234705	237.620991	V	1443.649900	722.328588	1426.623351	713.815314	1425.639335	713.323306	13
5	563.282384	282.144830	546.255835	273.631556	545.271819	273.139548	A	1344.581486	672.794381	1327.554937	664.281107	1326.570921	663.789099	12
6	620.303848	310.655562	603.277299	302.142288	602.293283	301.650280	G	1273.544372	637.275824	1256.517823	628.762550	1255.533807	628.270542	11
7	748.362426	374.684851	731.335877	366.171577	730.351861	365.679569	Q	1216.522908	608.765092	1199.496359	600.251818	1198.512343	599.759810	10
8	911.425755	456.216516	894.399206	447.703241	893.415190	447.211233	Y	1088.464330	544.735803	1071.437781	536.222529	1070.453765	535.730521	9
9	1026.452698	513.729987	1009.426149	505.216713	1008.442133	504.724705	D	925.401001	463.204139	908.374452	454.690864	907.390436	454.198856	8
10	1141.479641	571.243459	1124.453092	562.730184	1123.469076	562.238176	D	810.374058	405.690667	793.347509	397.177393	792.363493	396.685385	7
11	1212.516755	606.762016	1195.490206	598.248741	1194.506190	597.756733	A	695.347115	348.177196	678.320566	339.663921	677.336550	339.171913	6
12	1283.553869	642.280573	1266.527320	633.767298	1265.543304	633.275290	A	624.310001	312.658639	607.283452	304.145364	606.299436	303.653356	5
13	1370.585897	685.796587	1353.559348	677.283312	1352.575332	676.791304	S	553.272887	277.140082	536.246338	268.626807	535.262322	268.134799	4
14	1533.649226	767.328251	1516.622677	758.814977	1515.638661	758.322969	Y	466.240859	233.624068	449.214310	225.110793			3
15	1661.707804	831.357540	1644.681255	822.844266	1643.697239	822.352258	Q	303.177530	152.092403	286.150981	143.579129			2
16							R	175.118952	88.063114	158.092403	79.549839			1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
46.8	1834.812180	0.006880	<a href="#">NSYVAGQYDDAASYQR</a>

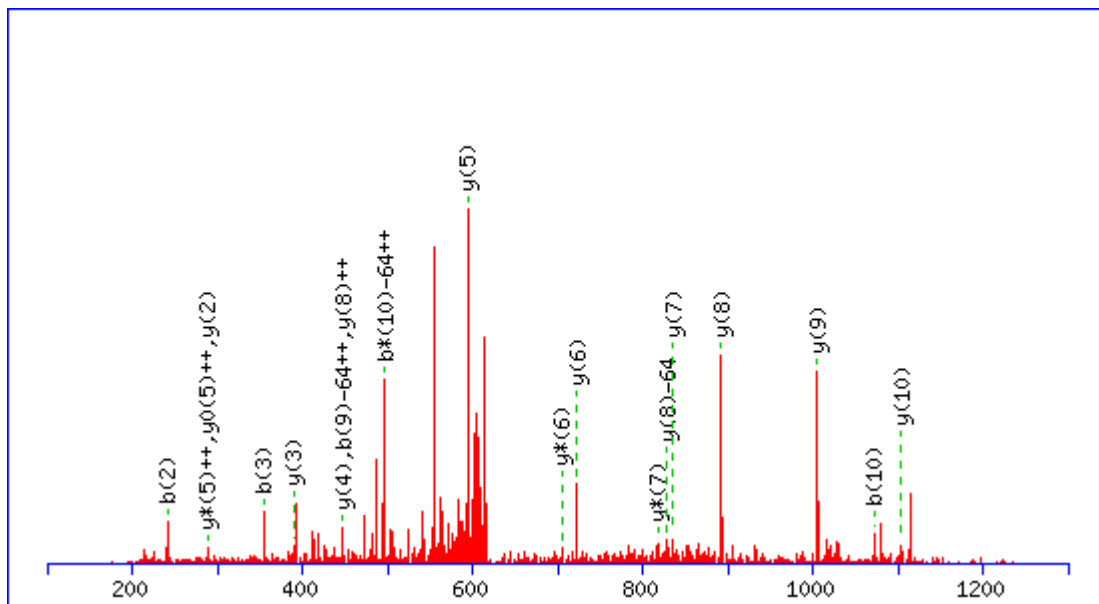
MS/MS Fragmentation of **NVIGLQMGTR**

Found in **IPI00550363.3**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=TAGLN2 Transgelin-2

Match to Query 4335: 1245.654876 from(623.834714,2+)

Title: Elution from: 25.15 to 28.99 period: FD070412dMavril06.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 342830.3 FinneganScanNumber: 1556

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril06.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1245.649948

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

**Variable modifications:**

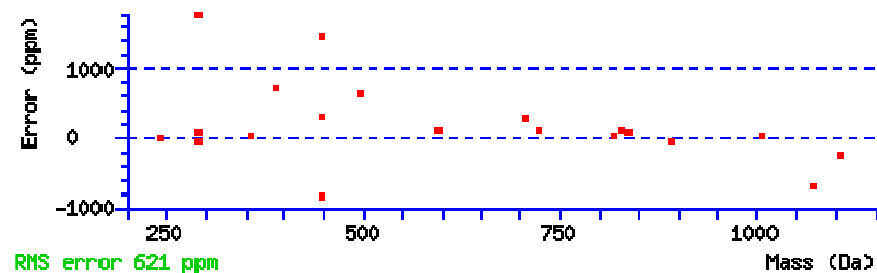
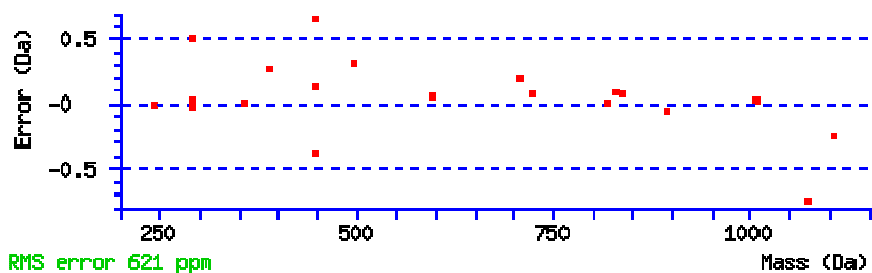
**N-term :** Dimethyl (N-term)

**M7 :** Oxidation (M), with neutral losses 0.000000(shown in table), 63.998285

**Ions Score:** 43 **Expect:** 0.02

**Matches (Bold Red):** 20/156 fragment ions using 43 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b*	b <sup>*++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y*	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	143.081499	72.044387	126.054950	63.531113			N							11
2	<b>242.149913</b>	121.578594	225.123364	113.065320			V	<b>1104.583010</b>	552.795143	1087.556461	544.281869	1086.572445	543.789861	10
3	<b>355.233977</b>	178.120626	338.207428	169.607352			I	<b>1005.514596</b>	503.260936	988.488047	494.747661	987.504031	494.255653	9
4	412.255441	206.631358	395.228892	198.118084			G	<b>892.430532</b>	<b>446.718904</b>	875.403983	438.205630	874.419967	437.713622	8
5	525.339505	263.173391	508.312956	254.660116			L	<b>835.409068</b>	418.208172	<b>818.382519</b>	409.694898	817.398503	409.202890	7
6	653.398083	327.202680	636.371534	318.689405			Q	<b>722.325004</b>	361.666140	<b>705.298455</b>	353.152866	704.314439	352.660858	6
7	800.433487	400.720382	783.406938	392.207107			M	<b>594.266426</b>	297.636851	577.239877	<b>289.123577</b>	576.255861	<b>288.631569</b>	5
8	857.454951	429.231114	840.428402	420.717839			G	<b>447.231022</b>	224.119149	430.204473	215.605874	429.220457	215.113866	4
9	958.502630	479.754953	941.476081	471.241679	940.492065	470.749671	T	<b>390.209558</b>	195.608417	373.183009	187.095142	372.198993	186.603134	3
10	<b>1072.545557</b>	536.776417	1055.519008	528.263142	1054.534992	527.771134	N	<b>289.161879</b>	145.084577	272.135330	136.571303			2
11							R	175.118952	88.063114	158.092403	79.549839			1



#### All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
43.0	1245.649948	0.004928	<a href="#">NVIGLQMGTNR</a>
4.9	1245.657806	-0.002930	<a href="#">XQPQPQRPR</a>
4.9	1245.663834	-0.008958	<a href="#">QLLEQESIMK</a>
4.0	1245.642731	0.012145	<a href="#">MIADFLVEHK</a>
3.6	1243.641708	2.013168	<a href="#">LVTGPMGPCLR</a>
3.1	1245.656433	-0.001557	<a href="#">LKLSSGNEENK</a>
2.6	1243.648193	2.006683	<a href="#">MASLPPTENLK</a>
1.6	1245.657318	-0.002442	<a href="#">DMKKAVAHMK</a>

0.6	1245.643402	0.011474	<a href="#">RTPAKMCLNR</a>
0.5	1245.657318	-0.002442	<a href="#">DMKKAVAHMK</a>

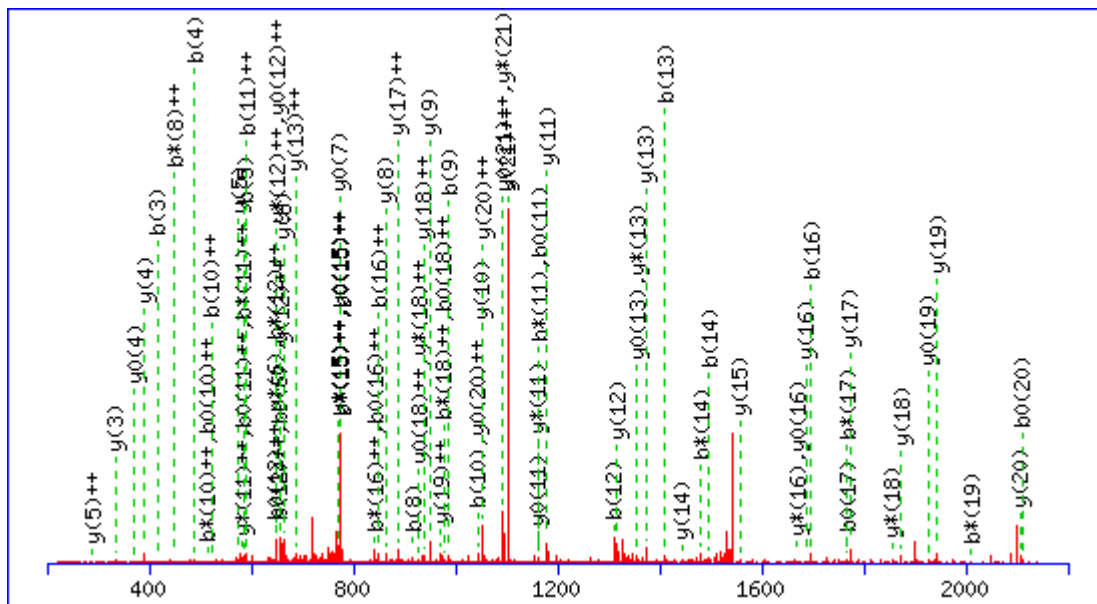
MS/MS Fragmentation of **QPYAVSELAGHQ TSAESWGTGR**

Found in **IPI00003918.6**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=RPL4 60S ribosomal protein L4

Match to Query 6768: 2359.140936 from(787.387588,3+)

Title: Elution from: 34.01 to 37.86 period: FD070412dMavril05.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 616428.9 FinneganScanNumber: 2266

Data file D:\projectemp\FD080412dM\FD070412dMavril05.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 2359.119278

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

**Variable modifications:**

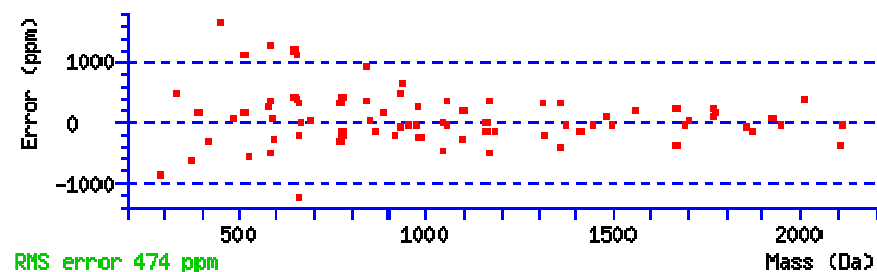
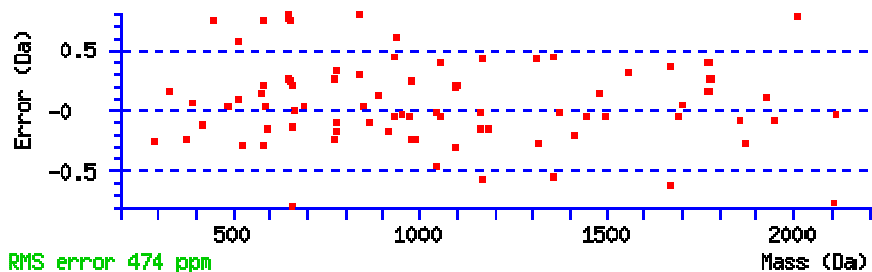
**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 64 **Expect:** 0.00012

**Matches (Bold Red):** 82/238 fragment ions using 194 most intense peaks



#	b	b <sup>++</sup>	b*	b <sup>*++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y*	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	157.097150	79.052213	140.070601	70.538939			Q							22
2	254.149914	127.578595	237.123365	119.065320			P	2204.036688	1102.521982	2187.010139	1094.008707	2186.026123	1093.516699	21
3	417.213243	209.110259	400.186694	200.596985			Y	2106.983924	1053.995600	2089.957375	1045.482325	2088.973359	1044.990317	20
4	488.250357	244.628816	471.223808	236.115542			A	1943.920595	972.463936	1926.894046	963.950661	1925.910030	963.458653	19
5	587.318771	294.163024	570.292222	285.649749			V	1872.883481	936.945379	1855.856932	928.432104	1854.872916	927.940096	18
6	674.350799	337.679037	657.324250	329.165763	656.340234	328.673755	S	1773.815067	887.411172	1756.788518	878.897897	1755.804502	878.405889	17
7	803.393392	402.200334	786.366843	393.687059	785.382827	393.195051	E	1686.783039	843.895158	1669.756490	835.381883	1668.772474	834.889875	16
8	916.477456	458.742366	899.450907	450.229091	898.466891	449.737083	L	1557.740446	779.373861	1540.713897	770.860587	1539.729881	770.368579	15
9	987.514570	494.260923	970.488021	485.747648	969.504005	485.255640	A	1444.656382	722.831829	1427.629833	714.318555	1426.645817	713.826547	14
10	1044.536034	522.771655	1027.509485	514.258381	1026.525469	513.766372	G	1373.619268	687.313272	1356.592719	678.799998	1355.608703	678.307990	13
11	1181.594946	591.301111	1164.568397	582.787837	1163.584381	582.295829	H	1316.597804	658.802540	1299.571255	650.289266	1298.587239	649.797258	12
12	1309.653524	655.330400	1292.626975	646.817126	1291.642959	646.325118	Q	1179.538892	590.273084	1162.512343	581.759810	1161.528327	581.267802	11
13	1410.701203	705.854240	1393.674654	697.340965	1392.690638	696.848957	T	1051.480314	526.243795	1034.453765	517.730521	1033.469749	517.238513	10
14	1497.733231	749.370254	1480.706682	740.856979	1479.722666	740.364971	S	950.432635	475.719956	933.406086	467.206681	932.422070	466.714673	9
15	1568.770345	784.888811	1551.743796	776.375536	1550.759780	775.883528	A	863.400607	432.203942	846.374058	423.690667	845.390042	423.198659	8
16	1697.812938	849.410107	1680.786389	840.896833	1679.802373	840.404825	E	792.363493	396.685385	775.336944	388.172110	774.352928	387.680102	7
17	1784.844966	892.926121	1767.818417	884.412847	1766.834401	883.920839	S	663.320900	332.164088	646.294351	323.650813	645.310335	323.158805	6
18	1970.924279	985.965778	1953.897730	977.452503	1952.913714	976.960495	W	576.288872	288.648074	559.262323	280.134799	558.278307	279.642791	5
19	2027.945743	1014.476510	2010.919194	1005.963235	2009.935178	1005.471227	G	390.209559	195.608417	373.183010	187.095143	372.198994	186.603135	4
20	2128.993422	1065.000349	2111.966873	1056.487074	2110.982857	1055.995066	T	333.188095	167.097685	316.161546	158.584411	315.177530	158.092403	3
21	2186.014886	1093.511081	2168.988337	1084.997806	2168.004321	1084.505798	G	232.140416	116.573846	215.113867	108.060571			2
22							R	175.118952	88.063114	158.092403	79.549839			1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
63.9	2359.119278	0.021658	<a href="#">QPYAVSELAGHQ TSAESWGTGR</a>
5.4	2357.153259	1.987677	<a href="#">QQAQEA AVPSQSCSTSLEALK</a>
3.6	2357.124283	2.016653	<a href="#">PSTSEIEDQSMMGKFKVER</a>
2.1	2359.143295	-0.002359	<a href="#">QTSSTEMLQEIR TMMTQLK</a>
1.8	2359.152496	-0.011560	<a href="#">DAAHMLQANKTYGCV PVANKR</a>
0.8	2359.145111	-0.004175	<a href="#">QGPSETAVQMEARSSVPAGHHR</a>
0.3	2358.155914	0.985022	<a href="#">DLGSDSPIQTDHMMERLLLK</a>
0.2	2357.141357	1.999579	<a href="#">HNVHPTQIYGHHKEQFSDR</a>
0.1	2357.143356	1.997580	<a href="#">KQVGYIMOEYNDTLQRAER</a>

---

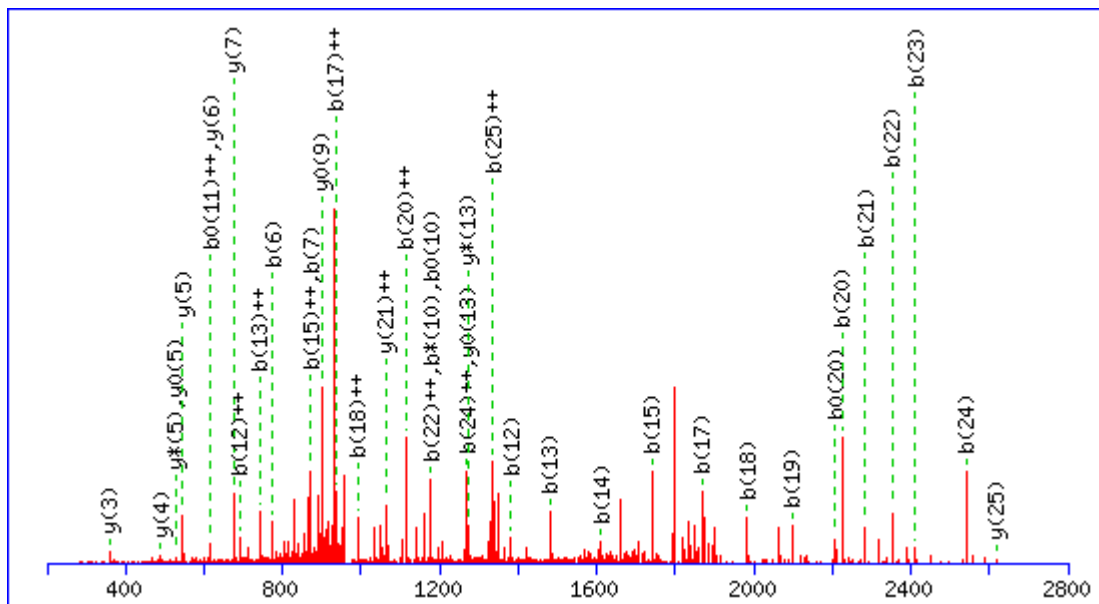
MS/MS Fragmentation of **RPQYSNPPVQGEVMEGADNQGAGEQGR**

Found in **IPI00031812.3**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=YBX1 Nuclease-sensitive element-binding protein 1

Match to Query 7039: 2898.347847 from(967.123225,3+)

Title: Elution from: 26.57 to 30.45 period: FD070412dMavril05.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 145969.2 FinneganScanNumber: 1684

Data file D:\projectemp\FD080412dM\FD070412dMavril05.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 2898.331467

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

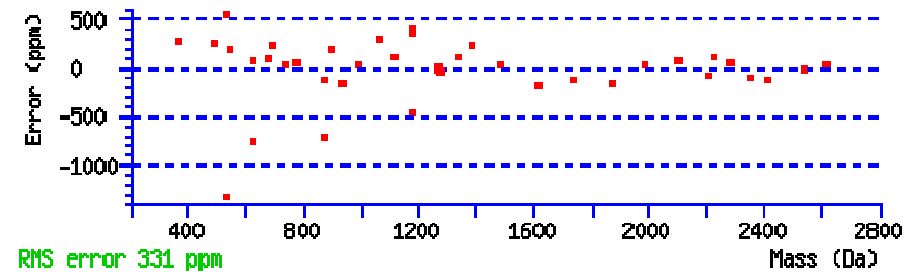
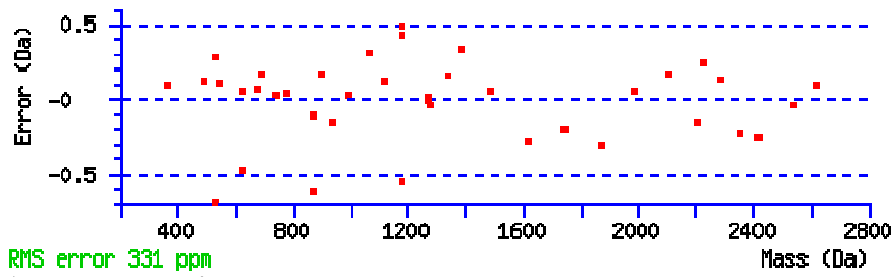
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 77 **Expect:** 3.8e-06

**Matches (Bold Red):** 39/298 fragment ions using 62 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b*	b <sup>*++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y*	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	185.139683	93.073479	168.113134	84.560205			R							27
2	282.192447	141.599861	265.165898	133.086587			P	2715.206350	1358.106813	2698.179801	1349.593538	2697.195785	1349.101530	26
3	410.251025	205.629150	393.224476	197.115876			Q	<b>2618.153586</b>	1309.580431	2601.127037	1301.067156	2600.143021	1300.575148	25
4	573.314354	287.160815	556.287805	278.647540			Y	2490.095008	1245.551142	2473.068459	1237.037867	2472.084443	1236.545859	24
5	660.346382	330.676829	643.319833	322.163554	642.335817	321.671546	S	2327.031679	1164.019477	2310.005130	1155.506203	2309.021114	1155.014195	23
6	<b>774.389309</b>	387.698292	757.362760	379.185018	756.378744	378.693010	N	2239.999651	1120.503463	2222.973102	1111.990189	2221.989086	1111.498181	22
7	<b>871.442073</b>	436.224674	854.415524	427.711400	853.431508	427.219392	P	2125.956724	<b>1063.482000</b>	2108.930175	1054.968725	2107.946159	1054.476717	21
8	968.494837	484.751057	951.468288	476.237782	950.484272	475.745774	P	2028.903960	1014.955618	2011.877411	1006.442344	2010.893395	1005.950336	20
9	1067.563251	534.285264	1050.536702	525.771989	1049.552686	525.279981	V	1931.851196	966.429236	1914.824647	957.915962	1913.840631	957.423954	19
10	1195.621829	598.314552	<b>1178.595280</b>	589.801278	<b>1177.611264</b>	589.309270	Q	1832.782782	916.895029	1815.756233	908.381755	1814.772217	907.889747	18
11	1252.643293	626.825284	1235.616744	618.312010	1234.632728	<b>617.820002</b>	G	1704.724204	852.865740	1687.697655	844.352466	1686.713639	843.860458	17
12	<b>1381.685886</b>	<b>691.346581</b>	1364.659337	682.833307	1363.675321	682.341298	E	1647.702740	824.355008	1630.676191	815.841734	1629.692175	815.349726	16
13	<b>1480.754300</b>	<b>740.880788</b>	1463.727751	732.367514	1462.743735	731.875506	V	1518.660147	759.833712	1501.633598	751.320437	1500.649582	750.828429	15
14	<b>1611.794785</b>	806.401031	1594.768236	797.887756	1593.784220	797.395748	M	1419.591733	710.299505	1402.565184	701.786230	1401.581168	701.294222	14
15	<b>1740.837378</b>	<b>870.922327</b>	1723.810829	862.409053	1722.826813	861.917044	E	1288.551248	644.779262	<b>1271.524699</b>	636.265988	<b>1270.540683</b>	635.773980	13
16	1797.858842	899.433059	1780.832293	890.919784	1779.848277	890.427776	G	1159.508655	580.257966	1142.482106	571.744691	1141.498090	571.252683	12
17	<b>1868.895956</b>	<b>934.951616</b>	1851.869407	926.438341	1850.885391	925.946333	A	1102.487191	551.747234	1085.460642	543.233959	1084.476626	542.741951	11
18	<b>1983.922899</b>	<b>992.465087</b>	1966.896350	983.951813	1965.912334	983.459805	D	1031.450077	516.228677	1014.423528	507.715402	1013.439512	507.223394	10
19	<b>2097.965826</b>	1049.486551	2080.939277	1040.973276	2079.955261	1040.481268	N	916.423134	458.715205	899.396585	450.201931	<b>898.412569</b>	449.709923	9
20	<b>2226.024404</b>	<b>1113.515840</b>	2208.997855	1105.002565	<b>2208.013839</b>	1104.510557	Q	802.380207	401.693742	785.353658	393.180467	784.369642	392.688459	8
21	<b>2283.045868</b>	1142.026572	2266.019319	1133.513297	2265.035303	1133.021289	G	<b>674.321629</b>	337.664453	657.295080	329.151178	656.311064	328.659170	7
22	<b>2354.082982</b>	<b>1177.545129</b>	2337.056433	1169.031854	2336.072417	1168.539846	A	<b>617.300165</b>	309.153721	600.273616	300.640446	599.289600	300.148438	6
23	<b>2411.104446</b>	1206.055861	2394.077897	1197.542586	2393.093881	1197.050578	G	<b>546.263051</b>	273.635164	<b>529.236502</b>	265.121889	<b>528.252486</b>	264.629881	5
24	<b>2540.147039</b>	<b>1270.577157</b>	2523.120490	1262.063883	2522.136474	1261.571875	E	<b>489.241587</b>	245.124432	472.215038	236.611157	471.231022	236.119149	4
25	2668.205617	<b>1334.606446</b>	2651.179068	1326.093172	2650.195052	1325.601164	Q	<b>360.198994</b>	180.603135	343.172445	172.089860			3
26	2725.227081	1363.117178	2708.200532	1354.603904	2707.216516	1354.111896	G	232.140416	116.573846	215.113867	108.060571			2
27							R	175.118952	88.063114	158.092403	79.549839			1



Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
76.7	2898.331467	0.016380	<a href="#">RPQYSNPPVQGEVMEGADNQGAGEQGR</a>
7.0	2897.338211	1.009636	<a href="#">TQEELMNSNQMSDLSQKLEELQR</a>
3.2	2896.347031	2.000816	<a href="#">QIFTRISTDDDIETNSSTFMKEMK</a>
2.4	2898.352554	-0.004707	<a href="#">NDMKSRLSSLSPANHENQPSEGER</a>
1.5	2896.357132	1.990715	<a href="#">IMGYDWAERCQHVPFGVVQGMKTR</a>

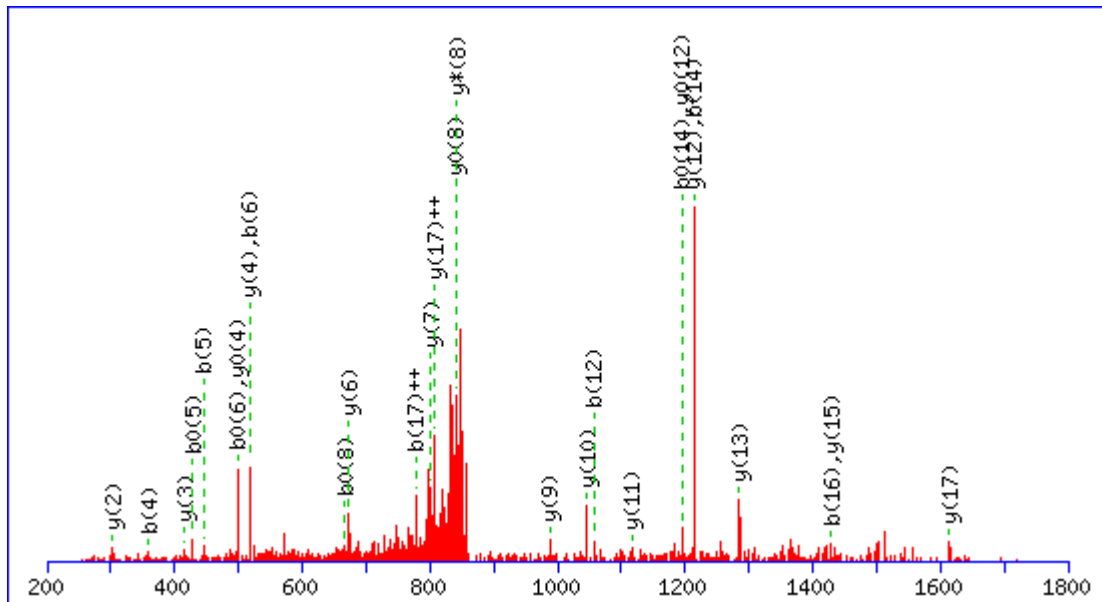
MS/MS Fragmentation of **SADGSAPAGEGEGVTLQR**

Found in **IPI00008986.1**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=SLC7A5 Large neutral amino acids transporter small subunit 1

Match to Query 6041: 1729.845448 from(865.930000,2+)

Title: Elution from: 23.29 to 27.22 period: FD070412dMavril07.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 0.0 FinneganScanNumber: 1575

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril07.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1728.827850

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

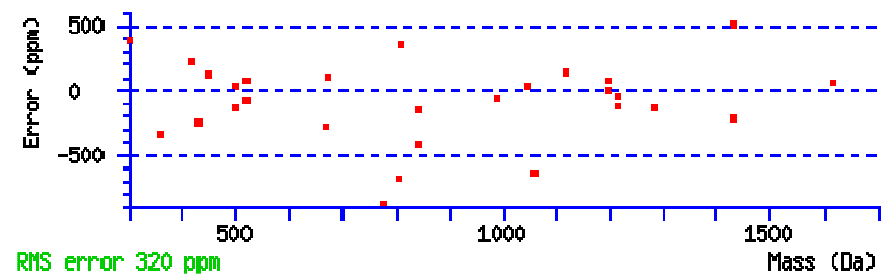
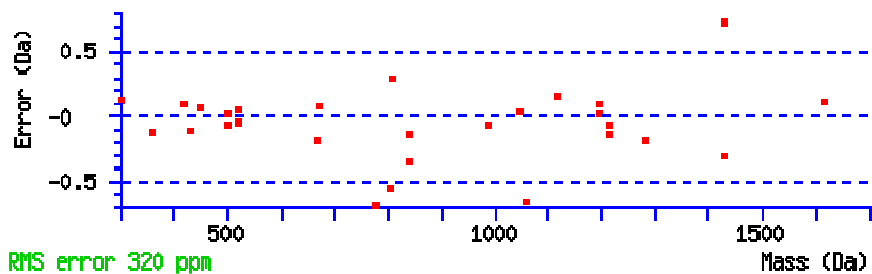
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 64 **Expect:** 0.00011

**Matches (Bold Red):** 28/166 fragment ions using 77 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b*	b <sup>***</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y*	y <sup>***</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	116.070600	58.538938			98.060035	49.533656	S							18
2	187.107714	94.057495			169.097149	85.052212	A	1614.771806	807.889541	1597.745257	799.376267	1596.761241	798.884258	17
3	302.134657	151.570966			284.124092	142.565684	D	1543.734692	772.370984	1526.708143	763.857710	1525.724127	763.365702	16
4	359.156121	180.081698			341.145556	171.076416	G	1428.707749	714.857512	1411.681200	706.344238	1410.697184	705.852230	15
5	446.188149	223.597713			428.177584	214.592430	S	1371.686285	686.346781	1354.659736	677.833506	1353.675720	677.341498	14
6	517.225263	259.116270			499.214698	250.110987	A	1284.654257	642.830766	1267.627708	634.317492	1266.643692	633.825484	13
7	614.278027	307.642652			596.267462	298.637369	P	1213.617143	607.312210	1196.590594	598.798935	1195.606578	598.306927	12
8	685.315141	343.161209			667.304576	334.155926	A	1116.564379	558.785828	1099.537830	550.272553	1098.553814	549.780545	11
9	742.336605	371.671941			724.326040	362.666658	G	1045.527265	523.267270	1028.500716	514.753996	1027.516700	514.261988	10
10	871.379198	436.193237			853.368633	427.187955	E	988.505801	494.756539	971.479252	486.243264	970.495236	485.751256	9
11	928.400662	464.703969			910.390097	455.698687	G	859.463208	430.235242	842.436659	421.721968	841.452643	421.229960	8
12	1057.443255	529.225266			1039.432690	520.219983	E	802.441744	401.724510	785.415195	393.211235	784.431179	392.719227	7
13	1114.464719	557.735998			1096.454154	548.730715	G	673.399151	337.203213	656.372602	328.689939	655.388586	328.197931	6
14	1213.533133	607.270205			1195.522568	598.264922	V	616.377687	308.692481	599.351138	300.179207	598.367122	299.687199	5
15	1314.580812	657.794044			1296.570247	648.788762	T	517.309273	259.158274	500.282724	250.645000	499.298708	250.152992	4
16	1427.664876	714.336076			1409.654311	705.330794	L	416.261594	208.634435	399.235045	200.121160			3
17	1555.723454	778.365365	1538.696905	769.852091	1537.712889	769.360083	Q	303.177530	152.092403	286.150981	143.579128			2
18							R	175.118952	88.063114	158.092403	79.549839			1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
63.8	1728.827850	1.017598	<a href="#">SADGSAPAGEGEGVTLQR</a>

14.9	1728.840424	1.005024	<a href="#">IDWGRGGGQERTNQR</a>
9.7	1727.843765	2.001683	<a href="#">EAAAAREEAEQALGER</a>
6.4	1728.858337	0.987111	<a href="#">SFEDIHHYREQIK</a>
5.9	1728.846466	0.998982	<a href="#">GVAAMENNTLVPQQNK</a>
5.7	1728.836578	1.008870	<a href="#">SASMHTFLNHSATGIR</a>
5.4	1729.855621	-0.010173	<a href="#">DMPLSSDGNPKVNEK</a>
4.6	1728.843094	1.002354	<a href="#">KFQLPPAADESGDAQR</a>
4.2	1728.847824	0.997624	<a href="#">MGPGQHGVAPPPAGRER</a>
3.7	1728.857697	0.987751	<a href="#">MEGSGGGAGERAPLLGAR</a>



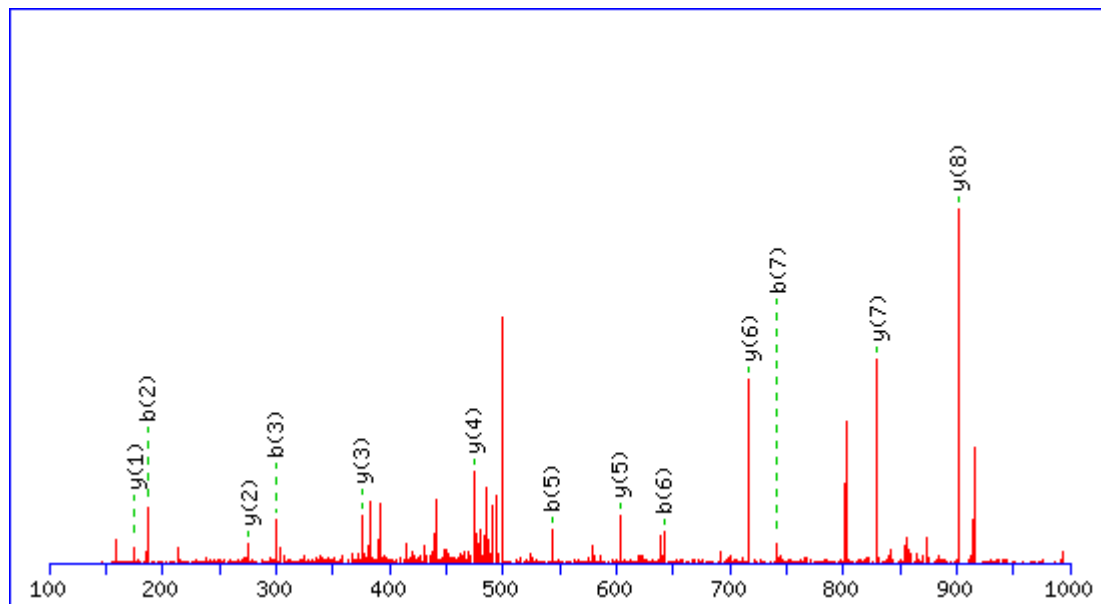
MS/MS Fragmentation of **SAINVVTR**

Found in **IPI00026302.3**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=RPL31 60S ribosomal protein L31

Match to Query 3478: 1015.568526 from(508.791539,2+)

Title: Elution from: 23.13 to 27.02 period: FD070412dMavril06.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 684019.5 FinneganScanNumber: 1414

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril06.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1015.566193

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

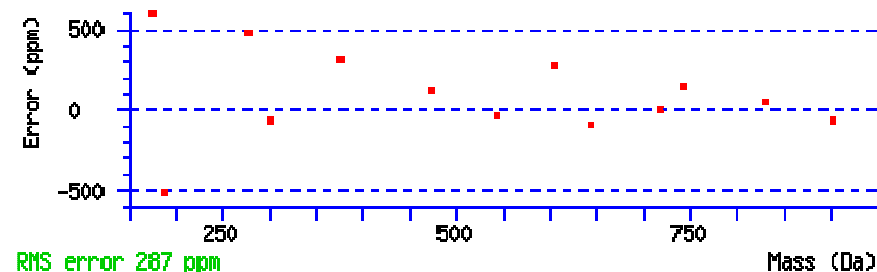
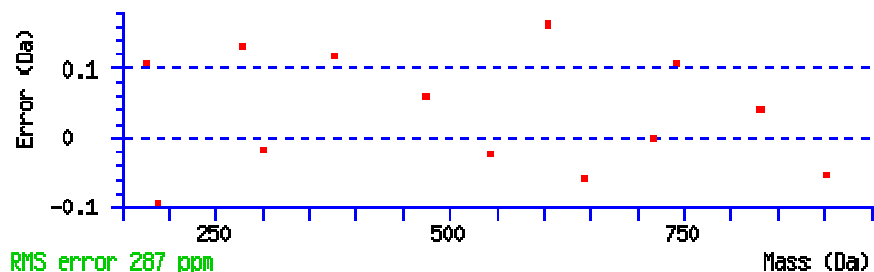
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 43 **Expect:** 0.023

**Matches (Bold Red):** 13/88 fragment ions using 45 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b <sup>*</sup>	b <sup>*++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y <sup>*</sup>	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	116.070600	58.538938			98.060035	49.533656	S							9
2	<b>187.107714</b>	94.057495			169.097149	85.052212	A	<b>901.510157</b>	451.258717	884.483608	442.745442	883.499592	442.253434	8
3	<b>300.191778</b>	150.599527			282.181213	141.594245	I	<b>830.473043</b>	415.740160	813.446494	407.226885	812.462478	406.734877	7
4	414.234705	207.620991	397.208156	199.107716	396.224140	198.615708	N	<b>717.388979</b>	359.198128	700.362430	350.684853	699.378414	350.192845	6
5	<b>543.277298</b>	272.142287	526.250749	263.629013	525.266733	263.137005	E	<b>603.346052</b>	302.176664	586.319503	293.663389	585.335487	293.171381	5
6	<b>642.345712</b>	321.676494	625.319163	313.163220	624.335147	312.671212	V	<b>474.303459</b>	237.655367	457.276910	229.142093	456.292894	228.650085	4
7	<b>741.414126</b>	371.210701	724.387577	362.697427	723.403561	362.205419	V	<b>375.235045</b>	188.121160	358.208496	179.607886	357.224480	179.115878	3
8	842.461805	421.734541	825.435256	413.221266	824.451240	412.729258	T	<b>276.166631</b>	138.586953	259.140082	130.073679	258.156066	129.581671	2
9							R	<b>175.118952</b>	88.063114	158.092403	79.549839			1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
42.7	1015.566193	0.002333	<a href="#">SAINEVVTR</a>
25.7	1015.570190	-0.001664	<a href="#">SALIEHYK</a>
12.4	1015.577408	-0.008882	<a href="#">ASLISEGRR</a>
12.4	1015.570221	-0.001695	<a href="#">WLEASVVGK</a>
11.8	1013.557938	2.010588	<a href="#">IALCIDGPK</a>
10.2	1013.569168	1.999358	<a href="#">ALLLPQMR</a>
9.6	1013.554581	2.013945	<a href="#">ALYVVHPTS</a>
9.3	1013.565811	2.002715	<a href="#">LVHANFGTK</a>
8.6	1014.564423	1.004103	<a href="#">NVCLQLR</a>
8.3	1015.577408	-0.008882	<a href="#">KTREVAER</a>



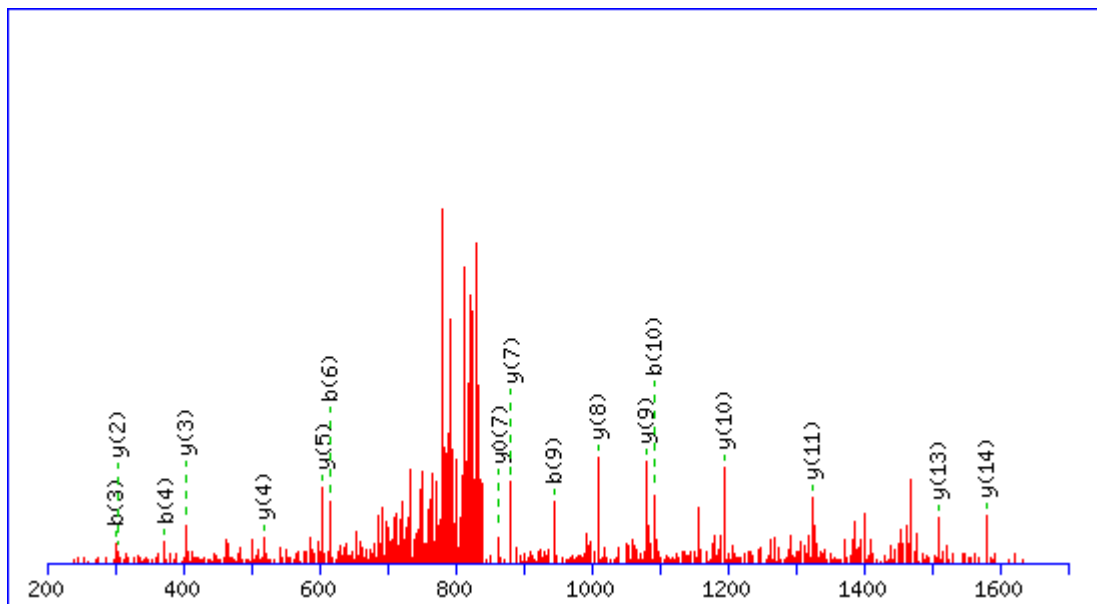
MS/MS Fragmentation of **SANAEDAQEFSDVER**

Found in **IPI00010214.1**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=S100A14 Protein S100-A14

Match to Query 5887: 1694.745942 from(848.380247,2+)

Title: Elution from: 26.91 to 30.86 period: FD070412dMavril06.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 221872.5 FinneganScanNumber: 1706

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril06.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1694.738342

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

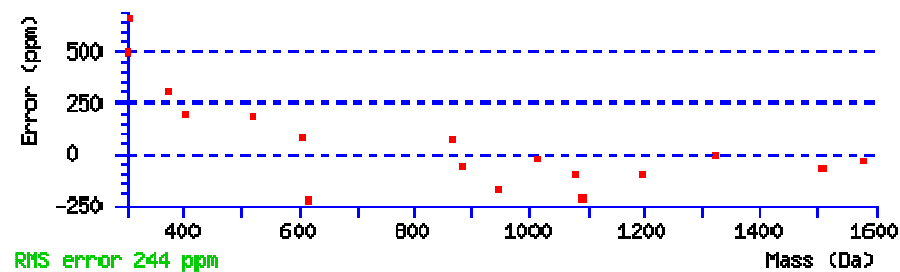
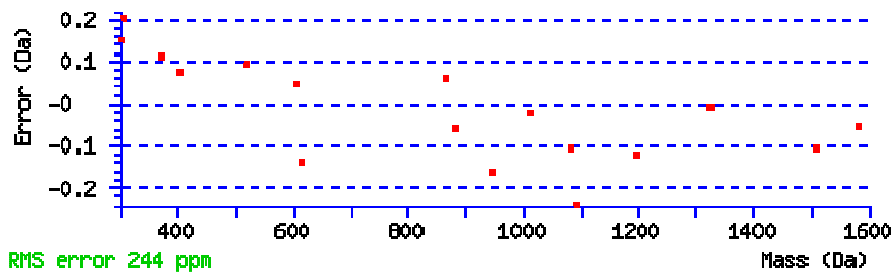
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 80 **Expect:** 6.3e-07

**Matches (Bold Red):** 17/162 fragment ions using 36 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b <sup>*</sup>	b <sup>*++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y <sup>*</sup>	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	116.070600	58.538938			98.060035	49.533656	S							15
2	187.107714	94.057495			169.097149	85.052212	A	1580.682320	790.844798	1563.655771	782.331524	1562.671755	781.839516	14
3	301.150641	151.078958	284.124092	142.565684	283.140076	142.073676	N	1509.645206	755.326241	1492.618657	746.812967	1491.634641	746.320959	13
4	372.187755	186.597515	355.161206	178.084241	354.177190	177.592233	A	1395.602279	698.304778	1378.575730	689.791503	1377.591714	689.299495	12
5	501.230348	251.118812	484.203799	242.605537	483.219783	242.113529	E	1324.565165	662.786221	1307.538616	654.272946	1306.554600	653.780938	11
6	616.257291	308.632284	599.230742	300.119009	598.246726	299.627001	D	1195.522572	598.264924	1178.496023	589.751650	1177.512007	589.259642	10
7	687.294405	344.150841	670.267856	335.637566	669.283840	335.145558	A	1080.495629	540.751453	1063.469080	532.238178	1062.485064	531.746170	9
8	815.352983	408.180130	798.326434	399.666855	797.342418	399.174847	Q	1009.458515	505.232896	992.431966	496.719621	991.447950	496.227613	8
9	944.395576	472.701426	927.369027	464.188152	926.385011	463.696144	E	881.399937	441.203607	864.373388	432.690332	863.389372	432.198324	7
10	1091.463990	546.235633	1074.437441	537.722359	1073.453425	537.230351	F	752.357344	376.682310	735.330795	368.169036	734.346779	367.677028	6
11	1178.496018	589.751647	1161.469469	581.238373	1160.485453	580.746365	S	605.288930	303.148103	588.262381	294.634829	587.278365	294.142821	5
12	1293.522961	647.265119	1276.496412	638.751844	1275.512396	638.259836	D	518.256902	259.632089	501.230353	251.118815	500.246337	250.626807	4
13	1392.591375	696.799326	1375.564826	688.286051	1374.580810	687.794043	V	403.229959	202.118617	386.203410	193.605343	385.219394	193.113335	3
14	1521.633968	761.320622	1504.607419	752.807348	1503.623403	752.315340	E	304.161545	152.584410	287.134996	144.071136	286.150980	143.579128	2
15							R	175.118952	88.063114	158.092403	79.549839			1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
80.0	1694.738342	0.007600	<a href="#">SANAEDAQEFSDVER</a>
1.4	1693.754318	0.991624	<a href="#">NNDLQDNYLSEQNK</a>

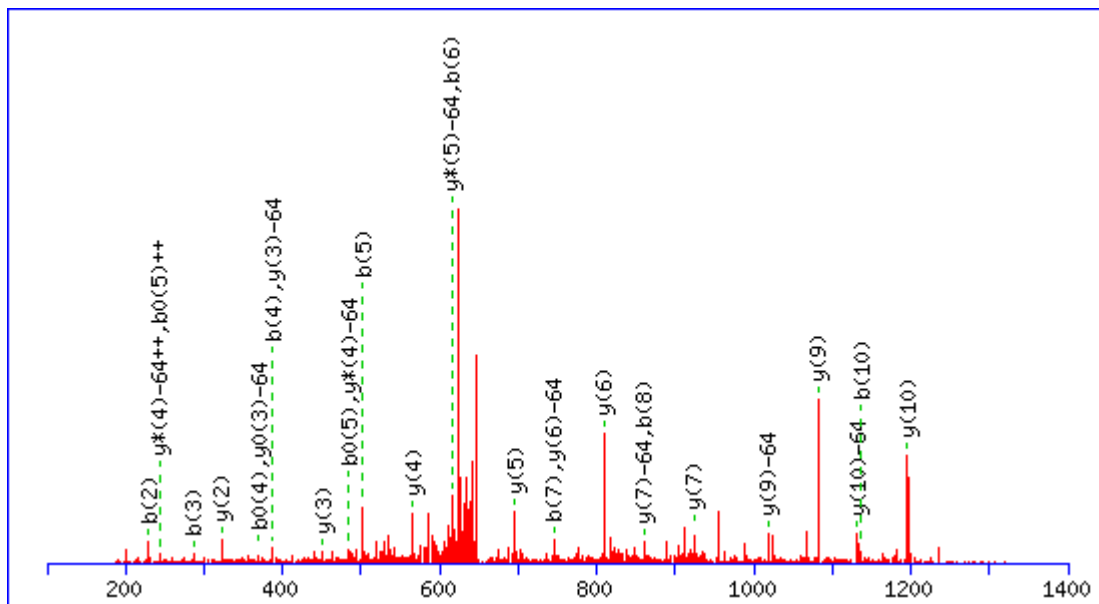
MS/MS Fragmentation of **SLGTDLMNEMR**

Found in **IPI00217561.2**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=ITGB1 Isoform Beta-1C of Integrin beta-1

Match to Query 5219: 1309.608762 from(655.811657,2+)

Title: Elution from: 32.20 to 36.07 period: FD070412dMavril02.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 474825.5 FinneganScanNumber: 2189

Data file D:\projectemp\FD080412dM\FD070412dMavril02.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1309.600601

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

**Variable modifications:**

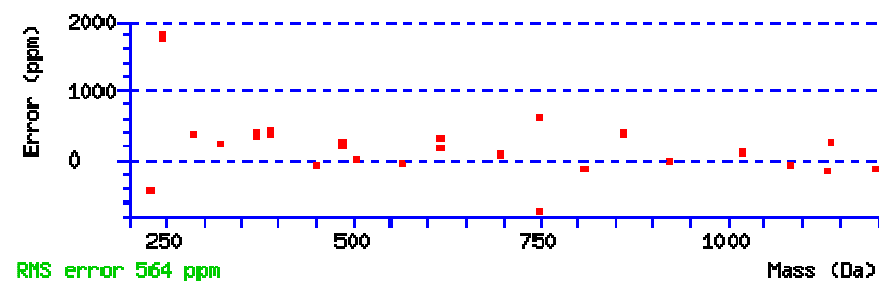
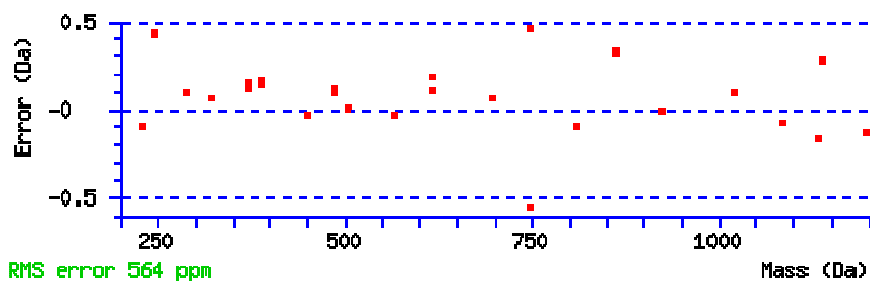
**N-term :** Dimethyl (N-term)

**M10 :** Oxidation (M), with neutral losses 0.000000(shown in table), 63.998285

**Ions Score:** 44 **Expect:** 0.0062

**Matches (Bold Red):** 28/160 fragment ions using 60 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b*	b <sup>*++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y*	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	116.070600	58.538938			98.060035	49.533656	S							11
2	<b>229.154664</b>	115.080970			211.144099	106.075687	L	<b>1195.544575</b>	598.275925	1178.518026	589.762651	1177.534010	589.270643	10
3	<b>286.176128</b>	143.591702			268.165563	134.586419	G	<b>1082.460511</b>	541.733894	1065.433962	533.220619	1064.449946	532.728611	9
4	<b>387.223807</b>	194.115541			<b>369.213242</b>	185.110259	T	1025.439047	513.223162	1008.412498	504.709887	1007.428482	504.217879	8
5	<b>502.250750</b>	251.629013			<b>484.240185</b>	<b>242.623730</b>	D	<b>924.391368</b>	462.699322	907.364819	454.186048	906.380803	453.694040	7
6	<b>615.334814</b>	308.171045			597.324249	299.165763	L	<b>809.364425</b>	405.185851	792.337876	396.672576	791.353860	396.180568	6
7	<b>746.375299</b>	373.691288			728.364734	364.686005	M	<b>696.280361</b>	348.643819	679.253812	340.130544	678.269796	339.638536	5
8	<b>860.418226</b>	430.712751	843.391677	422.199477	842.407661	421.707469	N	<b>565.239876</b>	283.123576	548.213327	274.610301	547.229311	274.118293	4
9	989.460819	495.234048	972.434270	486.720773	971.450254	486.228765	E	<b>451.196949</b>	226.102112	434.170400	217.588838	433.186384	217.096830	3
10	<b>1136.496223</b>	568.751750	1119.469674	560.238475	1118.485658	559.746467	M	<b>322.154356</b>	161.580816	305.127807	153.067541			2
11							R	175.118952	88.063114	158.092403	79.549839			1



#### All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
43.5	1309.600601	0.008161	<a href="#">SLGTDLMNEMR</a>
18.9	1309.600601	0.008161	<a href="#">SLGTDLMNEMR</a>
5.7	1308.613220	0.995542	<a href="#">YRPDLVDMER</a>
4.7	1307.596191	2.012571	<a href="#">IICDGSASMOAR</a>
4.7	1309.600601	0.008161	<a href="#">NIKQEDTCMK</a>
4.4	1309.597275	0.011487	<a href="#">EGFDVCTDVIR</a>
3.0	1309.600586	0.008176	<a href="#">AADMGNLKAMEK</a>
1.4	1307.610107	1.998655	<a href="#">IIPDCSMESTK</a>

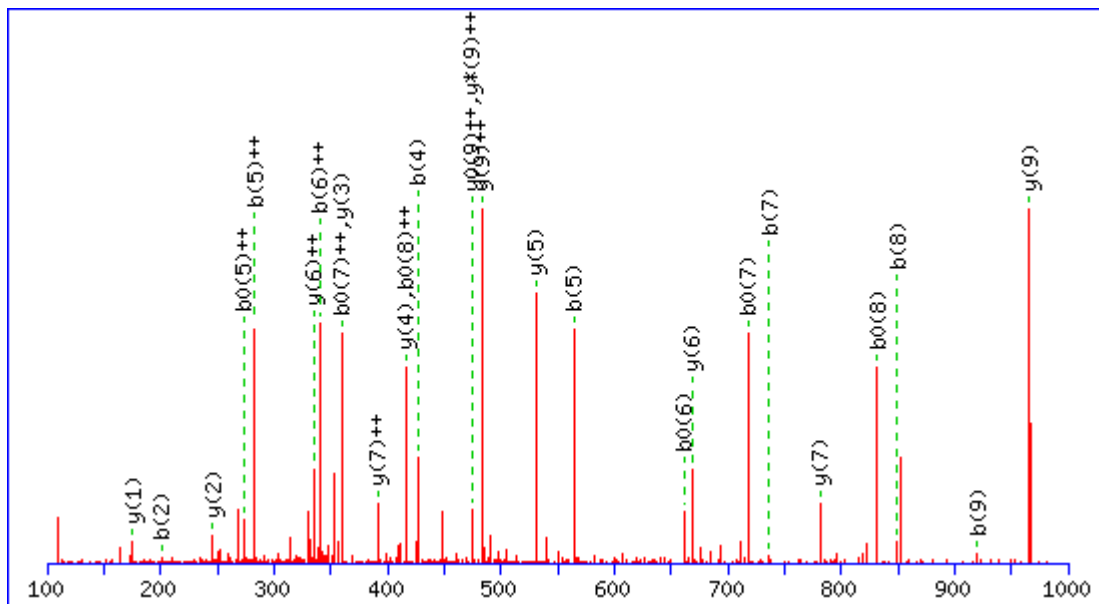
MS/MS Fragmentation of **TALIHDLAR**

Found in **IPI00013917.2**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=RPS12 40S ribosomal protein S12

Match to Query 3864: 1093.628652 from(365.550160,3+)

Title: Elution from: 24.98 to 28.90 period: FD070412dMavril06.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 1294682.5 FinneganScanNumber: 1552

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril06.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1093.624374

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

**Variable modifications:**

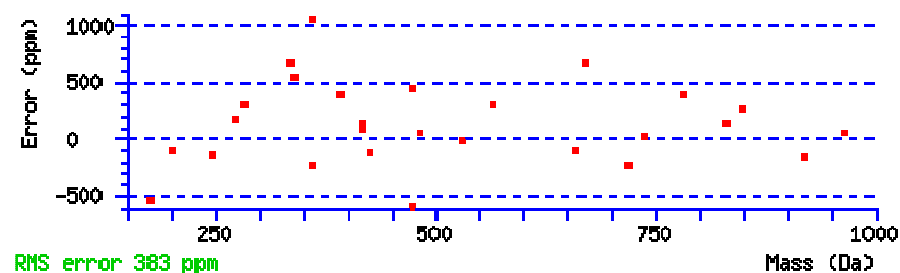
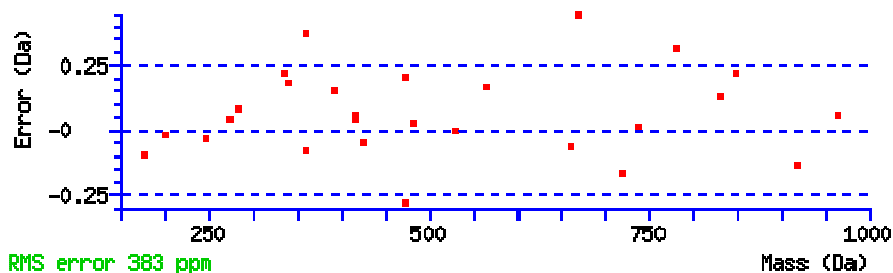
**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 52 **Expect:** 0.0016

**Matches (Bold Red):** 27/82 fragment ions using 45 most intense peaks



#	b	b <sup>++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y*	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	130.086251	65.546763	112.075686	56.541481	T							10
2	<b>201.123365</b>	101.065320	183.112800	92.060038	A	<b>965.552691</b>	<b>483.279984</b>	948.526142	<b>474.766709</b>	947.542126	<b>474.274701</b>	9
3	314.207429	157.607352	296.196864	148.602070	L	894.515577	447.761427	877.489028	439.248152	876.505012	438.756144	8
4	<b>427.291493</b>	214.149384	409.280928	205.144102	I	<b>781.431513</b>	<b>391.219395</b>	764.404964	382.706120	763.420948	382.214112	7
5	<b>564.350405</b>	<b>282.678841</b>	546.339840	<b>273.673558</b>	H	<b>668.347449</b>	<b>334.677363</b>	651.320900	326.164088	650.336884	325.672080	6
6	679.377348	<b>340.192312</b>	<b>661.366783</b>	331.187029	D	<b>531.288537</b>	266.147907	514.261988	257.634632	513.277972	257.142624	5
7	<b>736.398812</b>	368.703044	<b>718.388247</b>	<b>359.697762</b>	G	<b>416.261594</b>	208.634435	399.235045	200.121161			4
8	<b>849.482876</b>	425.245076	<b>831.472311</b>	<b>416.239794</b>	L	<b>359.240130</b>	180.123703	342.213581	171.610429			3
9	<b>920.519990</b>	460.763633	902.509425	451.758351	A	<b>246.156066</b>	123.581671	229.129517	115.068397			2
10					R	<b>175.118952</b>	88.063114	158.092403	79.549840			1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
52.0	1093.624374	0.004278	<a href="#">TALIHDGLAR</a>
14.3	1091.622665	2.005987	<a href="#">VXTSFGDAIK</a>
11.0	1092.629120	0.999532	<a href="#">VLASYQKTR</a>
10.6	1093.624390	0.004262	<a href="#">TVLVADHLAR</a>
10.1	1093.624359	0.004293	<a href="#">HLNSLGNLAK</a>
9.7	1093.635574	-0.006922	<a href="#">EHLRERAK</a>
8.9	1093.623871	0.004781	<a href="#">EMKISMKK</a>
8.7	1093.624359	0.004293	<a href="#">REIPPGIER</a>
8.4	1091.629837	1.998815	<a href="#">KRSASTISK</a>

8.1	1092.629105	0.999547	<a href="#">KEKHVEPAK</a>
-----	-------------	----------	---------------------------

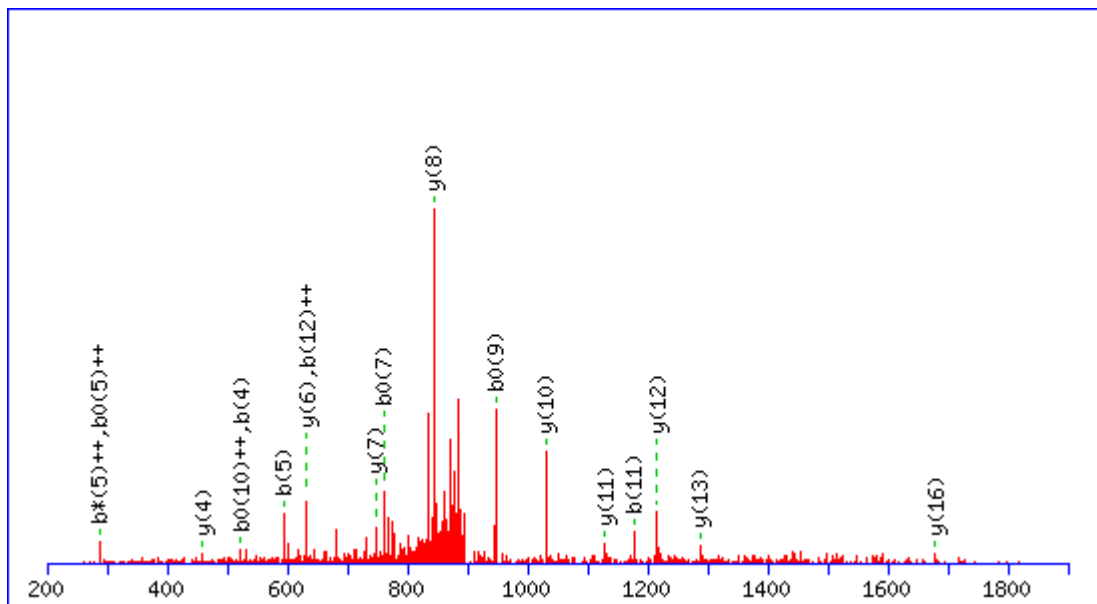
MS/MS Fragmentation of **TDYNASVSPDSSGPER**

Found in **IPI00216049.1**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=HNRNPK Isoform 1 of Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein K

Match to Query 6494: 1808.834458 from(905.424505,2+)

Title: Elution from: 27.31 to 31.25 period: FD070412dMavril04.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 128266.1 FinneganScanNumber: 1792

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril04.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1807.822433

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

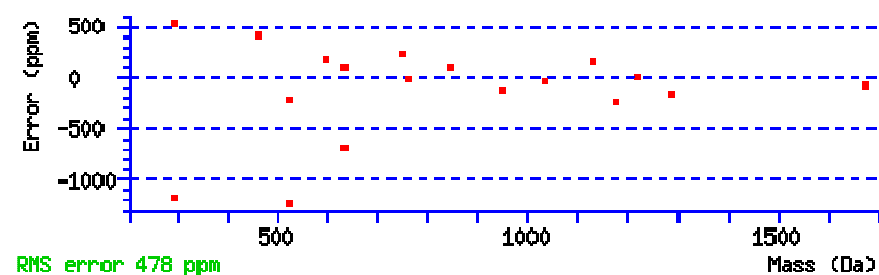
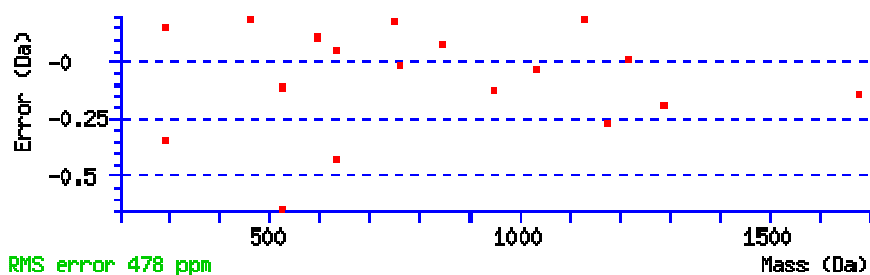
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 48 **Expect:** 0.0026

**Matches (Bold Red):** 18/184 fragment ions using 40 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b*	b <sup>*++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y*	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	130.086251	65.546763			112.075686	56.541481	T							17
2	245.113194	123.060235			227.102629	114.054952	D	1679.750733	840.379005	1662.724184	831.865730	1661.740168	831.373722	16
3	408.176523	204.591900			390.165958	195.586617	Y	1564.723790	782.865533	1547.697241	774.352259	1546.713225	773.860251	15
4	522.219450	261.613363	505.192901	253.100089	504.208885	252.608081	N	1401.660461	701.333869	1384.633912	692.820594	1383.649896	692.328586	14
5	593.256564	297.131920	576.230015	288.618646	575.245999	288.126638	A	1287.617534	644.312405	1270.590985	635.799131	1269.606969	635.307123	13
6	680.288592	340.647934	663.262043	332.134660	662.278027	331.642652	S	1216.580420	608.793848	1199.553871	600.280574	1198.569855	599.788566	12
7	779.357006	390.182141	762.330457	381.668867	761.346441	381.176859	V	1129.548392	565.277834	1112.521843	556.764560	1111.537827	556.272552	11
8	866.389034	433.698155	849.362485	425.184881	848.378469	424.692873	S	1030.479978	515.743627	1013.453429	507.230353	1012.469413	506.738345	10
9	965.457448	483.232362	948.430899	474.719088	947.446883	474.227080	V	943.447950	472.227613	926.421401	463.714339	925.437385	463.222331	9
10	1062.510212	531.758744	1045.483663	523.245470	1044.499647	522.753462	P	844.379536	422.693406	827.352987	414.180132	826.368971	413.688124	8
11	1177.537155	589.272216	1160.510606	580.758941	1159.526590	580.266933	D	747.326772	374.167024	730.300223	365.653750	729.316207	365.161742	7
12	1264.569183	632.788230	1247.542634	624.274955	1246.558618	623.782947	S	632.299829	316.653553	615.273280	308.140278	614.289264	307.648270	6
13	1351.601211	676.304244	1334.574662	667.790969	1333.590646	667.298961	S	545.267801	273.137539	528.241252	264.624264	527.257236	264.132256	5
14	1408.622675	704.814976	1391.596126	696.301701	1390.612110	695.809693	G	458.235773	229.621524	441.209224	221.108250	440.225208	220.616242	4
15	1505.675439	753.341358	1488.648890	744.828083	1487.664874	744.336075	P	401.214309	201.110793	384.187760	192.597518	383.203744	192.105510	3
16	1634.718032	817.862654	1617.691483	809.349380	1616.707467	808.857372	E	304.161545	152.584411	287.134996	144.071136	286.150980	143.579128	2
17							R	175.118952	88.063114	158.092403	79.549839			1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
48.1	1807.822433	1.012025	<a href="#">TDYNASVSVPDSSGPER</a>

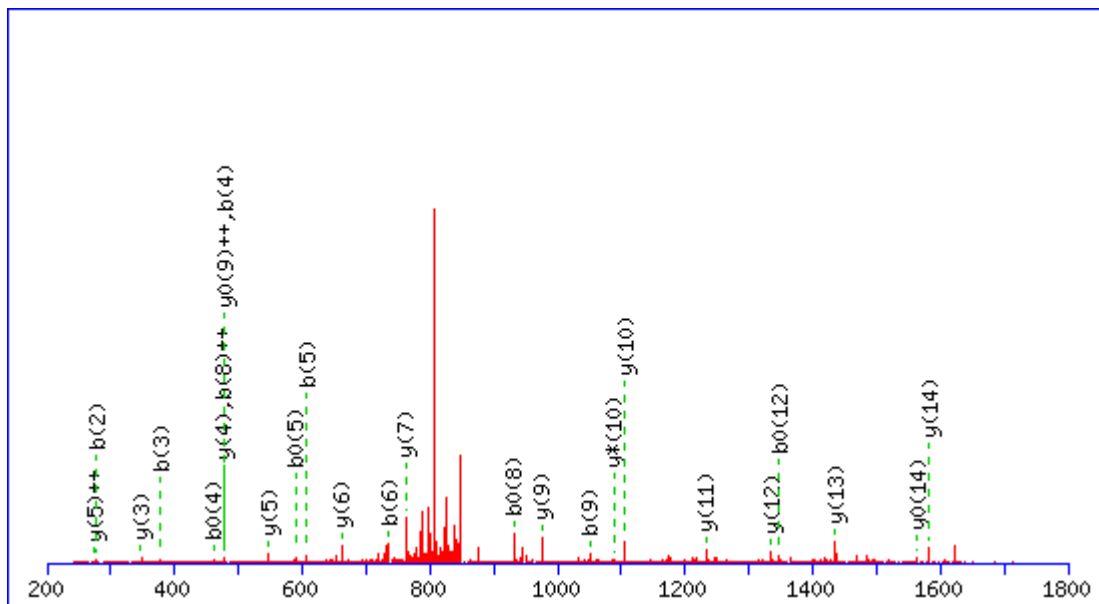
MS/MS Fragmentation of **TFTTQETITNAETAK**

Found in **IPI00027497.5**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=GPI Glucose-6-phosphate isomerase

Match to Query 6140: 1710.874286 from(856.444419,2+)

Title: Elution from: 29.16 to 33.12 period: FD070412dMavril04.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 1010126.3 FinneganScanNumber: 1939

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril04.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1710.867584

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

**Variable modifications:**

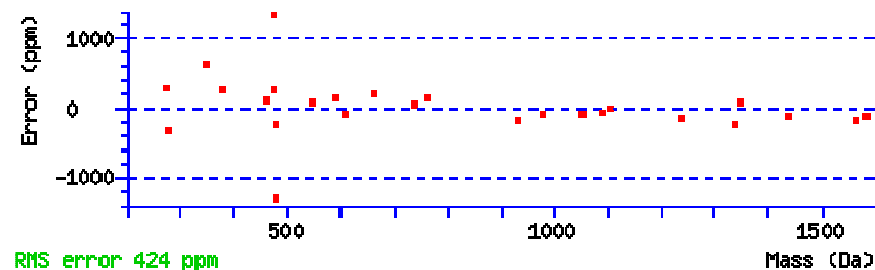
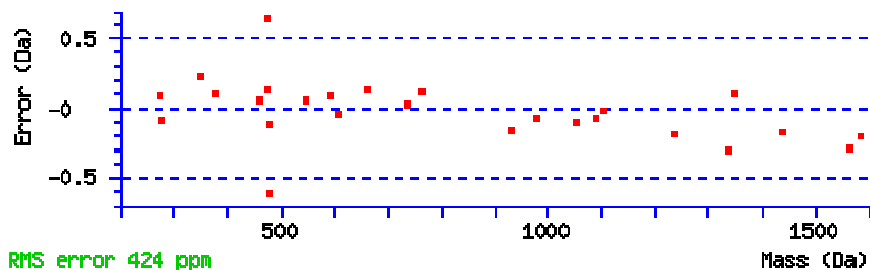
**N-term :** Dimethyl (N-term)

**K15 :** Dimethyl (K)

**Ions Score:** 52 **Expect:** 0.002

**Matches (Bold Red):** 26/156 fragment ions using 57 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b*	b <sup>*++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y*	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	130.086251	65.546763			112.075686	56.541481	T							15
2	<b>277.154665</b>	139.080970			259.144100	130.075688	F	<b>1582.795892</b>	791.901584	1565.769343	783.388310	<b>1564.785327</b>	782.896302	14
3	<b>378.202344</b>	189.604810			360.191779	180.599527	T	<b>1435.727478</b>	718.367377	1418.700929	709.854103	1417.716913	709.362095	13
4	<b>479.250023</b>	240.128649			<b>461.239458</b>	231.123367	T	<b>1334.679799</b>	667.843538	1317.653250	659.330263	1316.669234	658.838255	12
5	<b>607.308601</b>	304.157939	590.282052	295.644664	<b>589.298036</b>	295.152656	Q	<b>1233.632120</b>	617.319698	1216.605571	608.806424	1215.621555	608.314415	11
6	<b>736.351194</b>	368.679235	719.324645	360.165961	718.340629	359.673953	E	<b>1105.573542</b>	553.290409	<b>1088.546993</b>	544.777135	1087.562977	544.285127	10
7	837.398873	419.203075	820.372324	410.689800	819.388308	410.197792	T	<b>976.530949</b>	488.769113	959.504400	480.255838	958.520384	<b>479.763830</b>	9
8	950.482937	<b>475.745107</b>	933.456388	467.231832	<b>932.472372</b>	466.739824	I	875.483270	438.245273	858.456721	429.731999	857.472705	429.239991	8
9	<b>1051.530616</b>	526.268946	1034.504067	517.755672	1033.520051	517.263664	T	<b>762.399206</b>	381.703241	745.372657	373.189967	744.388641	372.697959	7
10	1165.573543	583.290410	1148.546994	574.777135	1147.562978	574.285127	N	<b>661.351527</b>	331.179402	644.324978	322.666127	643.340962	322.174119	6
11	1236.610657	618.808967	1219.584108	610.295692	1218.600092	609.803684	A	<b>547.308600</b>	<b>274.157938</b>	530.282051	265.644664	529.298035	265.152656	5
12	1365.653250	683.330263	1348.626701	674.816989	<b>1347.642685</b>	674.324981	E	<b>476.271486</b>	238.639381	459.244937	230.126106	458.260921	229.634098	4
13	1466.700929	733.854103	1449.674380	725.340828	1448.690364	724.848820	T	<b>347.228893</b>	174.118085	330.202344	165.604810	329.218328	165.112802	3
14	1537.738043	769.372660	1520.711494	760.859385	1519.727478	760.367377	A	246.181214	123.594245	229.154665	115.080971			2
15							K	175.144100	88.075688	158.117551	79.562414			1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
52.3	1710.867584	0.006702	<a href="#">TFTTQETITNAETA</a> K
7.6	1708.873917	2.000369	<a href="#">DLMTKTPKTMATEA</a> K
6.1	1708.873917	2.000369	<a href="#">DLMTKTPKTMATEA</a> K
6.0	1708.873917	2.000369	<a href="#">DLMTKTPKTMATEA</a> K

5.5	1709.854553	1.019733	<a href="#">ELTDKFIQEMESLK</a>
4.9	1709.880402	0.993884	<a href="#">MTLSLADRCSKTQK</a>
4.2	1709.857910	1.016376	<a href="#">ETEMALAKDMALATK</a>
3.8	1710.864410	0.009876	<a href="#">EVS MGLTKSKNQSMK</a>
3.6	1710.876312	-0.002026	<a href="#">MTATTWLKEGPPAHK</a>
3.2	1710.861053	0.013233	<a href="#">ADLSGMSGARDIFISK</a>

---

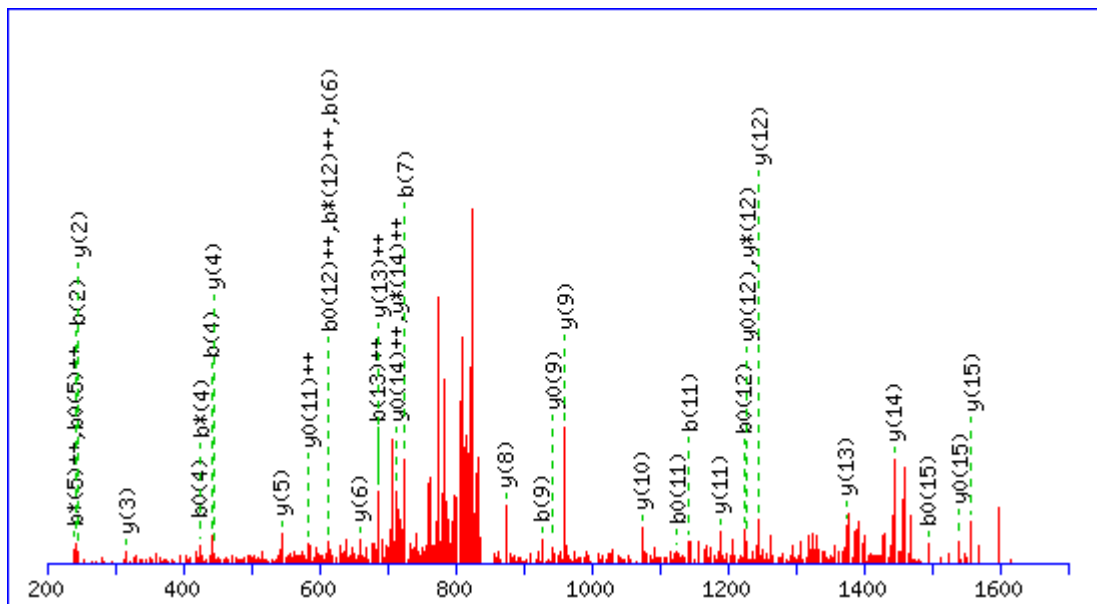
MS/MS Fragmentation of **TIAQG<sub>N</sub>LSNTDVQAAK**

Found in **IPI00305383.1**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=UQCRC2 Cytochrome b-c1 complex subunit 2, mitochondrial

Match to Query 5631: 1685.900712 from(843.957632,2+)

Title: Elution from: 24.46 to 28.36 period: FD070412dMavril05.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 75703.3 FinneganScanNumber: 1515

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril05.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1685.894791

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

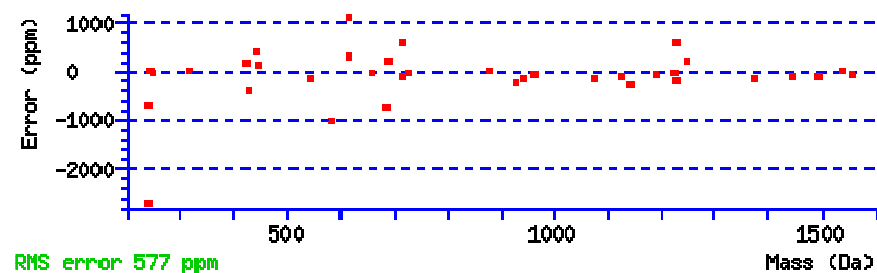
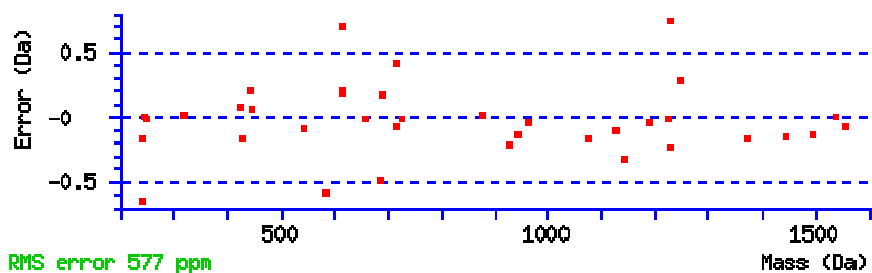
**K16 :** Dimethyl (K)

**Ions Score:** 60 **Expect:** 0.00035

**Matches (Bold Red):** 37/164 fragment ions using 90 most intense peaks



#	b	b <sup>++</sup>	b*	b <sup>*++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y*	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	130.086251	65.546763			112.075686	56.541481	T							16
2	<b>243.170315</b>	122.088795			225.159750	113.083513	I	<b>1557.823108</b>	779.415192	1540.796559	770.901918	<b>1539.812543</b>	770.409910	15
3	314.207429	157.607352			296.196864	148.602070	A	<b>1444.739044</b>	722.873160	1427.712495	<b>714.359886</b>	1426.728479	<b>713.867878</b>	14
4	<b>442.266007</b>	221.636641	<b>425.239458</b>	213.123367	<b>424.255442</b>	212.631359	Q	<b>1373.701930</b>	<b>687.354603</b>	1356.675381	678.841329	1355.691365	678.349320	13
5	499.287471	250.147373	482.260922	<b>241.634099</b>	481.276906	<b>241.142091</b>	G	<b>1245.643352</b>	623.325314	<b>1228.616803</b>	614.812040	<b>1227.632787</b>	614.320032	12
6	<b>613.330398</b>	307.168837	596.303849	298.655563	595.319833	298.163555	N	<b>1188.621888</b>	594.814582	1171.595339	586.301308	1170.611323	<b>585.809300</b>	11
7	<b>726.414462</b>	363.710869	709.387913	355.197595	708.403897	354.705587	L	<b>1074.578961</b>	537.793118	1057.552412	529.279844	1056.568396	528.787836	10
8	813.446490	407.226883	796.419941	398.713609	795.435925	398.221601	S	<b>961.494897</b>	481.251087	944.468348	472.737812	<b>943.484332</b>	472.245804	9
9	<b>927.489417</b>	464.248347	910.462868	455.735072	909.478852	455.243064	N	<b>874.462869</b>	437.735073	857.436320	429.221798	856.452304	428.729790	8
10	1028.537096	514.772186	1011.510547	506.258912	1010.526531	505.766904	T	760.419942	380.713609	743.393393	372.200335	742.409377	371.708327	7
11	<b>1143.564039</b>	572.285658	1126.537490	563.772383	<b>1125.553474</b>	563.280375	D	<b>659.372263</b>	330.189770	642.345714	321.676495	641.361698	321.184487	6
12	1242.632453	621.819865	1225.605904	<b>613.306590</b>	<b>1224.621888</b>	<b>612.814582</b>	V	<b>544.345320</b>	272.676298	527.318771	264.163024			5
13	1370.691031	<b>685.849154</b>	1353.664482	677.335879	1352.680466	676.843871	Q	<b>445.276906</b>	223.142091	428.250357	214.628816			4
14	1441.728145	721.367711	1424.701596	712.854436	1423.717580	712.362428	A	<b>317.218328</b>	159.112802	300.191779	150.599528			3
15	1512.765259	756.886268	1495.738710	748.372993	<b>1494.754694</b>	747.880985	A	<b>246.181214</b>	123.594245	229.154665	115.080971			2
16							K	175.144100	88.075688	158.117551	79.562414			1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
60.4	1685.894791	0.005921	<a href="#">TIAQGNSNTDVQAAK</a>
8.2	1685.910019	-0.009307	<a href="#">ELKATYREHVEAIK</a>
3.1	1684.893036	1.007676	<a href="#">SHGGIDVKVTSMSLAR</a>



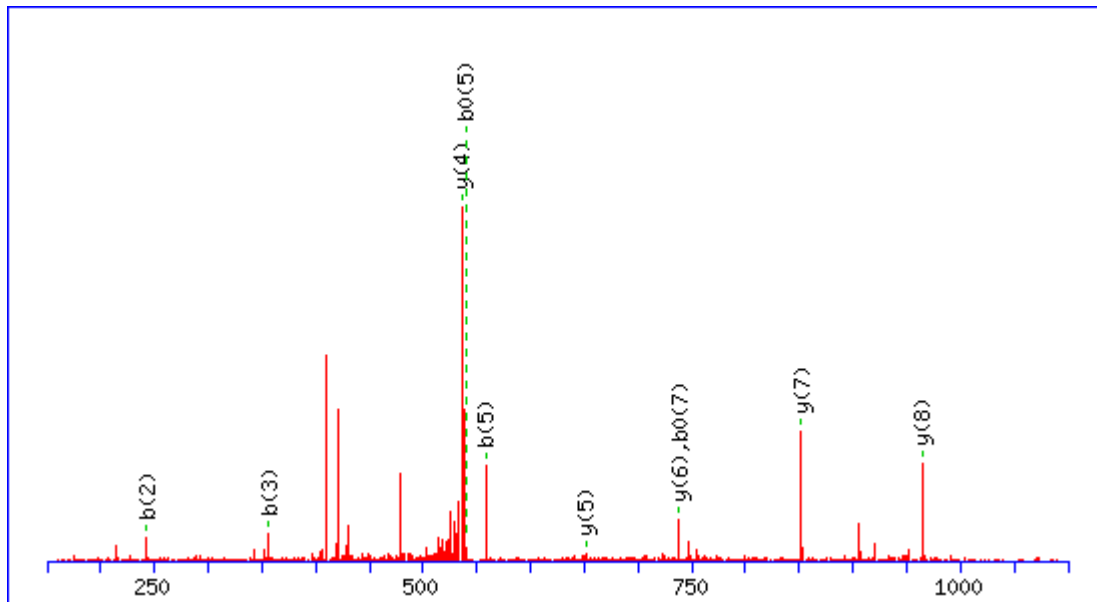
MS/MS Fragmentation of **TLLSDPTYR**

Found in **IPI00013894.1**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=STIP1 Stress-induced-phosphoprotein 1

Match to Query 3882: 1092.582286 from(547.298419,2+)

Title: Elution from: 28.73 to 32.61 period: FD070412dMavril04.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 924370.6 FinneganScanNumber: 1899

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril04.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1092.581512

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

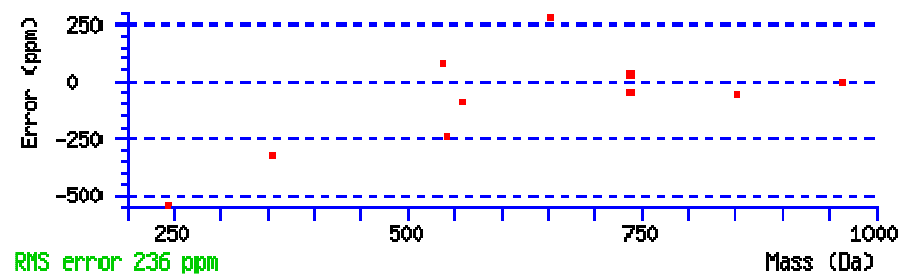
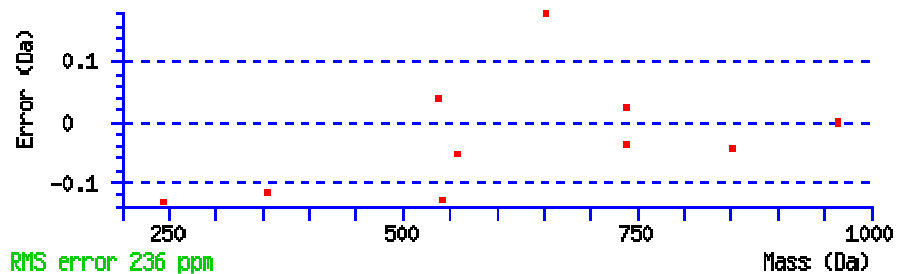
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 36 **Expect:** 0.11

**Matches (Bold Red):** 10/76 fragment ions using 17 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y*	y <sup>+++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	130.086251	65.546763	112.075686	56.541481	T							9
2	<b>243.170315</b>	122.088795	225.159750	113.083513	L	<b>964.509823</b>	482.758550	947.483274	474.245275	946.499258	473.753267	8
3	<b>356.254379</b>	178.630827	338.243814	169.625545	L	<b>851.425759</b>	426.216518	834.399210	417.703243	833.415194	417.211235	7
4	443.286407	222.146841	425.275842	213.141559	S	<b>738.341695</b>	369.674486	721.315146	361.161211	720.331130	360.669203	6
5	<b>558.313350</b>	279.660313	<b>540.302785</b>	270.655031	D	<b>651.309667</b>	326.158472	634.283118	317.645197	633.299102	317.153189	5
6	655.366114	328.186695	637.355549	319.181413	P	<b>536.282724</b>	268.645000	519.256175	260.131726	518.272159	259.639718	4
7	756.413793	378.710535	<b>738.403228</b>	369.705252	T	439.229960	220.118618	422.203411	211.605344	421.219395	211.113336	3
8	919.477122	460.242199	901.466557	451.236917	Y	338.182281	169.594778	321.155732	161.081504			2
9					R	175.118952	88.063114	158.092403	79.549839			1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
35.7	1092.581512	0.000774	<a href="#">TLLSDPTYR</a>
8.8	1092.571609	0.010677	<a href="#">ELFEFRPR</a>
8.3	1092.592728	-0.010442	<a href="#">LTIYREDR</a>
7.6	1092.584854	-0.002568	<a href="#">NKLLSSEMK</a>
7.0	1090.569214	2.013072	<a href="#">ISELLSNCK</a>
5.9	1090.577103	2.005183	<a href="#">VLPDHTEPR</a>
5.7	1092.586212	-0.003926	<a href="#">KEFMQVRR</a>
5.3	1092.592712	-0.010426	<a href="#">KNQNASLYK</a>
5.1	1092.592728	-0.010442	<a href="#">QINSYVKNK</a>
4.9	1090.577087	2.005199	<a href="#">PEVLSHPER</a>

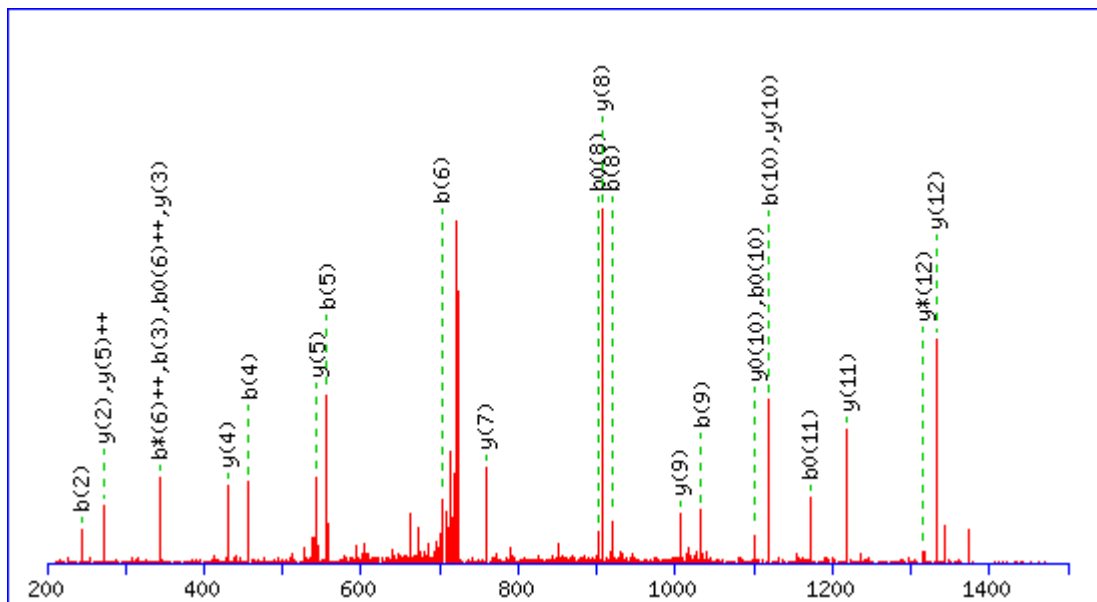
MS/MS Fragmentation of **TNVNVFSELSAPR**

Found in **IPI00022624.1**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=GPRC5A Retinoic acid-induced protein 3

Match to Query 4646: 1460.769096 from(731.391824,2+)

Title: Elution from: 40.98 to 44.84 period: FD070412dMavril07.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 2237538.7 FinneganScanNumber: 3022

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril07.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1460.762329

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

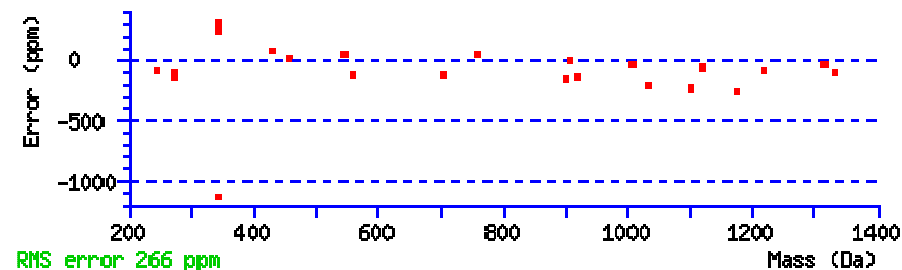
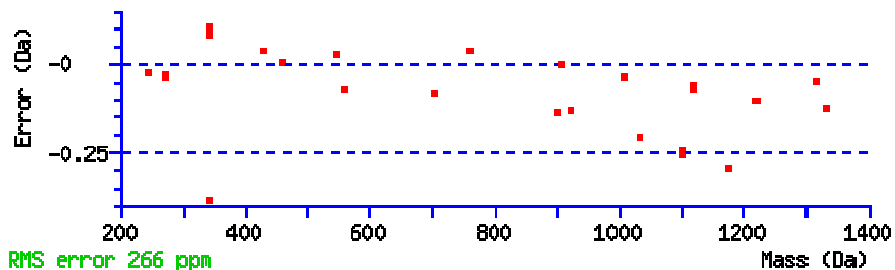
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 72 **Expect:** 2.7e-05

**Matches (Bold Red):** 26/136 fragment ions using 43 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b*	b <sup>*++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y*	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	130.086251	65.546763			112.075686	56.541481	T							13
2	<b>244.129178</b>	122.568227	227.102629	114.054952	226.118613	113.562944	N	<b>1332.690639</b>	666.848957	<b>1315.664090</b>	658.335683	1314.680074	657.843675	12
3	<b>343.197592</b>	172.102434	326.171043	163.589159	325.187027	163.097151	V	<b>1218.647712</b>	609.827494	1201.621163	601.314220	1200.637147	600.822211	11
4	<b>457.240519</b>	229.123897	440.213970	220.610623	439.229954	220.118615	N	<b>1119.579298</b>	560.293287	1102.552749	551.780012	<b>1101.568733</b>	551.288004	10
5	<b>556.308933</b>	278.658105	539.282384	270.144830	538.298368	269.652822	V	<b>1005.536371</b>	503.271823	988.509822	494.758549	987.525806	494.266541	9
6	<b>703.377347</b>	352.192312	686.350798	<b>343.679037</b>	685.366782	<b>343.187029</b>	F	<b>906.467957</b>	453.737617	889.441408	445.224342	888.457392	444.732334	8
7	790.409375	395.708326	773.382826	387.195051	772.398810	386.703043	S	<b>759.399543</b>	380.203410	742.372994	371.690135	741.388978	371.198127	7
8	<b>919.451968</b>	460.229622	902.425419	451.716347	<b>901.441403</b>	451.224339	E	672.367515	336.687396	655.340966	328.174121	654.356950	327.682113	6
9	<b>1032.536032</b>	516.771654	1015.509483	508.258379	1014.525467	507.766371	L	<b>543.324922</b>	<b>272.166099</b>	526.298373	263.652825	525.314357	263.160817	5
10	<b>1119.568060</b>	560.287668	1102.541511	551.774394	<b>1101.557495</b>	551.282386	S	<b>430.240858</b>	215.624067	413.214309	207.110792	412.230293	206.618784	4
11	1190.605174	595.806225	1173.578625	587.292951	<b>1172.594609</b>	586.800943	A	<b>343.208830</b>	172.108053	326.182281	163.594778			3
12	1287.657938	644.332607	1270.631389	635.819333	1269.647373	635.327325	P	<b>272.171716</b>	136.589496	255.145167	128.076221			2
13							R	175.118952	88.063114	158.092403	79.549839			1



All matches to this query

Score	Mr(cal):	Delta	Sequence
72.1	1460.762329	0.006767	<a href="#">TNVNVFSELSAPR</a>
10.2	1460.783478	-0.014382	<a href="#">TQKSGTGATATVSPK</a>
8.3	1460.783478	-0.014382	<a href="#">TQKSGTGATATVSPK</a>
6.8	1460.759155	0.009941	<a href="#">GKENACARCVLK</a>
5.7	1460.759155	0.009941	<a href="#">GKENACARCVLK</a>
5.2	1459.751801	1.017295	<a href="#">KLVESDSDINANK</a>

4.6	1460.765686	0.003410	<a href="#">ARDKDTGEMVALK</a>
4.3	1460.755798	0.013298	<a href="#">KDPAMVLHNSPPR</a>
4.3	1460.776932	-0.007836	<a href="#">STSGGKMKVNGAPR</a>
4.0	1460.765717	0.003379	<a href="#">VGSVLQEGCGKISK</a>

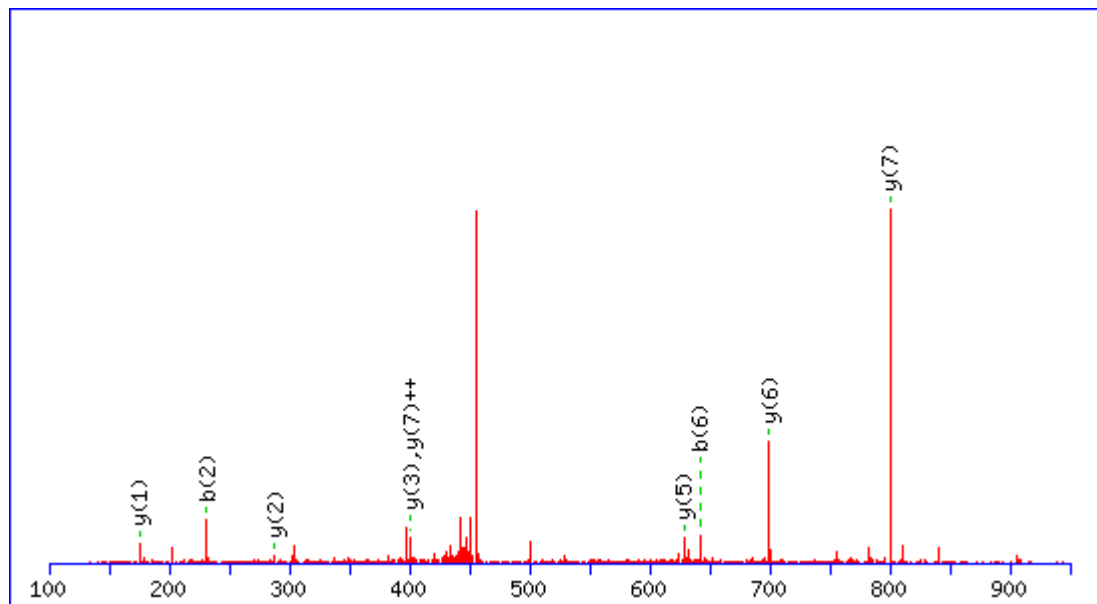
MS/MS Fragmentation of **TTAQVLIR**

Found in **IPI00455023.6**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=tcag7.1260 Putative uncharacterized protein

Match to Query 3005: 928.568252 from(465.291402,2+)

Title: Elution from: 24.92 to 28.86 period: FD070412dMavril07.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 5796078.4 FinneganScanNumber: 1706

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril07.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 928.570557

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

**Variable modifications:**

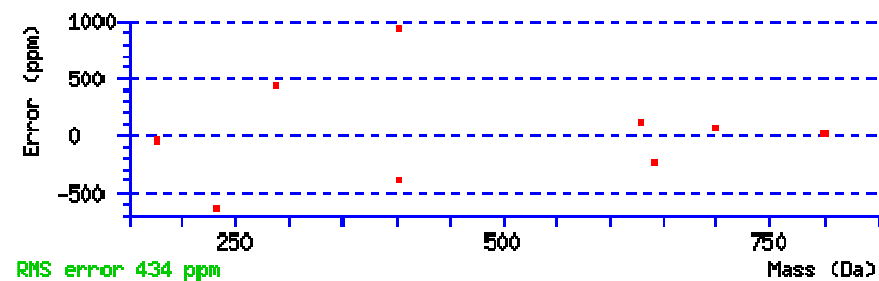
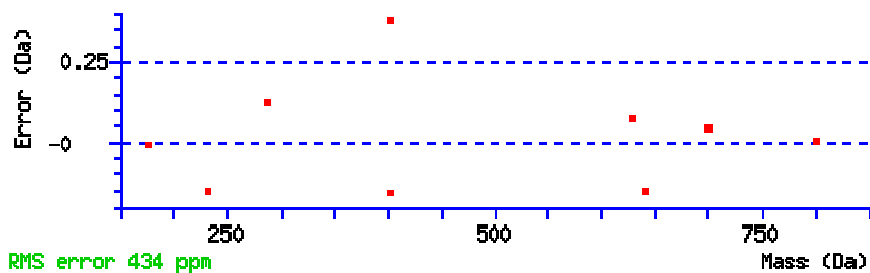
**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 41 **Expect:** 0.03

**Matches (Bold Red):** 9/66 fragment ions using 19 most intense peaks



#	b	b <sup>++</sup>	b <sup>*</sup>	b <sup>*++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y <sup>*</sup>	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	130.086251	65.546763			112.075686	56.541481	T							8
2	<b>231.133930</b>	116.070603			213.123365	107.065320	T	<b>800.498865</b>	<b>400.753071</b>	783.472316	392.239796	782.488300	391.747788	7
3	302.171044	151.589160			284.160479	142.583877	A	<b>699.451186</b>	350.229231	682.424637	341.715957			6
4	430.229622	215.618449	413.203073	207.105175	412.219057	206.613167	Q	<b>628.414072</b>	314.710674	611.387523	306.197400			5
5	529.298036	265.152656	512.271487	256.639382	511.287471	256.147374	V	500.355494	250.681385	483.328945	242.168110			4
6	<b>642.382100</b>	321.694688	625.355551	313.181414	624.371535	312.689406	L	<b>401.287080</b>	201.147178	384.260531	192.633903			3
7	755.466164	378.236720	738.439615	369.723446	737.455599	369.231438	I	<b>288.203016</b>	144.605146	271.176467	136.091871			2
8							R	<b>175.118952</b>	88.063114	158.092403	79.549839			1



#### All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
40.8	928.570557	-0.002305	<a href="#">TTAQVLIR</a>
32.6	928.559311	0.008941	<a href="#">ETVAQLLK</a>
25.7	926.554886	2.013366	<a href="#">SPDAKILR</a>
22.3	926.554886	2.013366	<a href="#">VTAPKAER</a>
19.1	928.570526	-0.002274	<a href="#">ERDKLLK</a>
17.4	928.559280	0.008972	<a href="#">EEKNLLK</a>
17.4	928.559280	0.008972	<a href="#">EENKLLK</a>
17.4	928.559280	0.008972	<a href="#">EKAEALLK</a>
17.4	928.559296	0.008956	<a href="#">EKQDLIK</a>
17.4	928.559280	0.008972	<a href="#">ENEKLIK</a>

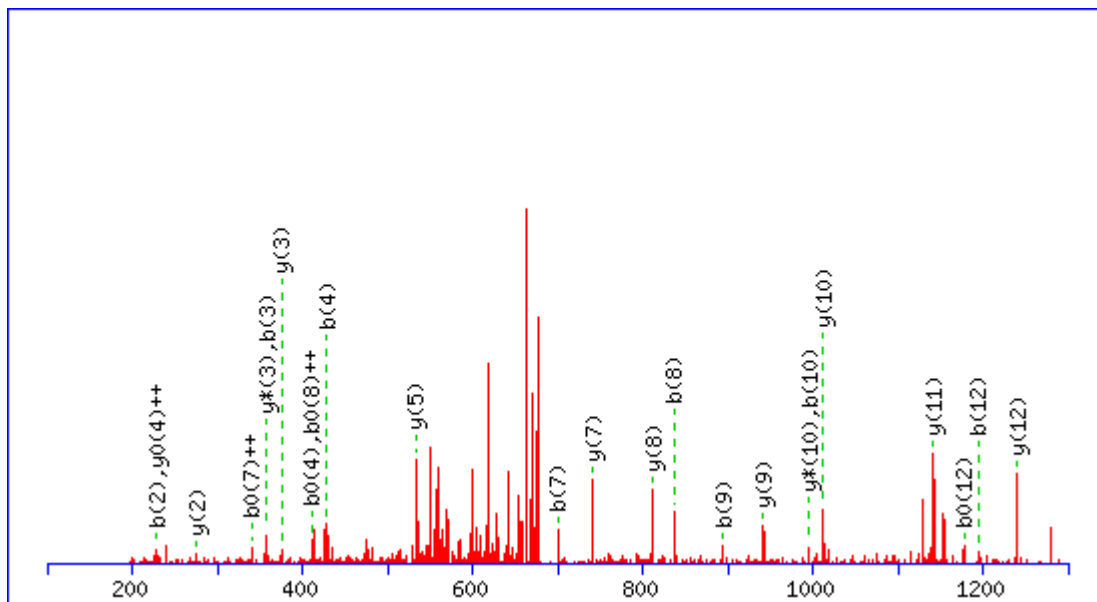
MS/MS Fragmentation of **TVEAEAAHGTVTR**

Found in **IPI00027223.2**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=IDH1 Isocitrate dehydrogenase [NADP] cytoplasmic

Match to Query 4442: 1370.705448 from(686.360000,2+)

Title: Elution from: 14.75 to 18.72 period: FD070412dMavril05.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 0.0 FinneganScanNumber: 848

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril05.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1368.699738

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

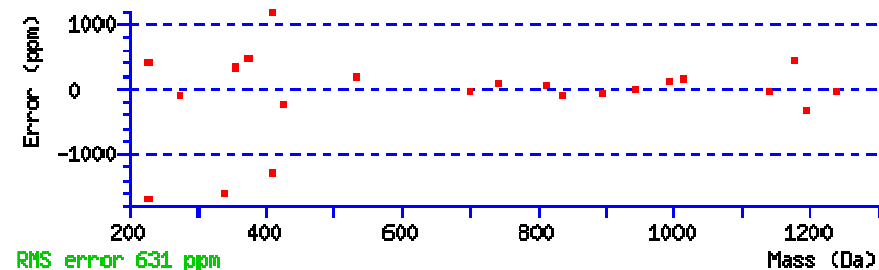
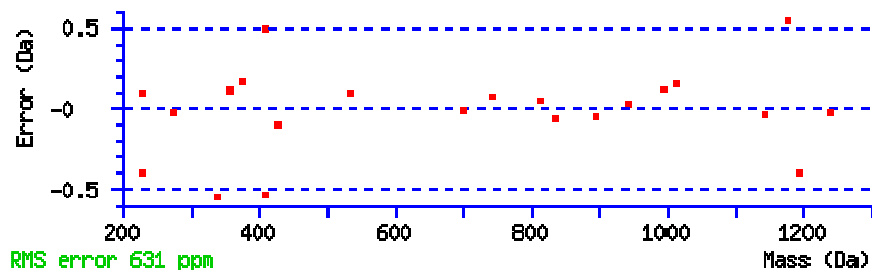
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 59 **Expect:** 0.00042

**Matches (Bold Red):** 24/118 fragment ions using 47 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y*	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	130.086251	65.546763	112.075686	56.541481	T							13
2	<b>229.154665</b>	115.080970	211.144100	106.075688	V	<b>1240.628042</b>	620.817659	1223.601493	612.304385	1222.617477	611.812377	12
3	<b>358.197258</b>	179.602267	340.186693	170.596984	E	<b>1141.559628</b>	571.283452	1124.533079	562.770178	1123.549063	562.278169	11
4	<b>429.234372</b>	215.120824	<b>411.223807</b>	206.115541	A	<b>1012.517035</b>	506.762156	<b>995.490486</b>	498.248881	994.506470	497.756873	10
5	558.276965	279.642121	540.266400	270.636838	E	<b>941.479921</b>	471.243599	924.453372	462.730324	923.469356	462.238316	9
6	629.314079	315.160678	611.303514	306.155395	A	<b>812.437328</b>	406.722302	795.410779	398.209028	794.426763	397.717020	8
7	<b>700.351193</b>	350.679235	682.340628	<b>341.673952</b>	A	<b>741.400214</b>	371.203745	724.373665	362.690471	723.389649	362.198463	7
8	<b>837.410105</b>	419.208690	819.399540	<b>410.203408</b>	H	670.363100	335.685188	653.336551	327.171914	652.352535	326.679906	6
9	<b>894.431569</b>	447.719423	876.421004	438.714140	G	<b>533.304188</b>	267.155732	516.277639	258.642458	515.293623	258.150450	5
10	<b>995.479248</b>	498.243262	977.468683	489.237979	T	476.282724	238.645000	459.256175	230.131726	458.272159	<b>229.639718</b>	4
11	1094.547662	547.777469	1076.537097	538.772187	V	<b>375.235045</b>	188.121161	<b>358.208496</b>	179.607886	357.224480	179.115878	3
12	<b>1195.595341</b>	598.301309	<b>1177.584776</b>	589.296026	T	<b>276.166631</b>	138.586953	259.140082	130.073679	258.156066	129.581671	2
13					R	175.118952	88.063114	158.092403	79.549839			1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
58.6	1368.699738	2.005710	<a href="#">TVEAEAAHGTVTR</a>
5.1	1369.702377	1.003071	<a href="#">DLMANLTLPPGGR</a>
4.8	1369.694992	1.010456	<a href="#">SVGSVGDSPREPR</a>
3.9	1368.707169	1.998279	<a href="#">QTVMTVVYGVTR</a>
2.5	1368.693176	2.012272	<a href="#">AEKCPHKSNR</a>
2.0	1370.697617	0.007831	<a href="#">KSVAHNMTPNK</a>

2.0	1370.697617	0.007831	<a href="#">KSVAHNMTPNK</a>
1.5	1368.699753	2.005695	<a href="#">QPGVGVGLADTEAR</a>
1.3	1368.699707	2.005741	<a href="#">EAEGAPQVEAGKR</a>
0.4	1370.712860	-0.007412	<a href="#">RSSWYRLMTK</a>

---

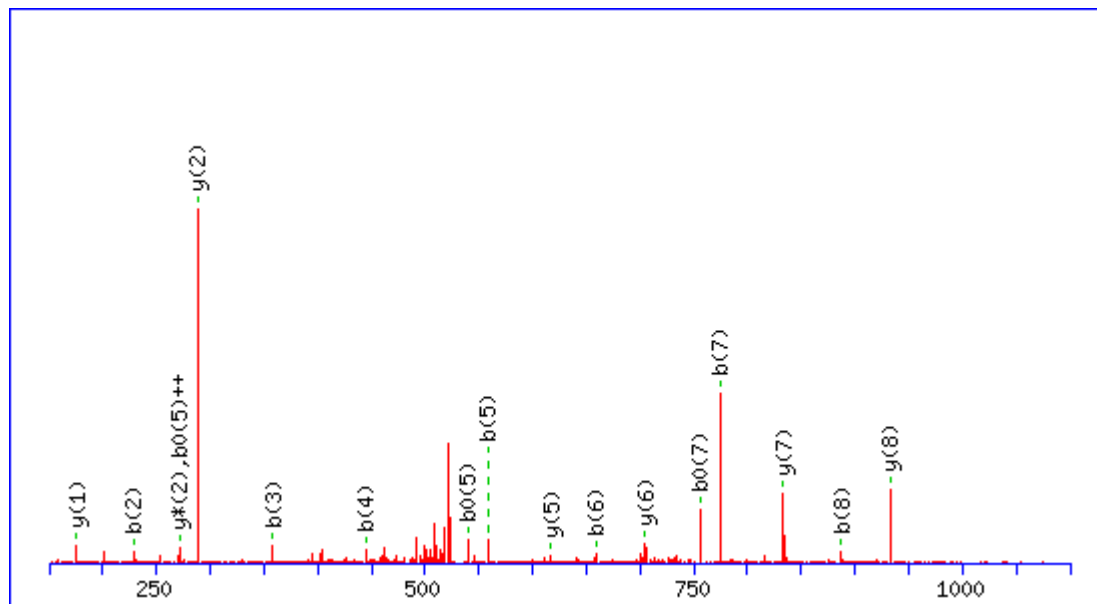
MS/MS Fragmentation of **TVESITDIR**

Found in **IPI00556655.1**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=LAMP1 LAMP1 protein variant (Fragment)

Match to Query 4343: 1060.578416 from(531.296484,2+)

Title: Elution from: 28.97 to 32.90 period: FD070412dMavril02.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 2102721.4 FinneganScanNumber: 1937

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril02.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1060.576431

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

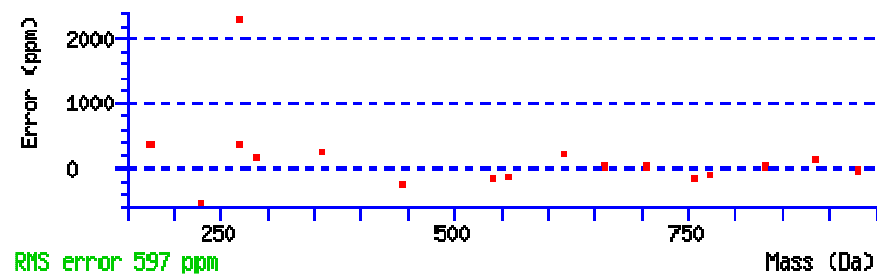
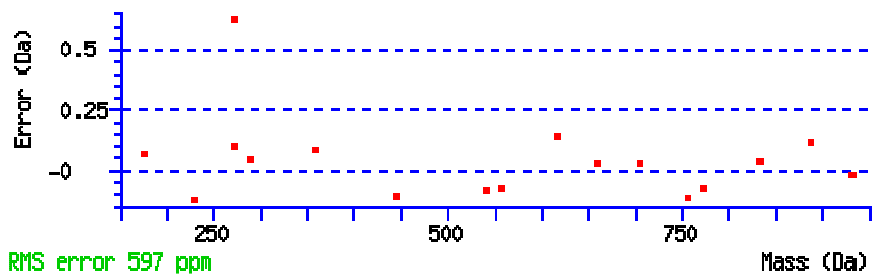
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 48 **Expect:** 0.0062

**Matches (Bold Red):** 17/76 fragment ions using 34 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y <sup>*</sup>	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	130.086251	65.546763	112.075686	56.541481	T							9
2	<b>229.154665</b>	115.080970	211.144100	106.075688	V	<b>932.504737</b>	466.756007	915.478188	458.242732	914.494172	457.750724	8
3	<b>358.197258</b>	179.602267	340.186693	170.596984	E	<b>833.436323</b>	417.221800	816.409774	408.708525	815.425758	408.216517	7
4	<b>445.229286</b>	223.118281	427.218721	214.112998	S	<b>704.393730</b>	352.700503	687.367181	344.187229	686.383165	343.695221	6
5	<b>558.313350</b>	279.660313	<b>540.302785</b>	<b>270.655031</b>	I	<b>617.361702</b>	309.184489	600.335153	300.671215	599.351137	300.179207	5
6	<b>659.361029</b>	330.184153	641.350464	321.178870	T	504.277638	252.642457	487.251089	244.129182	486.267073	243.637174	4
7	<b>774.387972</b>	387.697624	<b>756.377407</b>	378.692341	D	403.229959	202.118617	386.203410	193.605343	385.219394	193.113335	3
8	<b>887.472036</b>	444.239656	869.461471	435.234374	I	<b>288.203016</b>	144.605146	<b>271.176467</b>	136.091871			2
9					R	<b>175.118952</b>	88.063114	158.092403	79.549839			1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
48.4	1060.576431	0.001985	<a href="#">TVESITDIR</a>
22.7	1060.569870	0.008546	<a href="#">EMKNDRIK</a>
22.3	1060.576385	0.002031	<a href="#">EASDKEKAK</a>
18.6	1060.583771	-0.005355	<a href="#">EAEEKMLK</a>
16.7	1060.577744	0.000672	<a href="#">QAEFNRLR</a>
15.9	1060.576385	0.002031	<a href="#">EASDKEKAK</a>
15.5	1060.569885	0.008531	<a href="#">LEDMRILR</a>
15.5	1060.576416	0.002000	<a href="#">NKDTDISIK</a>
15.1	1060.576401	0.002015	<a href="#">EASDKEKVK</a>
15.0	1058.571991	2.006425	<a href="#">XDEAVNKIR</a>

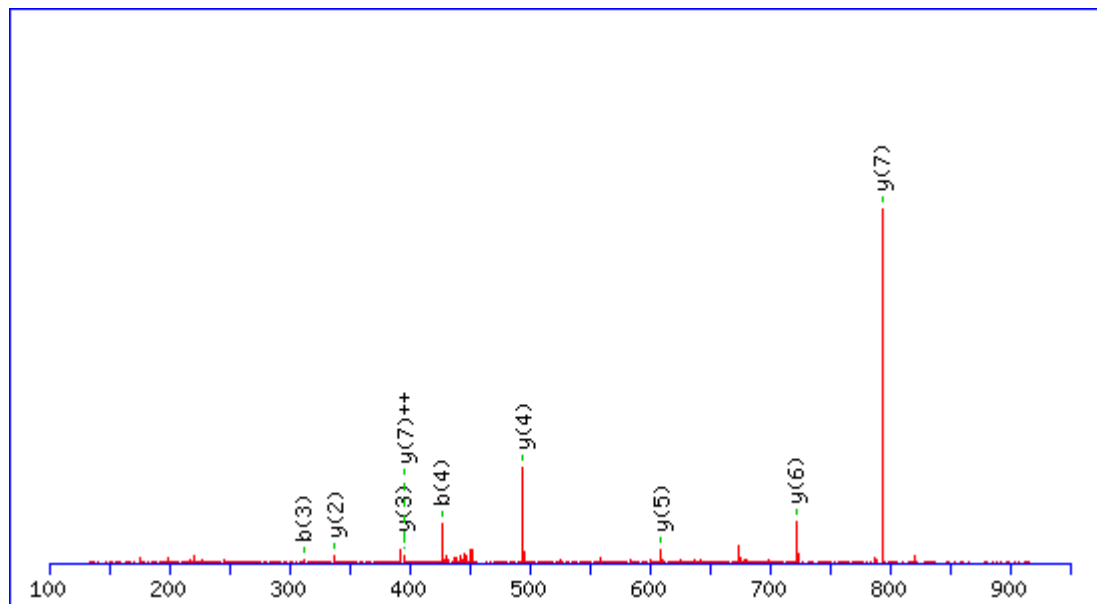
MS/MS Fragmentation of **VAIDVGYR**

Found in **IPI00413641.7**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=AKR1B1 Aldose reductase

Match to Query 2939: 919.510624 from(460.762588,2+)

Title: Elution from: 29.10 to 33.04 period: FD070412dMavril07.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 6231069.7 FinneganScanNumber: 2055

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril07.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 919.512711

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

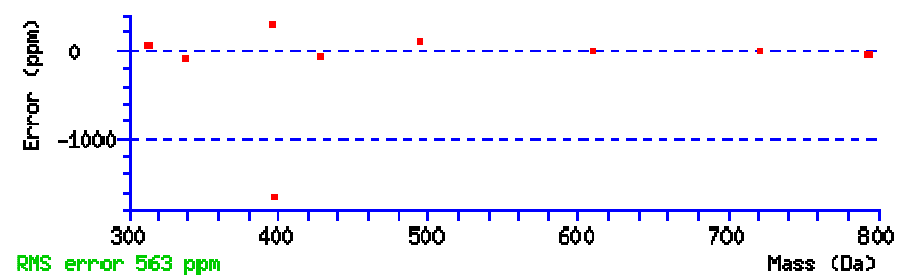
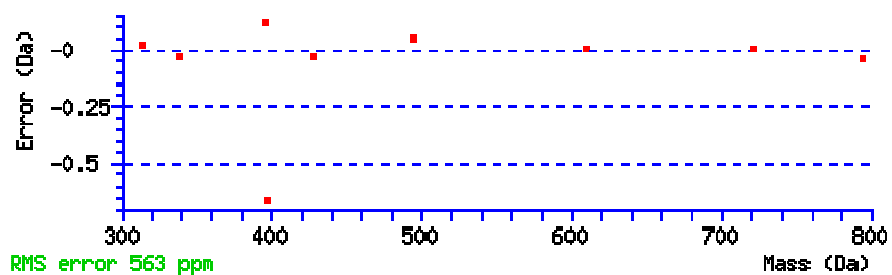
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 31 **Expect:** 0.29

**Matches (Bold Red):** 9/56 fragment ions using 17 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y*	y <sup>+++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	128.106986	64.557131			V							8
2	199.144100	100.075688			A	793.420280	397.213778	776.393731	388.700504	775.409715	388.208496	7
3	312.228164	156.617720			I	722.383166	361.695221	705.356617	353.181947	704.372601	352.689939	6
4	427.255107	214.131191	409.244542	205.125909	D	609.299102	305.153189	592.272553	296.639915	591.288537	296.147907	5
5	526.323521	263.665399	508.312956	254.660116	V	494.272159	247.639717	477.245610	239.126443			4
6	583.344985	292.176131	565.334420	283.170848	G	395.203745	198.105510	378.177196	189.592236			3
7	746.408314	373.707795	728.397749	364.702513	Y	338.182281	169.594778	321.155732	161.081504			2
8					R	175.118952	88.063114	158.092403	79.549839			1



#### All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
31.3	919.512711	-0.002087	<a href="#">VAIDVGYR</a>
16.9	919.512726	-0.002102	<a href="#">VVDLVGYR</a>
8.8	917.497055	2.013569	<a href="#">APEVTFAR</a>
7.7	919.504822	0.005802	<a href="#">VASEALMK</a>
7.2	917.508286	2.002338	<a href="#">PSLPSPHR</a>
5.9	919.516083	-0.005459	<a href="#">VTVMASLR</a>
5.5	919.516068	-0.005444	<a href="#">VSEMKVR</a>
5.3	919.504822	0.005802	<a href="#">AVIEMSSK</a>
5.1	918.499680	1.010944	<a href="#">MIHSYIK</a>
4.1	917.512314	1.998310	<a href="#">PIWYVGR</a>



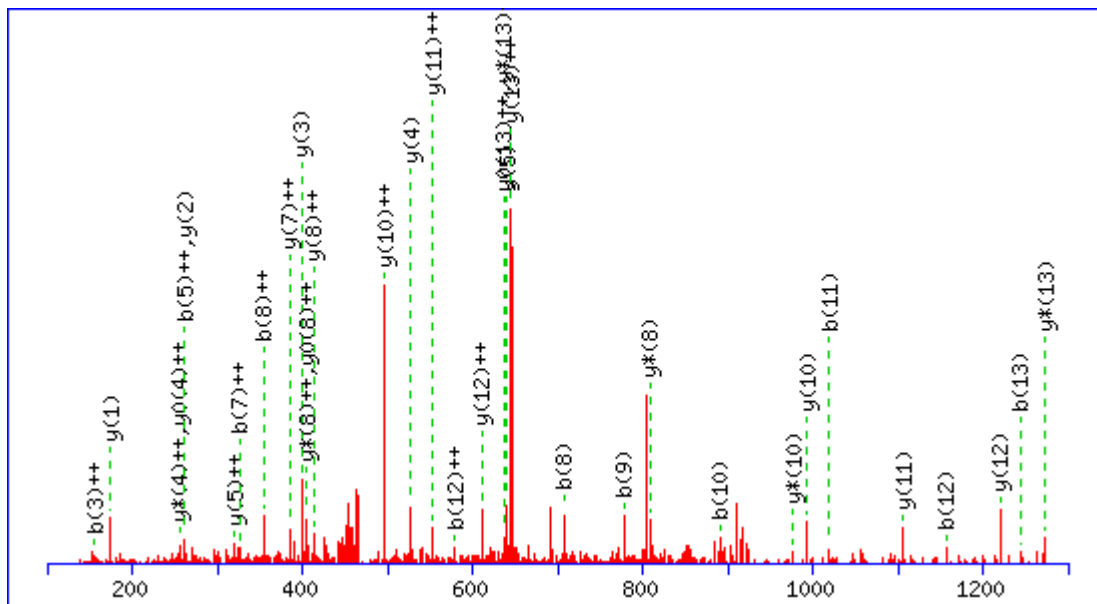
MS/MS Fragmentation of **VALLPAGGALQHSR**

Found in **IPI00464978.1**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=IRS2 Insulin receptor substrate 2 insertion mutant (Fragment)

Match to Query 5531: 1416.821163 from(473.280997,3+)

Title: Elution from: 31.10 to 35.04 period: FD070412dMavril02.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 964637.8 FinneganScanNumber: 2108

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril02.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1416.820114

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

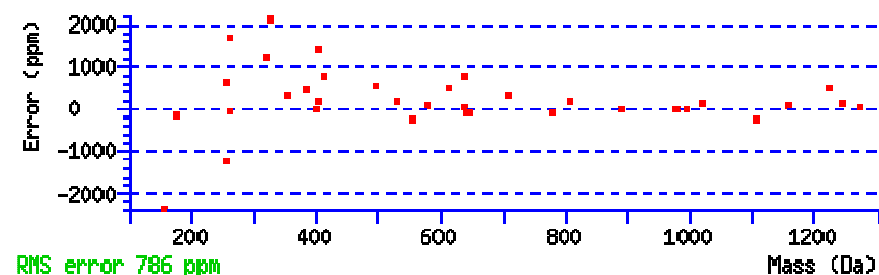
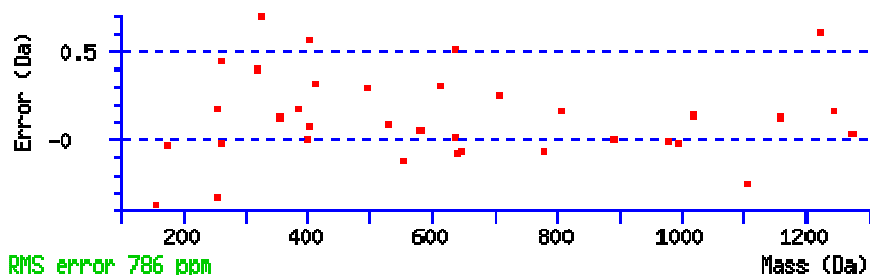
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 50 **Expect:** 0.0033

**Matches (Bold Red):** 35/110 fragment ions using 66 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b*	b <sup>*++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y*	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	128.106986	64.557131					V							14
2	199.144100	100.075688					A	1290.727696	645.867486	1273.701147	637.354212	1272.717131	636.862204	13
3	312.228164	156.617720					L	1219.690582	610.348929	1202.664033	601.835655	1201.680017	601.343647	12
4	425.312228	213.159752					L	1106.606518	553.806897	1089.579969	545.293623	1088.595953	544.801615	11
5	522.364992	261.686134					P	993.522454	497.264865	976.495905	488.751591	975.511889	488.259583	10
6	593.402106	297.204691					A	896.469690	448.738483	879.443141	440.225209	878.459125	439.733201	9
7	650.423570	325.715423					G	825.432576	413.219926	808.406027	404.706652	807.422011	404.214644	8
8	707.445034	354.226155					G	768.411112	384.709194	751.384563	376.195920	750.400547	375.703912	7
9	778.482148	389.744712					A	711.389648	356.198462	694.363099	347.685188	693.379083	347.193180	6
10	891.566212	446.286744					L	640.352534	320.679905	623.325985	312.166631	622.341969	311.674623	5
11	1019.624790	510.316033	1002.598241	501.802759			Q	527.268470	264.137873	510.241921	255.624599	509.257905	255.132591	4
12	1156.683702	578.845489	1139.657153	570.332215			H	399.209892	200.108584	382.183343	191.595310	381.199327	191.103302	3
13	1243.715730	622.361503	1226.689181	613.848229	1225.705165	613.356221	S	262.150980	131.579128	245.124431	123.065854	244.140415	122.573846	2
14							R	175.118952	88.063114	158.092403	79.549839			1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
49.6	1416.820114	0.001049	<a href="#">VALLPAGGALQHSR</a>
21.9	1414.814346	2.006817	<a href="#">PALLSSTLSSGKAR</a>
21.4	1416.808868	0.012295	<a href="#">GILISQGKEAAFR</a>
13.3	1415.813614	1.007549	<a href="#">PDALGLNTRLKY</a>
9.6	1415.813599	1.007564	<a href="#">PEGIELQYRKK</a>

9.3	1415.810944	1.010219	<a href="#">KD VIRHAAVHSR</a>
9.3	1415.810944	1.010219	<a href="#">KD VIRHAAVHSR</a>
7.7	1416.808884	0.012279	<a href="#">LGPTTFRLSIER</a>
7.3	1416.820129	0.001034	<a href="#">RSGLLLHGPPGTGK</a>
7.1	1416.834015	-0.012852	<a href="#">QKIVOLEGYQK</a>

---

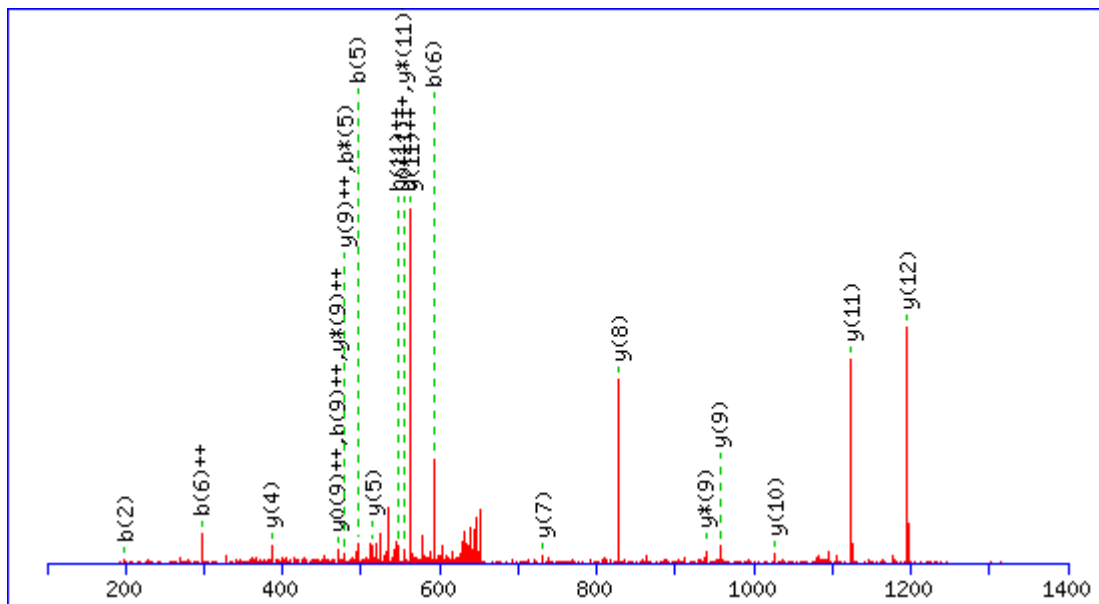
MS/MS Fragmentation of **VAPAQPSEEGPGR**

Found in **IPI00012079.3**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=EIF4B cDNA FLJ54492, highly similar to Eukaryotic translation initiation factor 4B

Match to Query 4984: 1321.662432 from(661.838492,2+)

Title: Elution from: 16.55 to 20.49 period: FD070412dMavril03.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 329981.0 FinneganScanNumber: 994

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril03.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1321.662613

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

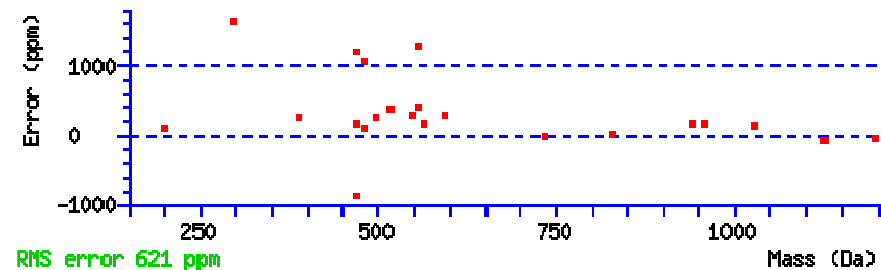
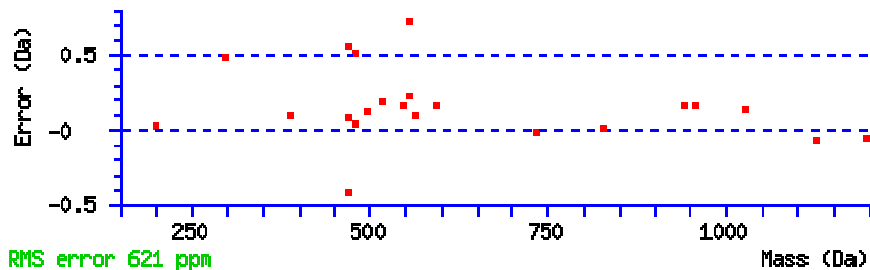
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 49 **Expect:** 0.0048

**Matches (Bold Red):** 22/116 fragment ions using 40 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b*	b <sup>+++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y*	y <sup>+++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	128.106986	64.557131					V							13
2	<b>199.144100</b>	100.075688					A	<b>1195.570192</b>	598.288734	1178.543643	589.775460	1177.559627	589.283451	12
3	296.196864	148.602070					P	<b>1124.533078</b>	<b>562.770177</b>	1107.506529	<b>554.256903</b>	1106.522513	<b>553.764894</b>	11
4	367.233978	184.120627					A	<b>1027.480314</b>	514.243795	1010.453765	505.730521	1009.469749	505.238513	10
5	<b>495.292556</b>	248.149916	<b>478.266007</b>	239.636641			Q	<b>956.443200</b>	<b>478.725238</b>	<b>939.416651</b>	<b>470.211964</b>	938.432635	<b>469.719956</b>	9
6	<b>592.345320</b>	<b>296.676298</b>	575.318771	288.163024			P	<b>828.384622</b>	414.695949	811.358073	406.182675	810.374057	405.690667	8
7	679.377348	340.192312	662.350799	331.679037	661.366783	331.187029	S	<b>731.331858</b>	366.169567	714.305309	357.656293	713.321293	357.164285	7
8	808.419941	404.713609	791.393392	396.200334	790.409376	395.708326	E	644.299830	322.653553	627.273281	314.140279	626.289265	313.648271	6
9	937.462534	<b>469.234905</b>	920.435985	460.721631	919.451969	460.229623	E	<b>515.257237</b>	258.132257	498.230688	249.618982	497.246672	249.126974	5
10	994.483998	497.745637	977.457449	489.232363	976.473433	488.740355	G	<b>386.214644</b>	193.610960	369.188095	185.097685			4
11	1091.536762	<b>546.272019</b>	1074.510213	537.758745	1073.526197	537.266737	P	329.193180	165.100228	312.166631	156.586953			3
12	1148.558226	574.782751	1131.531677	566.269477	1130.547661	565.777469	G	232.140416	116.573846	215.113867	108.060571			2
13							R	175.118952	88.063114	158.092403	79.549839			1



All matches to this query

Score	Mr(cal):	Delta	Sequence
48.5	1321.662613	-0.000181	<a href="#">VAPAQPSEEGPGR</a>
14.7	1319.647827	2.014605	<a href="#">MHKGECGKAFK</a>
12.6	1319.647827	2.014605	<a href="#">MHKGECGKAFK</a>
2.4	1319.654358	2.008074	<a href="#">PDATCASPAKFK</a>
2.3	1319.666260	1.996172	<a href="#">PGFYNPFTFXR</a>
2.2	1321.669998	-0.007566	<a href="#">TPEGNIKLYCK</a>

1.4	1321.654724	0.007708	<a href="#">VAEEIEKMSSR</a>
1.4	1321.669983	-0.007551	<a href="#">MWNDLSEKKK</a>
1.4	1321.669983	-0.007551	<a href="#">MWNDLSEKKK</a>
1.2	1319.647827	2.014605	<a href="#">MHKGECGKAFK</a>

---

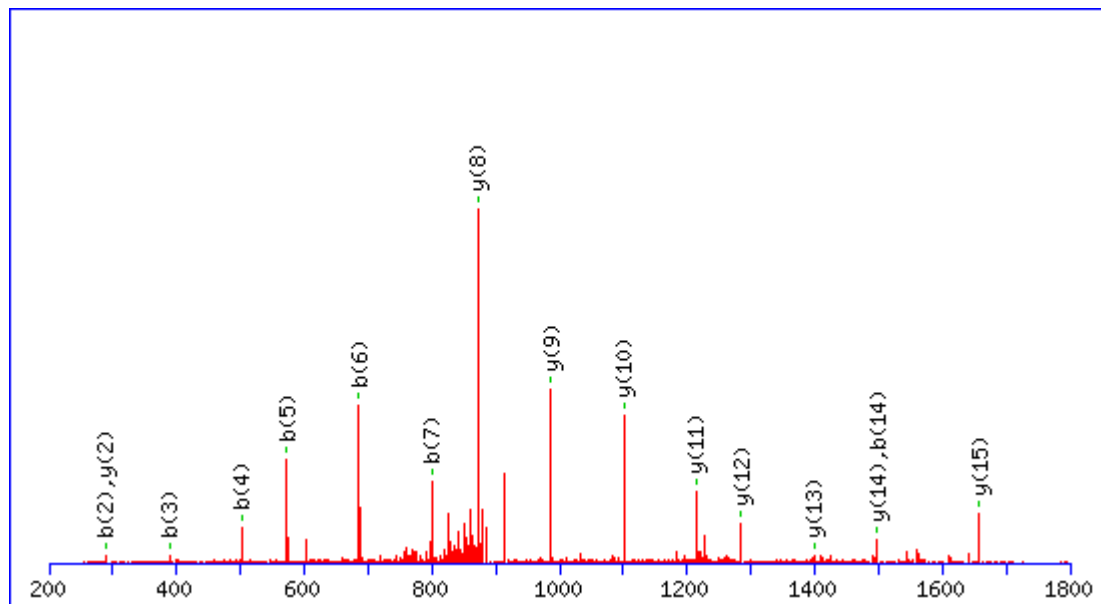
MS/MS Fragmentation of **VCTLAIDPGDSDIIR**

Found in **IPI00219156.7**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=RPL30 60S ribosomal protein L30

Match to Query 6199: 1784.917872 from(893.466212,2+)

Title: Elution from: 45.69 to 49.55 period: FD070412dMavril06.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 498767.5 FinneganScanNumber: 3158

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril06.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1784.934235

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

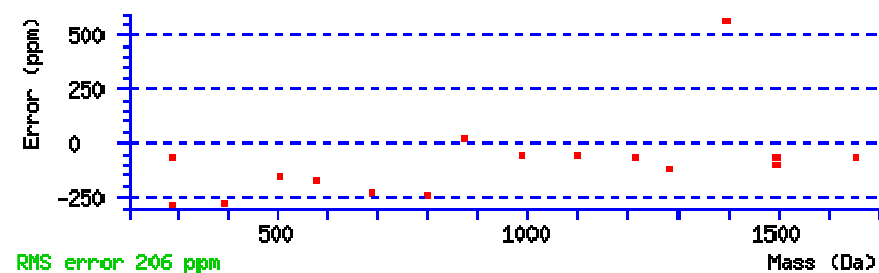
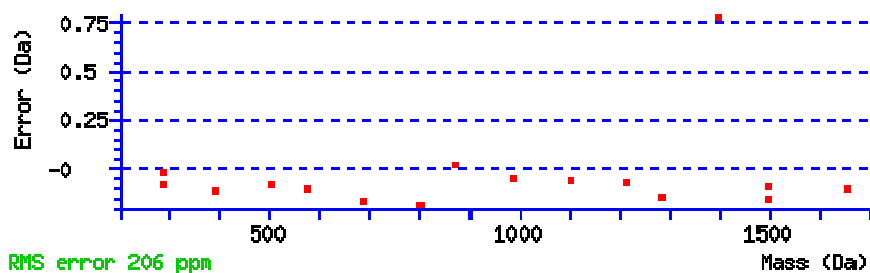
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 85 **Expect:** 1.1e-06

**Matches (Bold Red):** 16/140 fragment ions using 15 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y <sup>*</sup>	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	128.106986	64.557131			V							16
2	<b>288.137635</b>	144.572455			C	<b>1658.841799</b>	829.924538	1641.815250	821.411263	1640.831234	820.919255	15
3	<b>389.185314</b>	195.096295	371.174749	186.091013	T	<b>1498.811150</b>	749.909213	1481.784601	741.395939	1480.800585	740.903931	14
4	<b>502.269378</b>	251.638327	484.258813	242.633045	L	<b>1397.763471</b>	699.385374	1380.736922	690.872099	1379.752906	690.380091	13
5	<b>573.306492</b>	287.156884	555.295927	278.151602	A	<b>1284.679407</b>	642.843342	1267.652858	634.330067	1266.668842	633.838059	12
6	<b>686.390556</b>	343.698916	668.379991	334.693634	I	<b>1213.642293</b>	607.324785	1196.615744	598.811510	1195.631728	598.319502	11
7	<b>799.474620</b>	400.240948	781.464055	391.235666	I	<b>1100.558229</b>	550.782753	1083.531680	542.269478	1082.547664	541.777470	10
8	914.501563	457.754420	896.490998	448.749137	D	<b>987.474165</b>	494.240721	970.447616	485.727446	969.463600	485.235438	9
9	1011.554327	506.280802	993.543762	497.275519	P	<b>872.447222</b>	436.727249	855.420673	428.213975	854.436657	427.721967	8
10	1068.575791	534.791534	1050.565226	525.786251	G	775.394458	388.200867	758.367909	379.687593	757.383893	379.195585	7
11	1183.602734	592.305005	1165.592169	583.299723	D	718.372994	359.690135	701.346445	351.176861	700.362429	350.684853	6
12	1270.634762	635.821019	1252.624197	626.815737	S	603.346051	302.176664	586.319502	293.663389	585.335486	293.171381	5
13	1385.661705	693.334491	1367.651140	684.329208	D	516.314023	258.660649	499.287474	250.147375	498.303458	249.655367	4
14	<b>1498.745769</b>	749.876523	1480.735204	740.871240	I	401.287080	201.147178	384.260531	192.633903			3
15	1611.829833	806.418555	1593.819268	797.413272	I	<b>288.203016</b>	144.605146	271.176467	136.091871			2
16					R	175.118952	88.063114	158.092403	79.549839			1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
85.3	1784.934235	-0.016363	<a href="#">VCTLAIDPGDSDIIR</a>
6.0	1784.928345	-0.010473	<a href="#">LGFKVNYHYMSQVK</a>
4.7	1783.921661	0.996211	<a href="#">SAPAASERPLWDTSLR</a>



3.9	1783.911133	1.006739	<a href="#">NTCPGDRSALRPSGLR</a>
3.6	1784.920929	-0.003057	<a href="#">WWEQEIKINGNIQK</a>
2.6	1784.913071	0.004801	<a href="#">FKLEDYMDGLAIRSK</a>
2.5	1784.926819	-0.008947	<a href="#">DGSPLDDKDERITIR</a>
2.1	1783.902603	1.015269	<a href="#">VEGDMQVPDLDIKGPK</a>
2.1	1783.902603	1.015269	<a href="#">VEGDMQVPDLDIKGPK</a>
1.9	1783.929047	0.988825	<a href="#">EEIRYYGCIQGGKK</a>

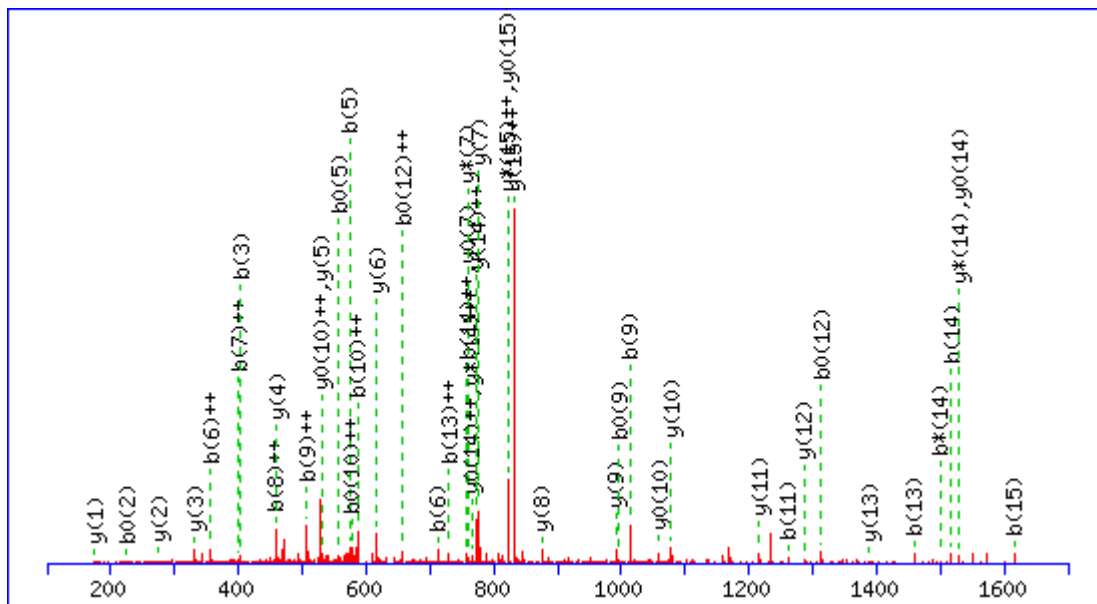
MS/MS Fragmentation of **VDCTAHSDVCSAQGVR**

Found in **IPI00171438.2**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=TXNDC5 Thioredoxin domain-containing protein 5

Match to Query 5945: 1788.791913 from(597.271247,3+)

Title: Elution from: 17.44 to 21.32 period: FD070412dMavril05.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 427919.8 FinneganScanNumber: 1009

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril05.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1788.788345

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

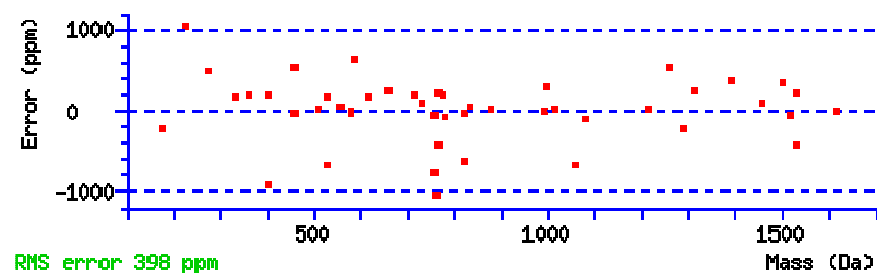
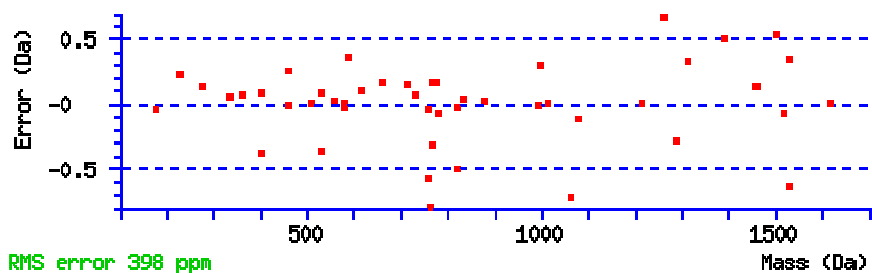
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 59 **Expect:** 9.3e-05

**Matches (Bold Red):** 47/144 fragment ions using 117 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b*	b <sup>*++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y*	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	128.106986	64.557131					V							16
2	243.133929	122.070602			225.123364	113.065320	D	1662.695881	831.851578	1645.669332	823.338304	1644.685316	822.846296	15
3	403.164578	202.085927			385.154013	193.080645	C	1547.668938	774.338107	1530.642389	765.824833	1529.658373	765.332825	14
4	504.212257	252.609767			486.201692	243.604484	T	1387.638289	694.322783	1370.611740	685.809508	1369.627724	685.317500	13
5	575.249371	288.128324			557.238806	279.123041	A	1286.590610	643.798943	1269.564061	635.285669	1268.580045	634.793660	12
6	712.308283	356.657780			694.297718	347.652497	H	1215.553496	608.280386	1198.526947	599.767111	1197.542931	599.275103	11
7	799.340311	400.173794			781.329746	391.168511	S	1078.494584	539.750930	1061.468035	531.237655	1060.484019	530.745647	10
8	914.367254	457.687265			896.356689	448.681983	D	991.462556	496.234916	974.436007	487.721641	973.451991	487.229633	9
9	1013.435668	507.221472			995.425103	498.216189	V	876.435613	438.721445	859.409064	430.208170	858.425048	429.716162	8
10	1173.466317	587.236797			1155.455752	578.231514	C	777.367199	389.187238	760.340650	380.673963	759.356634	380.181955	7
11	1260.498345	630.752811			1242.487780	621.747528	S	617.336550	309.171913	600.310001	300.658638	599.325985	300.166630	6
12	1331.535459	666.271368			1313.524894	657.266085	A	530.304522	265.655899	513.277973	257.142624			5
13	1459.594037	730.300657	1442.567488	721.787382	1441.583472	721.295374	Q	459.267408	230.137342	442.240859	221.624067			4
14	1516.615501	758.811389	1499.588952	750.298114	1498.604936	749.806106	G	331.208830	166.108053	314.182281	157.594778			3
15	1615.683915	808.345596	1598.657366	799.832321	1597.673350	799.340313	V	274.187366	137.597321	257.160817	129.084046			2
16							R	175.118952	88.063114	158.092403	79.549839			1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
59.1	1788.788345	0.003568	<a href="#">VDCTAHSQVCSAQGVR</a>
9.9	1788.803070	-0.011157	<a href="#">KSQLMCQOMYMGEK</a>
3.0	1788.791473	0.000440	<a href="#">VNDDVGVGIDWTNENDR</a>

2.4	1788.806076	-0.014163	<a href="#">CQAGSAHSSTEVTVEAR</a>
2.2	1788.796387	-0.004474	<a href="#">FPGLISGCTMDWFSR</a>
2.1	1788.802231	-0.010318	<a href="#">SFLDTMLQEMAASGTR</a>
0.9	1788.803558	-0.011645	<a href="#">RETATCLAWCHDNK</a>
0.5	1786.790421	2.001492	<a href="#">NITAEDCSHSQDAGVR</a>

---

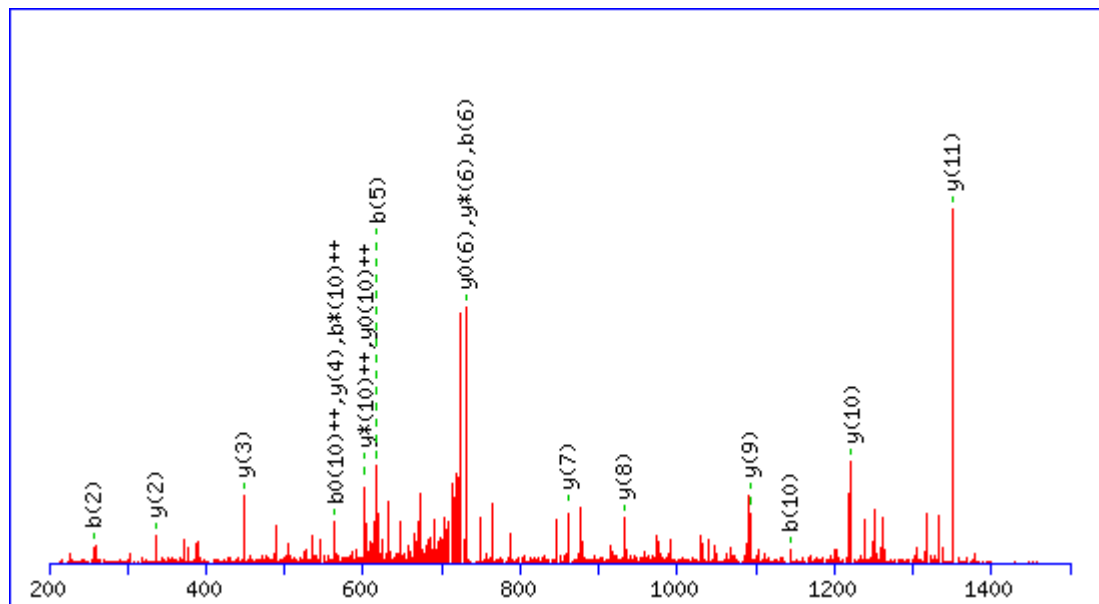
MS/MS Fragmentation of **VEECALGQDLCR**

Found in **IPI00010676.1**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=PLAUR Isoform 1 of Urokinase plasminogen activator surface receptor

Match to Query 5107: 1476.678352 from(739.346452,2+)

Title: Elution from: 29.09 to 33.05 period: FD070412dMavril04.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 287603.5 FinneganScanNumber: 1934

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril04.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1476.670090

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

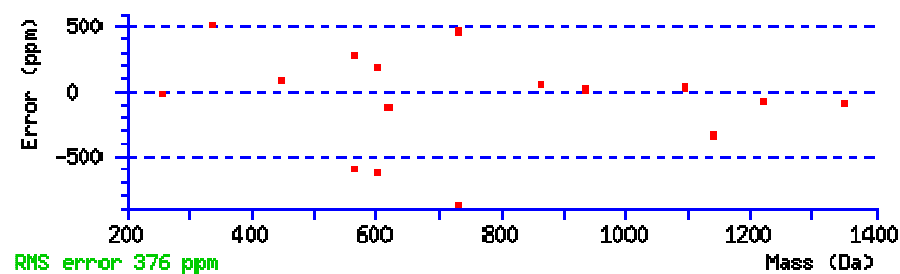
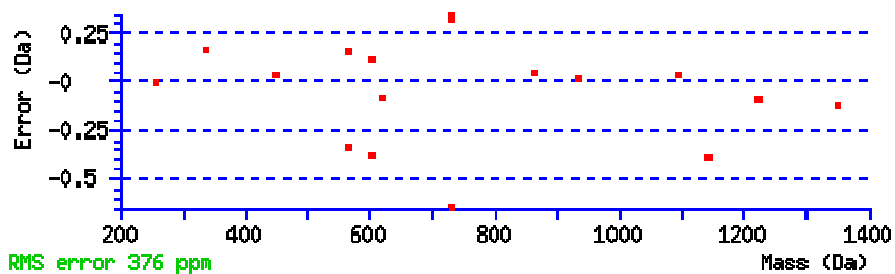
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 45 **Expect:** 0.0038

**Matches (Bold Red):** 18/110 fragment ions using 46 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b*	b <sup>*++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y*	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	128.106986	64.557131					V							12
2	<b>257.149579</b>	129.078428			239.139014	120.073145	E	<b>1350.577663</b>	675.792470	1333.551114	667.279195	1332.567098	666.787187	11
3	386.192172	193.599724			368.181607	184.594442	E	<b>1221.535070</b>	611.271173	1204.508521	<b>602.757899</b>	1203.524505	<b>602.265891</b>	10
4	546.222821	273.615049			528.212256	264.609766	C	<b>1092.492477</b>	546.749877	1075.465928	538.236602	1074.481912	537.744594	9
5	<b>617.259935</b>	309.133606			599.249370	300.128323	A	<b>932.461828</b>	466.734552	915.435279	458.221278	914.451263	457.729270	8
6	<b>730.343999</b>	365.675638			712.333434	356.670355	L	<b>861.424714</b>	431.215995	844.398165	422.702721	843.414149	422.210713	7
7	787.365463	394.186370			769.354898	385.181087	G	748.340650	374.673963	<b>731.314101</b>	366.160689	<b>730.330085</b>	365.668681	6
8	915.424041	458.215659	898.397492	449.702384	897.413476	449.210376	Q	691.319186	346.163231	674.292637	337.649957	673.308621	337.157949	5
9	1030.450984	515.729130	1013.424435	507.215856	1012.440419	506.723848	D	<b>563.260608</b>	282.133942	546.234059	273.620668	545.250043	273.128660	4
10	<b>1143.535048</b>	572.271162	1126.508499	<b>563.757888</b>	1125.524483	<b>563.265880</b>	L	<b>448.233665</b>	224.620470	431.207116	216.107196			3
11	1303.565697	652.286487	1286.539148	643.773212	1285.555132	643.281204	C	<b>335.149601</b>	168.078438	318.123052	159.565164			2
12							R	175.118952	88.063114	158.092403	79.549839			1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
45.1	1476.670090	0.008262	<a href="#">VEECALGQDLCR</a>
6.6	1476.676590	0.001762	<a href="#">LDQSMEEENQDLK</a>
5.2	1475.668320	1.010032	<a href="#">GEKPCTACPLCR</a>
3.5	1476.684479	-0.006127	<a href="#">DPYQQDLGIGESR</a>
1.9	1475.660934	1.017418	<a href="#">VQNTCKDNPCGR</a>
0.5	1475.668320	1.010032	<a href="#">GEKPCTACPLCR</a>

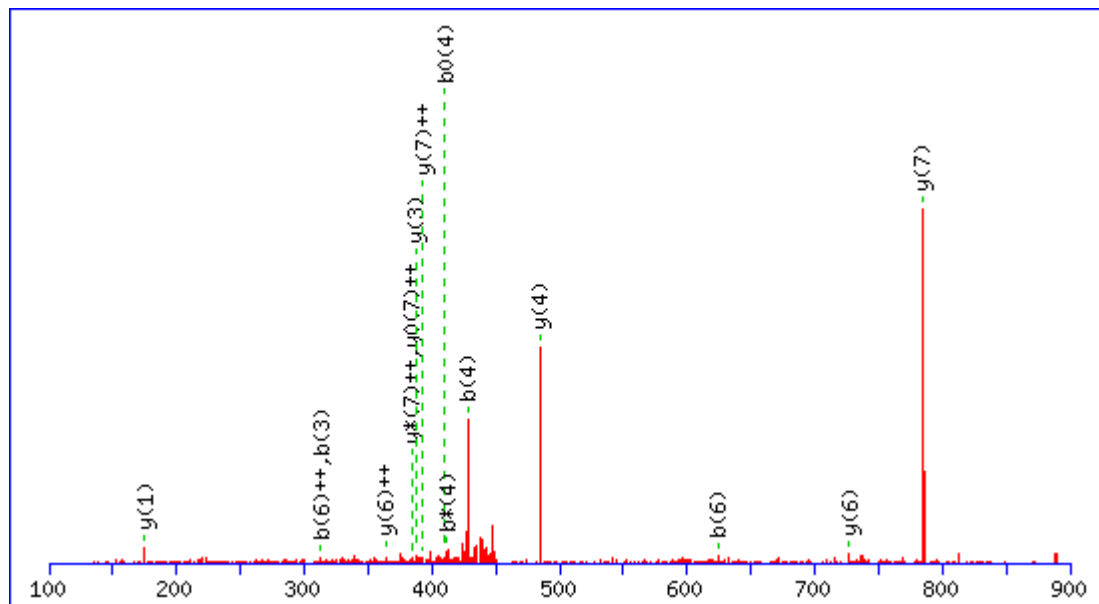
MS/MS Fragmentation of **VGQDPVLR**

Found in **IPI00029744.1**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=SSBP1 Single-stranded DNA-binding protein, mitochondrial

Match to Query 3061: 911.530662 from(456.772607,2+)

Title: Elution from: 20.83 to 24.82 period: FD070412dMavril06.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 372941.7 FinneganScanNumber: 1254

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril06.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 910.523621

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

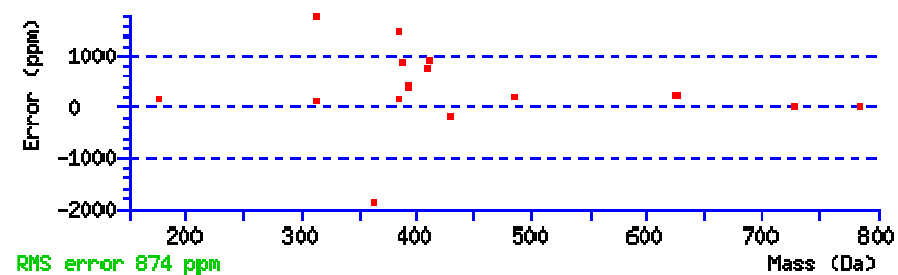
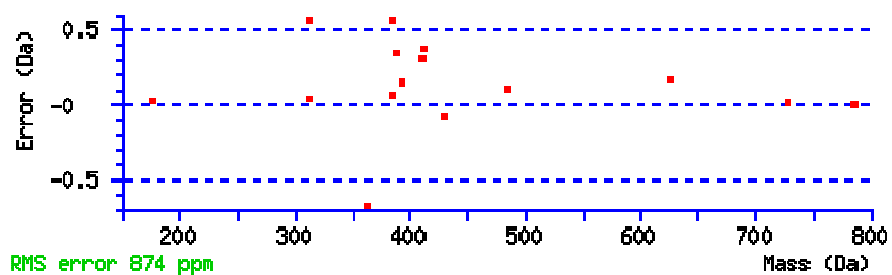
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 41 **Expect:** 0.013

**Matches (Bold Red):** 15/66 fragment ions using 27 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b <sup>*</sup>	b <sup>*++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y <sup>*</sup>	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	128.106986	64.557131					V							8
2	185.128450	93.067863					G	784.431179	392.719228	767.404630	384.205953	766.420614	383.713945	7
3	313.187028	157.097152	296.160479	148.583877			Q	727.409715	364.208496	710.383166	355.695221	709.399150	355.203213	6
4	428.213971	214.610624	411.187422	206.097349	410.203406	205.605341	D	599.351137	300.179207	582.324588	291.665932	581.340572	291.173924	5
5	525.266735	263.137006	508.240186	254.623731	507.256170	254.131723	P	484.324194	242.665735	467.297645	234.152460			4
6	624.335149	312.671213	607.308600	304.157938	606.324584	303.665930	V	387.271430	194.139353	370.244881	185.626078			3
7	737.419213	369.213245	720.392664	360.699970	719.408648	360.207962	L	288.203016	144.605146	271.176467	136.091871			2
8							R	175.118952	88.063114	158.092403	79.549839			1



#### All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
41.4	910.523621	1.007041	<a href="#">VGQDPVLR</a>
24.9	910.534805	0.995857	<a href="#">AAAANGPKR</a>
16.4	911.530075	0.000587	<a href="#">KPQLDRR</a>
16.4	911.530075	0.000587	<a href="#">KQPLDRR</a>
13.6	910.530991	0.999671	<a href="#">VPMAAAVPK</a>
13.4	911.526245	0.004417	<a href="#">AGVCPKPK</a>
13.1	910.523590	1.007072	<a href="#">PSEAVPRK</a>
12.9	909.525665	2.004997	<a href="#">SGPRGRPR</a>
12.1	911.530060	0.000602	<a href="#">AGAREPRK</a>
10.7	911.530090	0.000572	<a href="#">KGGORPGGK</a>



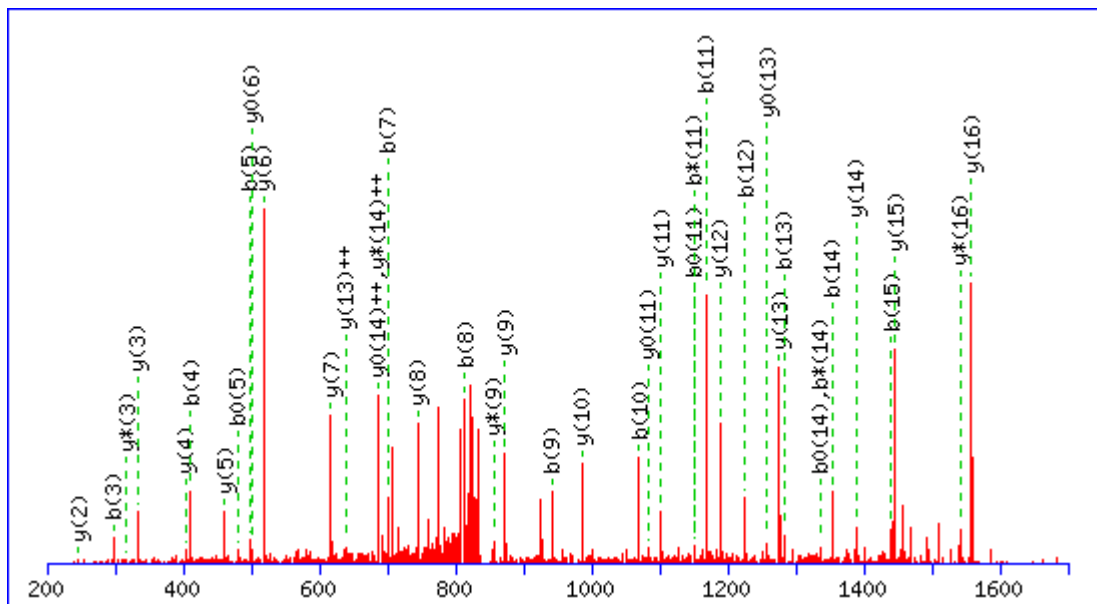
MS/MS Fragmentation of **VIGLSSDLQQVGGASAR**

Found in **IPI00654777.2**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=EIF3F HCG1784554, isoform CRA\_a

Match to Query 5628: 1684.919212 from(843.466882,2+)

Title: Elution from: 35.70 to 39.53 period: FD070412dMavril05.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 596644.4 FinneganScanNumber: 2397

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril05.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1684.910797

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

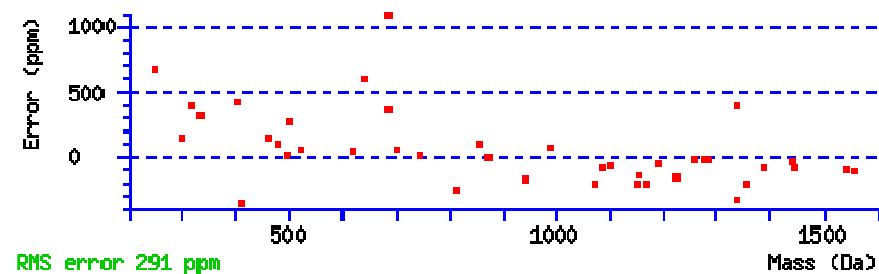
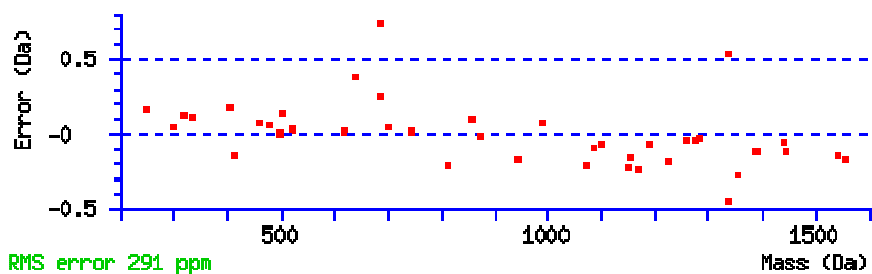
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 101 **Expect:** 3.1e-08

**Matches (Bold Red):** 41/164 fragment ions using 86 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b*	b <sup>*++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y*	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	128.106986	64.557131					V							17
2	241.191050	121.099163					I	1558.818361	779.912818	1541.791812	771.399544	1540.807796	770.907536	16
3	298.212514	149.609895					G	1445.734297	723.370787	1428.707748	714.857512	1427.723732	714.365504	15
4	411.296578	206.151927					L	1388.712833	694.860054	1371.686284	686.346780	1370.702268	685.854772	14
5	498.328606	249.667941			480.318041	240.662658	S	1275.628769	638.318022	1258.602220	629.804748	1257.618204	629.312740	13
6	585.360634	293.183955			567.350069	284.178673	S	1188.596741	594.802009	1171.570192	586.288734	1170.586176	585.796726	12
7	700.387577	350.697427			682.377012	341.692144	D	1101.564713	551.285995	1084.538164	542.772720	1083.554148	542.280712	11
8	813.471641	407.239459			795.461076	398.234176	L	986.537770	493.772523	969.511221	485.259249	968.527205	484.767241	10
9	941.530219	471.268748	924.503670	462.755473	923.519654	462.263465	Q	873.453706	437.230491	856.427157	428.717217	855.443141	428.225209	9
10	1069.588797	535.298037	1052.562248	526.784762	1051.578232	526.292754	Q	745.395128	373.201202	728.368579	364.687928	727.384563	364.195920	8
11	1168.657211	584.832244	1151.630662	576.318969	1150.646646	575.826961	V	617.336550	309.171913	600.310001	300.658638	599.325985	300.166630	7
12	1225.678675	613.342976	1208.652126	604.829701	1207.668110	604.337693	G	518.268136	259.637706	501.241587	251.124431	500.257571	250.632423	6
13	1282.700139	641.853708	1265.673590	633.340433	1264.689574	632.848425	G	461.246672	231.126974	444.220123	222.613699	443.236107	222.121691	5
14	1353.737253	677.372265	1336.710704	668.858990	1335.726688	668.366982	A	404.225208	202.616242	387.198659	194.102967	386.214643	193.610959	4
15	1440.769281	720.888279	1423.742732	712.375004	1422.758716	711.882996	S	333.188094	167.097685	316.161545	158.584410	315.177529	158.092402	3
16	1511.806395	756.406836	1494.779846	747.893561	1493.795830	747.401553	A	246.156066	123.581671	229.129517	115.068396			2
17							R	175.118952	88.063114	158.092403	79.549839			1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
101.0	1684.910797	0.008415	<a href="#">VIGLSSDLQOVGGASAR</a>
5.4	1684.929367	-0.010155	<a href="#">LLNEMAIKERVEGR</a>

5.0	1682.916443	2.002769	<a href="#">LLEPADMVLLSVPDK</a>
4.6	1683.915512	1.003700	<a href="#">IPSESGEKLKVVNER</a>
2.4	1684.930084	-0.010872	<a href="#">FWVVGAGPEVLISAGR</a>
2.2	1683.904297	1.014915	<a href="#">ESVVGDIKDVKNEK</a>
1.9	1684.918167	0.001045	<a href="#">EVNCLTLKDLISPR</a>
1.5	1682.906555	2.012657	<a href="#">TFIVGAQMNVKEFK</a>
0.6	1682.907242	2.011970	<a href="#">KNMGGLGGLVHGKMGR</a>
0.6	1682.907242	2.011970	<a href="#">KNMGGLGGLVHGKMGR</a>

---

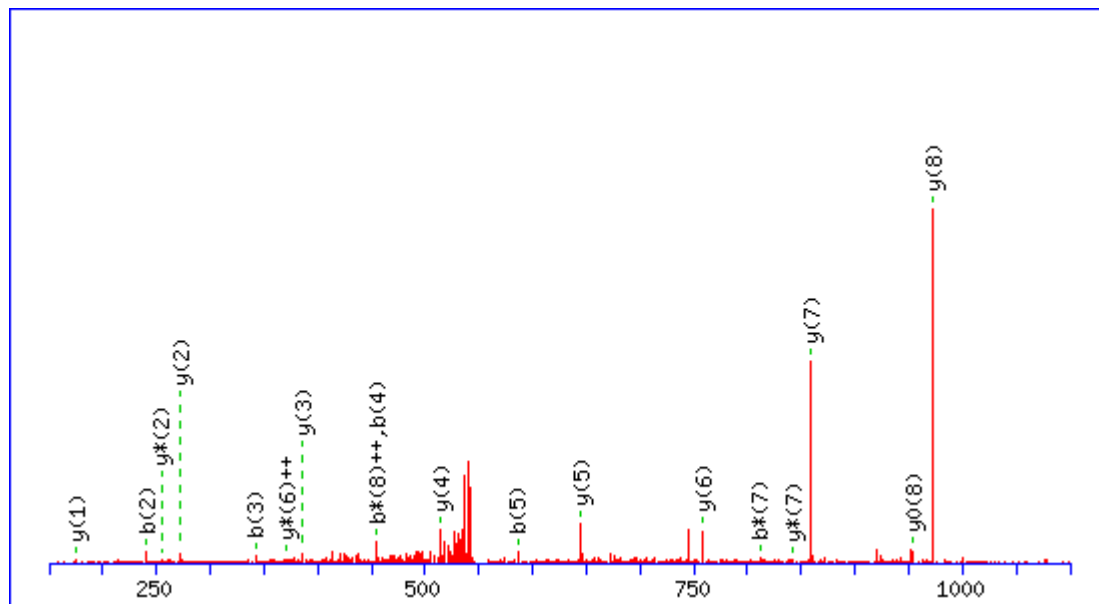
MS/MS Fragmentation of **VITIMQNPR**

Found in **IPI00013296.3**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=RPS18;LOC100130553 40S ribosomal protein S18

Match to Query 3895: 1098.623832 from(550.319192,2+)

Title: Elution from: 29.09 to 33.04 period: FD070412dMavril06.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 1259126.7 FinneganScanNumber: 1870

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril06.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1098.621933

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

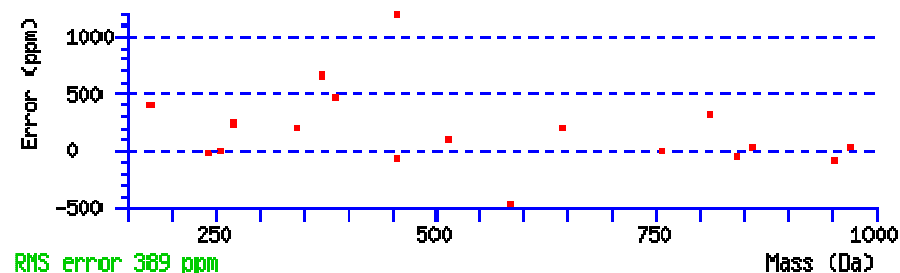
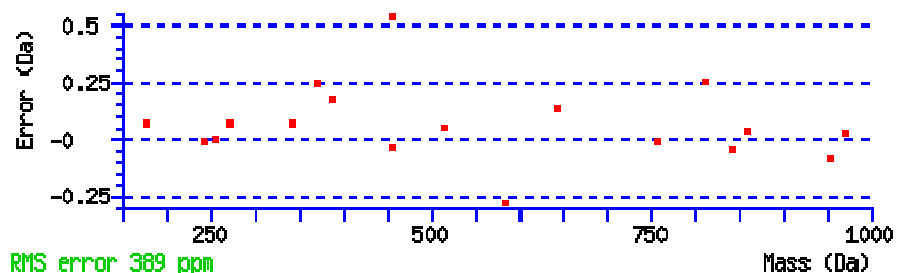
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 45 **Expect:** 0.0096

**Matches (Bold Red):** 18/70 fragment ions using 44 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b*	b <sup>*++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y*	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	128.106986	64.557131					V							9
2	<b>241.191050</b>	121.099163					I	<b>972.529513</b>	486.768395	955.502964	478.255120	<b>954.518948</b>	477.763112	8
3	<b>342.238729</b>	171.623002			324.228164	162.617720	T	<b>859.445449</b>	430.226363	<b>842.418900</b>	421.713088	841.434884	421.221080	7
4	<b>455.322793</b>	228.165034			437.312228	219.159752	I	<b>758.397770</b>	379.702523	741.371221	<b>371.189249</b>			6
5	<b>586.363278</b>	293.685277			568.352713	284.679995	M	<b>645.313706</b>	323.160491	628.287157	314.647217			5
6	714.421856	357.714566	697.395307	349.201292	696.411291	348.709284	Q	<b>514.273221</b>	257.640249	497.246672	249.126974			4
7	828.464783	414.736030	<b>811.438234</b>	406.222755	810.454218	405.730747	N	<b>386.214643</b>	193.610959	369.188094	185.097685			3
8	925.517547	463.262412	908.490998	<b>454.749137</b>	907.506982	454.257129	P	<b>272.171716</b>	136.589496	<b>255.145167</b>	128.076221			2
9							R	<b>175.118952</b>	88.063114	158.092403	79.549839			1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
45.1	1098.621933	0.001899	<a href="#">VITIMQNPR</a>
9.7	1098.633163	-0.009331	<a href="#">VLSCPRLALR</a>
9.5	1098.628448	-0.004616	<a href="#">VLLDNVENK</a>
9.3	1096.624039	1.999793	<a href="#">PLPDSTRQK</a>
9.2	1096.610123	2.013709	<a href="#">HTTLREKGR</a>
9.1	1098.614517	0.009315	<a href="#">AAKESGAKGPR</a>
7.0	1096.624023	1.999809	<a href="#">PAEVSKASPR</a>
6.9	1097.626663	0.997169	<a href="#">MLKPALEPR</a>
6.7	1096.617508	2.006324	<a href="#">HTPMGKKSRL</a>
6.2	1098.625778	-0.001946	<a href="#">TQRLSKGGPR</a>



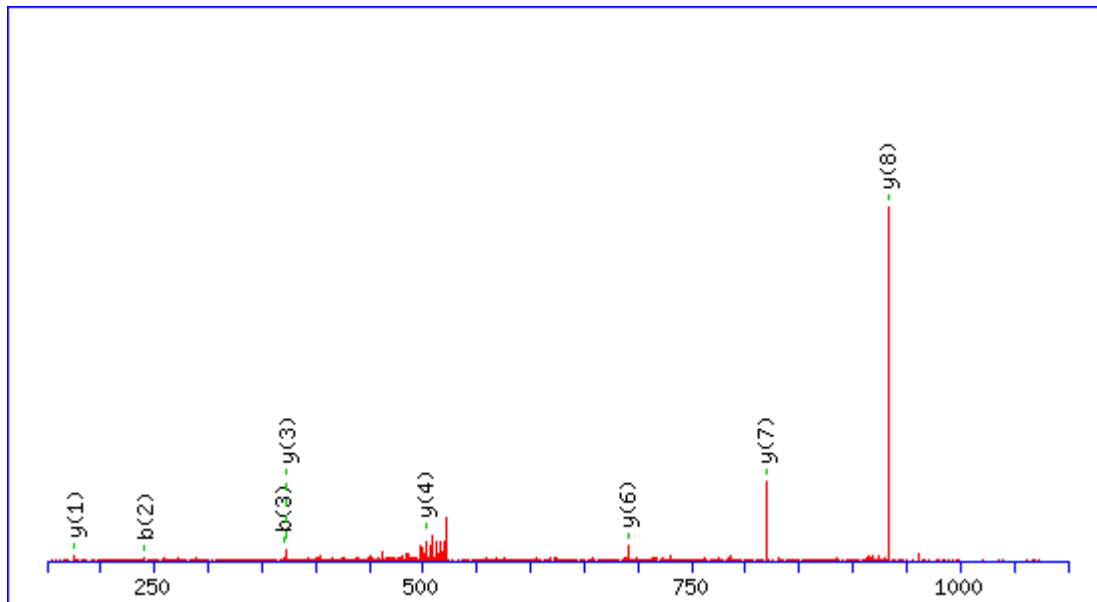
MS/MS Fragmentation of **VLEGMEVVR**

Found in **IPI00646304.4**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=PPIB Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase B

Match to Query 3654: 1058.581802 from(530.298177,2+)

Title: Elution from: 30.77 to 34.72 period: FD070412dMavril06.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 1367854.7 FinneganScanNumber: 1999

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril06.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1058.579407

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

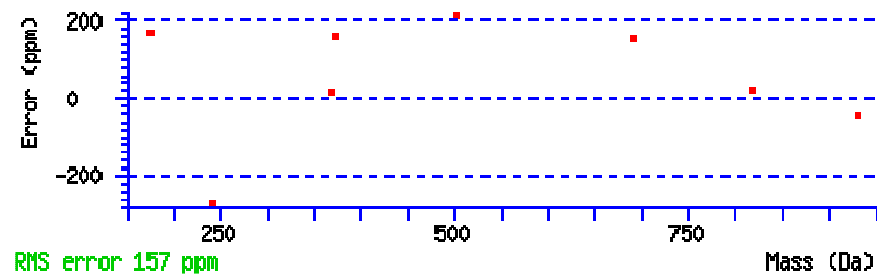
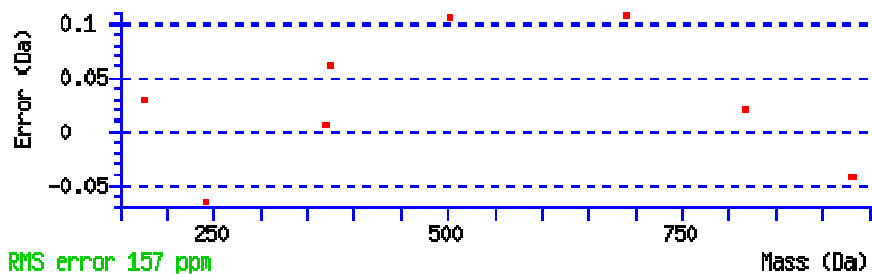
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 34 **Expect:** 0.15

**Matches (Bold Red):** 8/70 fragment ions using 22 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y <sup>*</sup>	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	128.106986	64.557131			V							9
2	<b>241.191050</b>	121.099163			L	<b>932.486979</b>	466.747128	915.460430	458.233853	914.476414	457.741845	8
3	<b>370.233643</b>	185.620459	352.223078	176.615177	E	<b>819.402915</b>	410.205096	802.376366	401.691821	801.392350	401.199813	7
4	427.255107	214.131191	409.244542	205.125909	G	<b>690.360322</b>	345.683799	673.333773	337.170525	672.349757	336.678517	6
5	558.295592	279.651434	540.285027	270.646152	M	633.338858	317.173067	616.312309	308.659793	615.328293	308.167785	5
6	687.338185	344.172731	669.327620	335.167448	E	<b>502.298373</b>	251.652824	485.271824	243.139550	484.287808	242.647542	4
7	786.406599	393.706938	768.396034	384.701655	V	<b>373.255780</b>	187.131528	356.229231	178.618253			3
8	885.475013	443.241145	867.464448	434.235862	V	274.187366	137.597321	257.160817	129.084046			2
9					R	<b>175.118952</b>	88.063114	158.092403	79.549840			1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
34.5	1058.579407	0.002395	<a href="#">VLEGMEVVR</a>
13.3	1056.567581	2.014221	<a href="#">PRSASDAGIR</a>
12.1	1058.585922	-0.004120	<a href="#">VLEDVEISK</a>
12.0	1058.590652	-0.008850	<a href="#">VIQGVCLSR</a>
12.0	1058.576019	0.005783	<a href="#">VLSIWEER</a>
12.0	1058.579407	0.002395	<a href="#">VLSVCPSNK</a>
11.4	1056.570251	2.011551	<a href="#">PELLESADK</a>
11.4	1058.572861	0.008941	<a href="#">VELMPRMR</a>
11.4	1058.571991	0.009811	<a href="#">VELSNGEKR</a>
11.4	1056.574982	2.006820	<a href="#">PSCANVLLR</a>





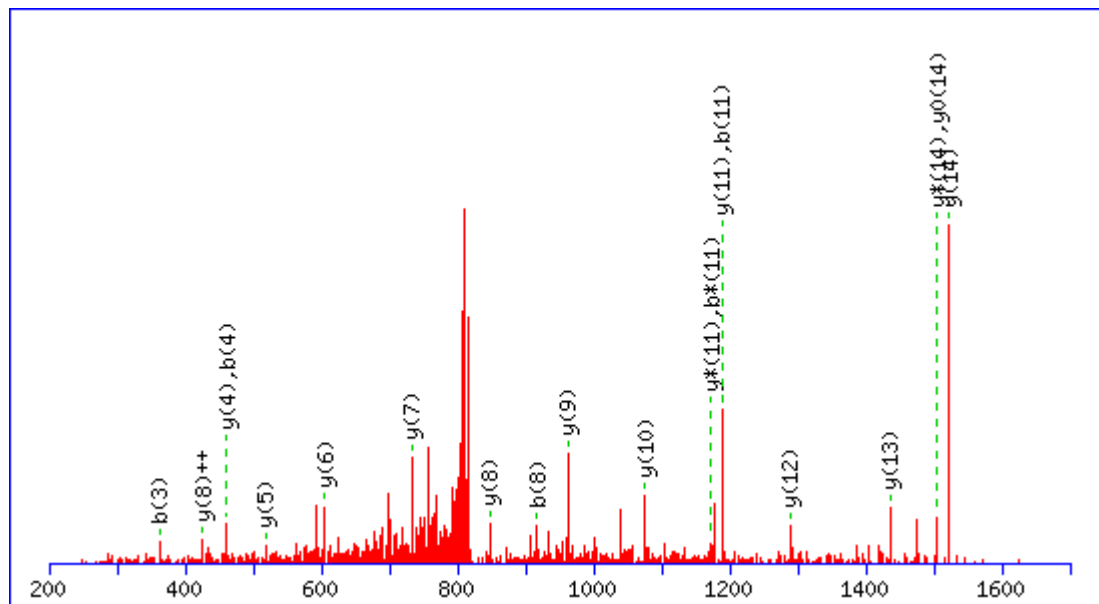
MS/MS Fragmentation of **VSFVNLNDQSGNGDR**

Found in **IPI00168408.1**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=WDR20 WDR20 protein

Match to Query 5846: 1648.790406 from(825.402479,2+)

Title: Elution from: 32.68 to 36.48 period: FD070412dMavril04.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 241317.6 FinneganScanNumber: 2213

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril04.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1648.780518

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

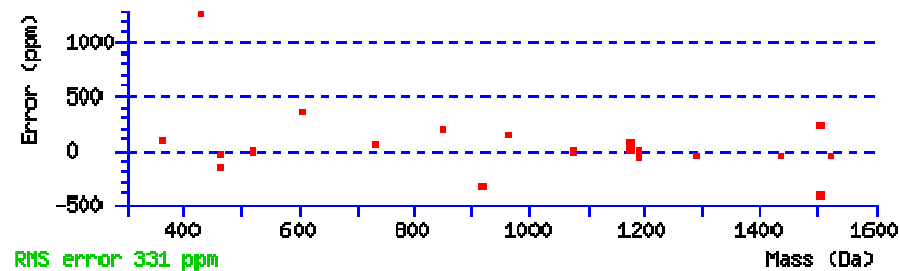
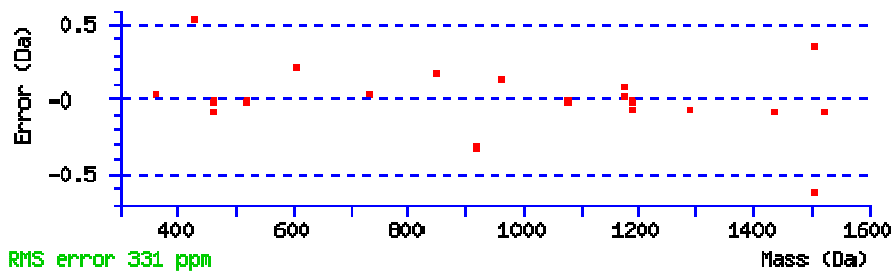
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 76 **Expect:** 6.4e-06

**Matches (Bold Red):** 20/156 fragment ions using 40 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b*	b <sup>*++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y*	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	128.106986	64.557131					V							15
2	215.139014	108.073145			197.128449	99.067862	S	1522.688073	761.847674	1505.661524	753.334400	1504.677508	752.842392	14
3	362.207428	181.607352			344.196863	172.602069	F	1435.656045	718.331660	1418.629496	709.818386	1417.645480	709.326378	13
4	461.275842	231.141559			443.265277	222.136277	V	1288.587631	644.797453	1271.561082	636.284179	1270.577066	635.792171	12
5	575.318769	288.163023	558.292220	279.649748	557.308204	279.157740	N	1189.519217	595.263246	1172.492668	586.749972	1171.508652	586.257964	11
6	688.402833	344.705055	671.376284	336.191780	670.392268	335.699772	L	1075.476290	538.241783	1058.449741	529.728508	1057.465725	529.236500	10
7	802.445760	401.726518	785.419211	393.213244	784.435195	392.721236	N	962.392226	481.699751	945.365677	473.186476	944.381661	472.694468	9
8	917.472703	459.239990	900.446154	450.726715	899.462138	450.234707	D	848.349299	424.678287	831.322750	416.165013	830.338734	415.673005	8
9	1045.531281	523.269279	1028.504732	514.756004	1027.520716	514.263996	Q	733.322356	367.164816	716.295807	358.651541	715.311791	358.159533	7
10	1132.563309	566.785293	1115.536760	558.272018	1114.552744	557.780010	S	605.263778	303.135527	588.237229	294.622252	587.253213	294.130244	6
11	1189.584773	595.296025	1172.558224	586.782750	1171.574208	586.290742	G	518.231750	259.619513	501.205201	251.106238	500.221185	250.614230	5
12	1303.627700	652.317488	1286.601151	643.804214	1285.617135	643.312206	N	461.210286	231.108781	444.183737	222.595506	443.199721	222.103498	4
13	1360.649164	680.828220	1343.622615	672.314946	1342.638599	671.822937	G	347.167359	174.087317	330.140810	165.574043	329.156794	165.082035	3
14	1475.676107	738.341692	1458.649558	729.828417	1457.665542	729.336409	D	290.145895	145.576585	273.119346	137.063311	272.135330	136.571303	2
15							R	175.118952	88.063114	158.092403	79.549839			1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
75.9	1648.780518	0.009888	<a href="#">VSFVNLNDQSGNGDR</a>
8.2	1647.777390	1.013016	<a href="#">DLVDDTNGERSPKM</a>
5.8	1646.774734	2.015672	<a href="#">PSEQKDSEQSGQSK</a>
4.2	1648.780884	0.009522	<a href="#">MSVHMPAMKICEK</a>

1.6	1647.777405	1.013001	<a href="#">DDQTNIGLTCQEVK</a>
1.3	1648.806503	-0.016097	<a href="#">LQKMALMSPWAGER</a>
1.3	1646.788635	2.001771	<a href="#">NVLDSEDEIEELSK</a>
0.4	1646.774734	2.015672	<a href="#">PSEQKDSEQGSGQSK</a>

---

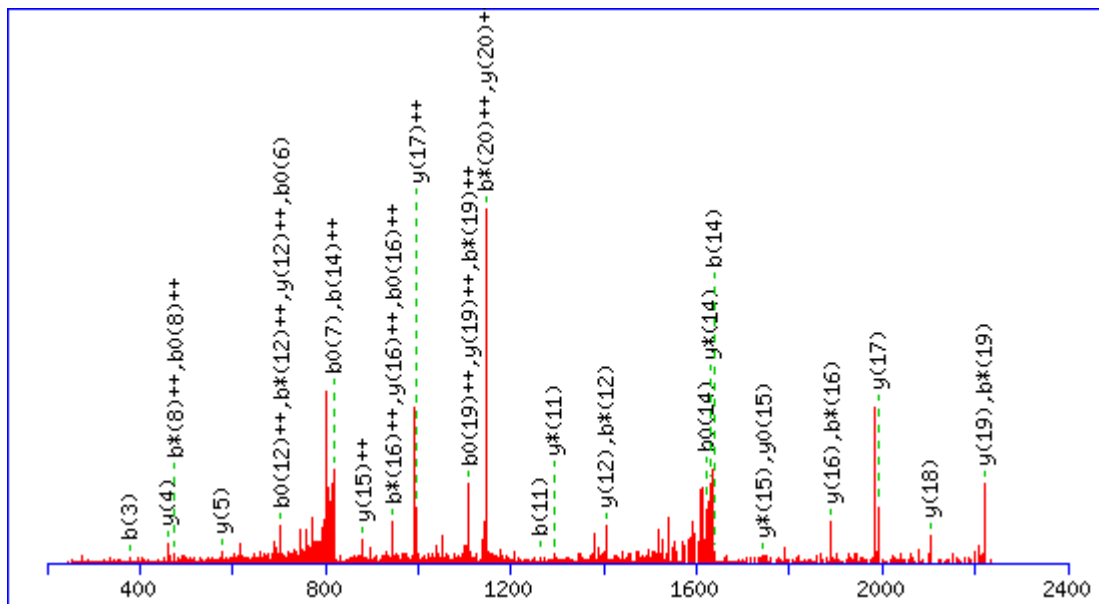
MS/MS Fragmentation of **YADLTEDQLPSCESLKDTIAR**

Found in **IPI00453476.2**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=- Uncharacterized protein ENSP00000348237

Match to Query 7606: 2480.226150 from(827.749326,3+)

Title: Elution from: 39.11 to 42.99 period: FD070412dMavril07.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 441820.4 FinneganScanNumber: 2872

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril07.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 2480.210434

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

**Variable modifications:**

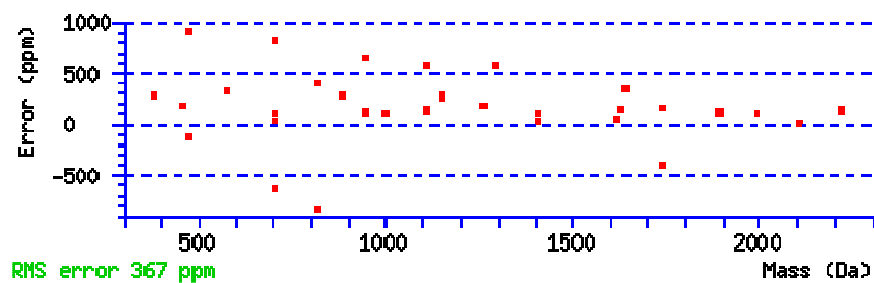
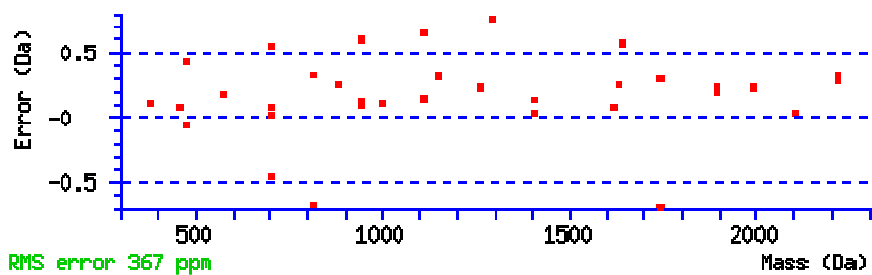
**N-term :** Dimethyl (N-term)

**K16 :** Dimethyl (K)

**Ions Score:** 22 **Expect:** 2

**Matches (Bold Red):** 36/216 fragment ions using 55 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b*	b <sup>*++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y*	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	192.101901	96.554588					Y							21
2	263.139015	132.073145					A	2290.123115	1145.565195	2273.096566	1137.051921	2272.112550	1136.559913	20
3	378.165958	189.586617			360.155393	180.581334	D	2219.086001	1110.046638	2202.059452	1101.533364	2201.075436	1101.041356	19
4	491.250022	246.128649			473.239457	237.123367	L	2104.059058	1052.533167	2087.032509	1044.019892	2086.048493	1043.527884	18
5	592.297701	296.652489			574.287136	287.647206	T	1990.974994	995.991135	1973.948445	987.477861	1972.964429	986.985853	17
6	721.340294	361.173785			703.329729	352.168503	E	1889.927315	945.467296	1872.900766	936.954021	1871.916750	936.462013	16
7	836.367237	418.687257			818.356672	409.681974	D	1760.884722	880.945999	1743.858173	872.432725	1742.874157	871.940717	15
8	964.425815	482.716546	947.399266	474.203271	946.415250	473.711263	Q	1645.857779	823.432528	1628.831230	814.919253	1627.847214	814.427245	14
9	1077.509879	539.258578	1060.483330	530.745303	1059.499314	530.253295	L	1517.799201	759.403239	1500.772652	750.889964	1499.788636	750.397956	13
10	1174.562643	587.784960	1157.536094	579.271685	1156.552078	578.779677	P	1404.715137	702.861207	1387.688588	694.347932	1386.704572	693.855924	12
11	1261.594671	631.300974	1244.568122	622.787699	1243.584106	622.295691	S	1307.662373	654.334825	1290.635824	645.821550	1289.651808	645.329542	11
12	1421.625320	711.316298	1404.598771	702.803024	1403.614755	702.311016	C	1220.630345	610.818811	1203.603796	602.305536	1202.619780	601.813528	10
13	1550.667913	775.837595	1533.641364	767.324320	1532.657348	766.832312	E	1060.599696	530.803486	1043.573147	522.290212	1042.589131	521.798204	9
14	1637.699941	819.353609	1620.673392	810.840334	1619.689376	810.348326	S	931.557103	466.282190	914.530554	457.768915	913.546538	457.276907	8
15	1750.784005	875.895641	1733.757456	867.382366	1732.773440	866.890358	L	844.525075	422.766176	827.498526	414.252901	826.514510	413.760893	7
16	1906.910264	953.958770	1889.883715	945.445496	1888.899699	944.953488	K	731.441011	366.224144	714.414462	357.710869	713.430446	357.218861	6
17	2021.937207	1011.472242	2004.910658	1002.958967	2003.926642	1002.466959	D	575.314752	288.161014	558.288203	279.647740	557.304187	279.155732	5
18	2122.984886	1061.996081	2105.958337	1053.482806	2104.974321	1052.990798	T	460.287809	230.647543	443.261260	222.134268	442.277244	221.642260	4
19	2236.068950	1118.538113	2219.042401	1110.024838	2218.058385	1109.532830	I	359.240130	180.123703	342.213581	171.610429			3
20	2307.106064	1154.056670	2290.079515	1145.543395	2289.095499	1145.051387	A	246.156066	123.581671	229.129517	115.068397			2
21							R	175.118952	88.063114	158.092403	79.549839			1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
22.5	2480.210434	0.015716	<a href="#">YADLTEDQLPSCESLKDTIAR</a>
7.4	2479.219040	1.007110	<a href="#">SHPEPQTPKDSPSKSGSEAQTTK</a>
3.8	2480.236496	-0.010346	<a href="#">SFDMGGETLLSVCPMVPKDLGK</a>
3.5	2480.247528	-0.021378	<a href="#">MLQAARDMVTTAGVSSSLDRATR</a>
2.9	2480.211105	0.015045	<a href="#">SFDLTPYRIFSFSAADSELEK</a>
0.6	2478.199539	2.026611	<a href="#">SGSATTGPTTPCSPKHGAPAPQGMK</a>
0.6	2480.244324	-0.018174	<a href="#">QFOELYLMHSVSLKGIPMEK</a>

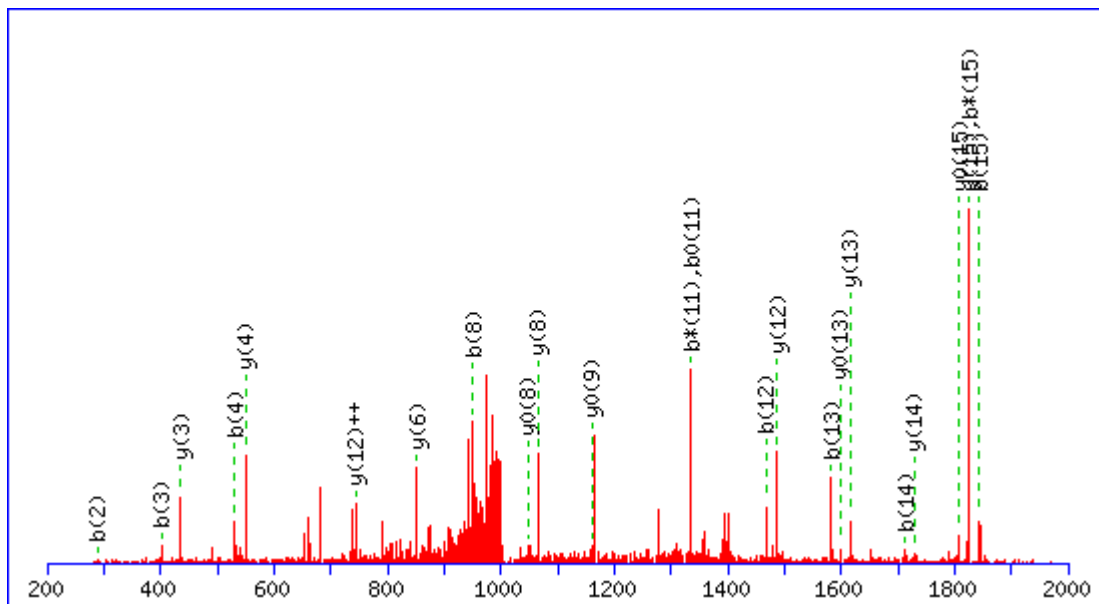
MS/MS Fragmentation of **YPIEHGITNWDDMEK**

Found in **IPI00021428.1**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=ACTA1 Actin, alpha skeletal muscle

Match to Query 7018: 2015.971630 from(1008.993091,2+)

Title: Elution from: 38.96 to 42.84 period: FD070412dMavril07.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 1603458.2 FinneganScanNumber: 2861

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril07.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 2015.966232

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

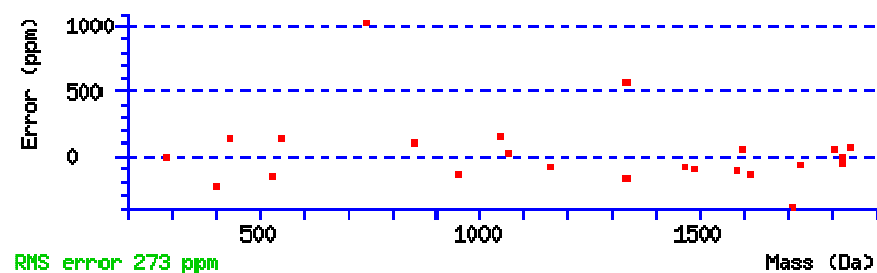
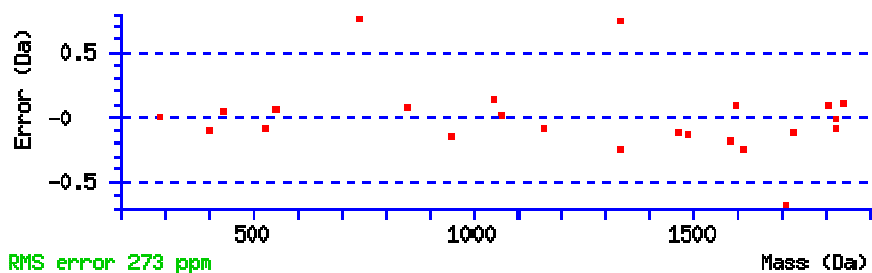
**K16 :** Dimethyl (K)

**Ions Score:** 46 **Expect:** 0.0065

**Matches (Bold Red):** 24/154 fragment ions using 56 most intense peaks



#	b	b <sup>++</sup>	b*	b <sup>*++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y*	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	192.101901	96.554588					Y							16
2	<b>289.154665</b>	145.080970					P	<b>1825.878908</b>	913.443092	1808.852359	904.929818	<b>1807.868343</b>	904.437810	15
3	<b>402.238729</b>	201.623002					I	<b>1728.826144</b>	864.916710	1711.799595	856.403436	1710.815579	855.911428	14
4	<b>531.281322</b>	266.144299			513.270757	257.139017	E	<b>1615.742080</b>	808.374678	1598.715531	799.861404	<b>1597.731515</b>	799.369396	13
5	668.340234	334.673755			650.329669	325.668473	H	<b>1486.699487</b>	<b>743.853382</b>	1469.672938	735.340107	1468.688922	734.848099	12
6	725.361698	363.184487			707.351133	354.179205	G	1349.640575	675.323926	1332.614026	666.810651	1331.630010	666.318643	11
7	838.445762	419.726519			820.435197	410.721237	I	1292.619111	646.813194	1275.592562	638.299919	1274.608546	637.807911	10
8	<b>951.529826</b>	476.268551			933.519261	467.263269	I	1179.535047	590.271162	1162.508498	581.757887	<b>1161.524482</b>	581.265879	9
9	1052.577505	526.792391			1034.566940	517.787108	T	<b>1066.450983</b>	533.729130	1049.424434	525.215855	<b>1048.440418</b>	524.723847	8
10	1166.620432	583.813854	1149.593883	575.300580	1148.609867	574.808572	N	965.403304	483.205290	948.376755	474.692016	947.392739	474.200008	7
11	1352.699745	676.853511	<b>1335.673196</b>	668.340236	<b>1334.689180</b>	667.848228	W	<b>851.360377</b>	426.183827	834.333828	417.670552	833.349812	417.178544	6
12	<b>1467.726688</b>	734.366982	1450.700139	725.853708	1449.716123	725.361700	D	665.281064	333.144170	648.254515	324.630896	647.270499	324.138888	5
13	<b>1582.753631</b>	791.880454	1565.727082	783.367179	1564.743066	782.875171	D	<b>550.254121</b>	275.630699	533.227572	267.117424	532.243556	266.625416	4
14	<b>1713.794116</b>	857.400696	1696.767567	848.887422	1695.783551	848.395414	M	<b>435.227178</b>	218.117227	418.200629	209.603953	417.216613	209.111945	3
15	<b>1842.836709</b>	921.921993	<b>1825.810160</b>	913.408718	1824.826144	912.916710	E	304.186693	152.596985	287.160144	144.083710	286.176128	143.591702	2
16							K	175.144100	88.075688	158.117551	79.562414			1



All matches to this query

Score	Mr(calc):	Delta	Sequence
45.9	2015.966232	0.005398	<a href="#">YPIEHGITNWDDMEK</a>
5.0	2015.976837	-0.005207	<a href="#">MQVPNSTGPDNATLQMLR</a>
4.6	2015.959091	0.012539	<a href="#">MCVDSLVRICSGLSYGR</a>

4.4	2015.980682	-0.009052	<a href="#">KCLEEGPGGAGSSTALGGRR</a>
3.6	2015.963577	0.008053	<a href="#">CSGPVTLHYKVNHEGYR</a>
2.7	2015.976791	-0.005161	<a href="#">DGESEHKCAKMLENR</a>
2.6	2015.952316	0.019314	<a href="#">NPFHASCWNTSAELLNK</a>
1.1	2015.955002	0.016628	<a href="#">YKYPEFPVLECGDSEK</a>
0.9	2015.956192	0.015438	<a href="#">TTSGPPNHHSSAPSHSLFR</a>
0.7	2015.970779	0.000851	<a href="#">AAGSSGASMGWRGSPGRPSGR</a>

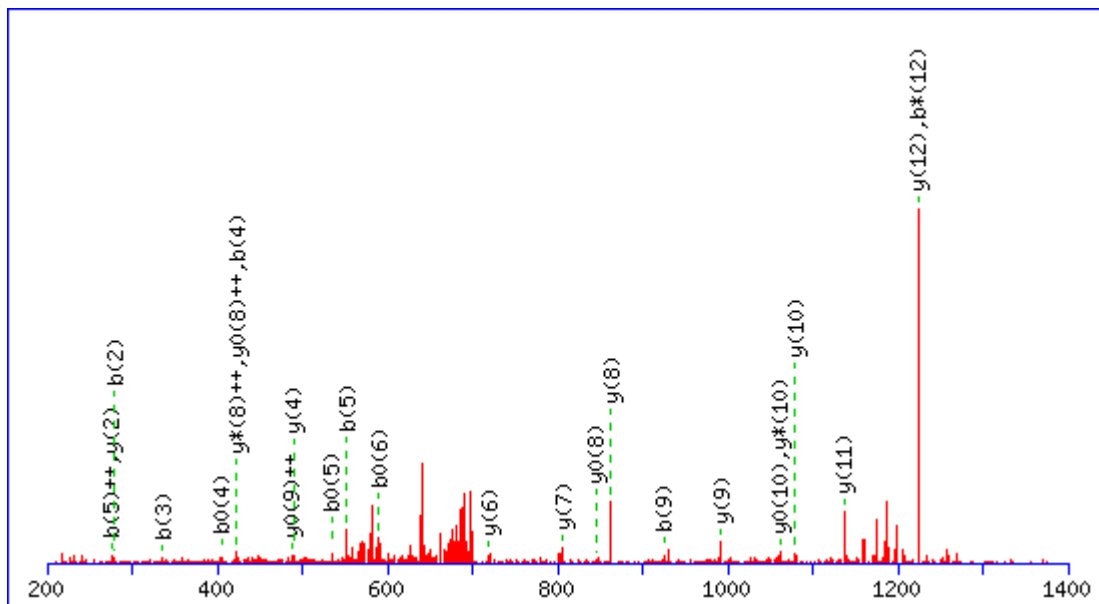
MS/MS Fragmentation of **YSGSEGSTQTLTK**

Found in **IPI00017526.1**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=S100P Protein S100-P

Match to Query 4919: 1414.706480 from(708.360516,2+)

Title: Elution from: 18.65 to 22.56 period: FD070412dMavril06.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 214516.3 FinneganScanNumber: 1100

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril06.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1413.698730

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

**Variable modifications:**

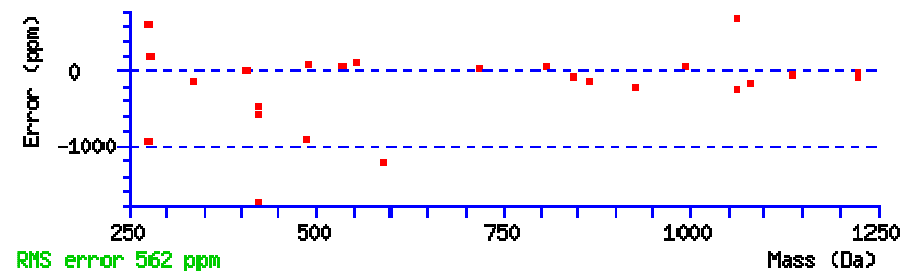
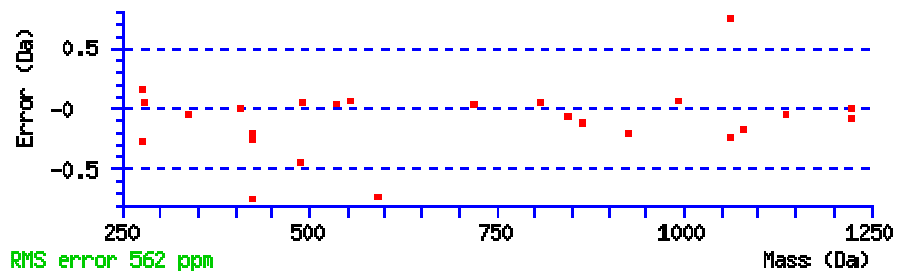
**N-term :** Dimethyl (N-term)

**K13 :** Dimethyl (K)

**Ions Score:** 39 **Expect:** 0.03

**Matches (Bold Red):** 25/124 fragment ions using 64 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b*	b <sup>*++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y*	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	192.101901	96.554588					Y							13
2	<b>279.133929</b>	140.070602			261.123364	131.065320	S	<b>1223.611384</b>	612.309330	1206.584835	603.796056	1205.600819	603.304048	12
3	<b>336.155393</b>	168.581334			318.144828	159.576052	G	<b>1136.579356</b>	568.793316	1119.552807	560.280042	1118.568791	559.788034	11
4	<b>423.187421</b>	212.097349			<b>405.176856</b>	203.092066	S	<b>1079.557892</b>	540.282584	<b>1062.531343</b>	531.769310	<b>1061.547327</b>	531.277302	10
5	<b>552.230014</b>	<b>276.618645</b>			<b>534.219449</b>	267.613363	E	<b>992.525864</b>	496.766570	975.499315	488.253296	974.515299	<b>487.761288</b>	9
6	609.251478	305.129377			<b>591.240913</b>	296.124095	G	<b>863.483271</b>	432.245274	846.456722	<b>423.731999</b>	<b>845.472706</b>	<b>423.239991</b>	8
7	696.283506	348.645391			678.272941	339.640109	S	<b>806.461807</b>	403.734542	789.435258	395.221267	788.451242	394.729259	7
8	797.331185	399.169231			779.320620	390.163948	T	<b>719.429779</b>	360.218528	702.403230	351.705253	701.419214	351.213245	6
9	<b>925.389763</b>	463.198520	908.363214	454.685245	907.379198	454.193237	Q	618.382100	309.694688	601.355551	301.181414	600.371535	300.689406	5
10	1026.437442	513.722359	1009.410893	505.209085	1008.426877	504.717077	T	<b>490.323522</b>	245.665399	473.296973	237.152125	472.312957	236.660117	4
11	1139.521506	570.264391	1122.494957	561.751117	1121.510941	561.259109	L	389.275843	195.141560	372.249294	186.628285	371.265278	186.136277	3
12	1240.569185	620.788231	<b>1223.542636</b>	612.274956	1222.558620	611.782948	T	<b>276.191779</b>	138.599528	259.165230	130.086253	258.181214	129.594245	2
13							K	175.144100	88.075688	158.117551	79.562414			1



All matches to this query

Score	Mr(cal):	Delta	Sequence
39.5	1413.698730	1.007750	<a href="#">YSGSEGSTQTLTK</a>
8.5	1413.699585	1.006895	<a href="#">SCMEGKSFLQK</a>
7.7	1413.709946	0.996534	<a href="#">PEEPTKDATS GAR</a>
6.7	1413.711334	0.995146	<a href="#">HVVDHHVTSIDR</a>
5.0	1413.692200	1.014280	<a href="#">KLNGMGDDGSPPAK</a>
5.0	1413.692200	1.014280	<a href="#">KLNGMGDDGSPPAK</a>

4.3	1413.710815	0.995665	<a href="#">YSGILMKDRCK</a>
3.4	1413.703430	1.003050	<a href="#">SQMSREFSTKNK</a>
2.8	1413.689697	1.016783	<a href="#">YARVPCGFAAMK</a>
1.7	1414.693970	0.012510	<a href="#">EASSAPSATSPTPGK</a>

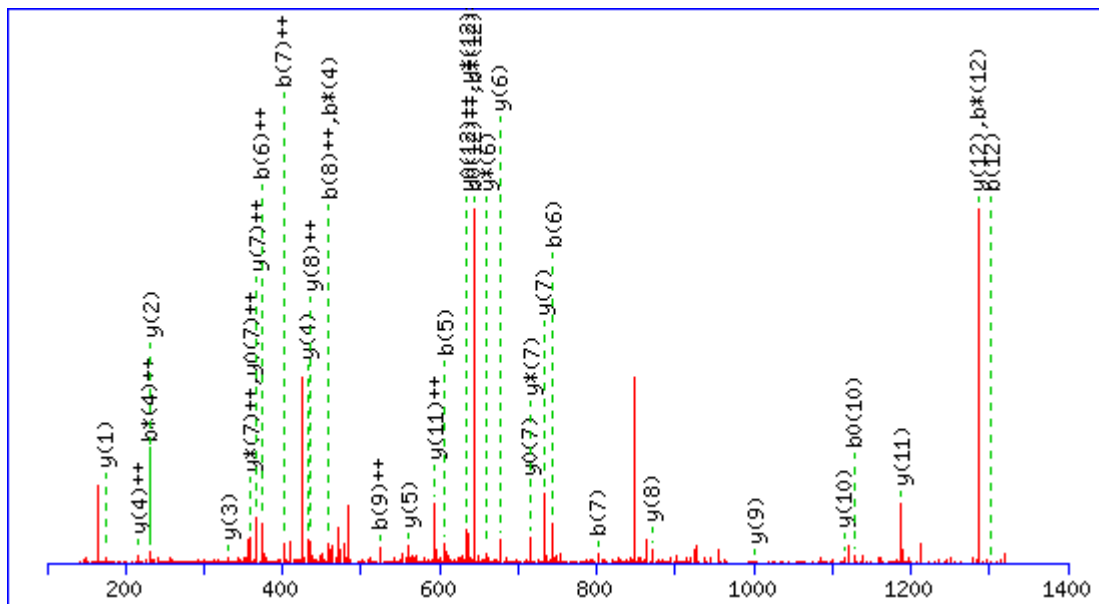
MS/MS Fragmentation of **YVANMHGDET**VGR

Found in **IPI00026270.1**, Tax\_Id=9606 Gene\_Symbol=CPM Carboxypeptidase M

Match to Query 5106: 1475.684979 from(492.902269,3+)

Title: Elution from: 19.37 to 23.27 period: FD070412dMavril04.raw experiment: 1 cycles: 1 precIntensity: 405863.6 FinneganScanNumber: 1179

Data file D:\projecttemp\FD080412dM\FD070412dMavril04.msm



**Monoisotopic mass of neutral peptide Mr(calc):** 1475.682709

**Fixed modifications:** Carbamidomethyl (C)

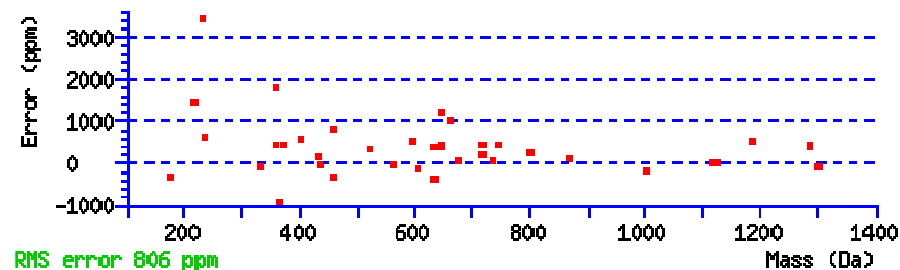
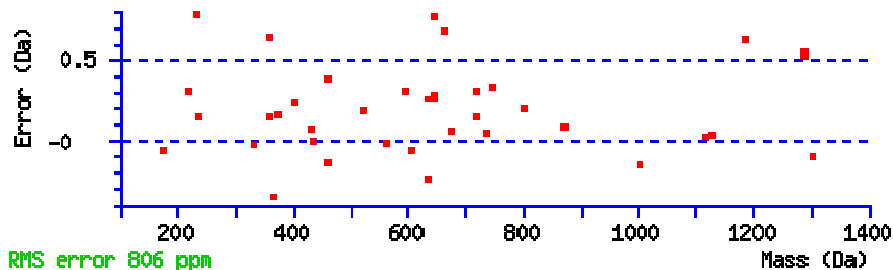
**Variable modifications:**

**N-term :** Dimethyl (N-term)

**Ions Score:** 39 **Expect:** 0.017

**Matches (Bold Red):** 38/118 fragment ions using 109 most intense peaks

#	b	b <sup>++</sup>	b*	b <sup>*++</sup>	b <sup>0</sup>	b <sup>0++</sup>	Seq.	y	y <sup>++</sup>	y*	y <sup>*++</sup>	y <sup>0</sup>	y <sup>0++</sup>	#
1	192.101901	96.554588					Y							13
2	291.170315	146.088796					V	1285.595361	643.301318	1268.568812	634.788044	1267.584796	634.296036	12
3	362.207429	181.607352					A	1186.526947	593.767112	1169.500398	585.253837	1168.516382	584.761829	11
4	476.250356	238.628816	459.223807	230.115542			N	1115.489833	558.248554	1098.463284	549.735280	1097.479268	549.243272	10
5	607.290841	304.149059	590.264292	295.635784			M	1001.446906	501.227091	984.420357	492.713816	983.436341	492.221808	9
6	744.349753	372.678515	727.323204	364.165240			H	870.406421	435.706848	853.379872	427.193574	852.395856	426.701566	8
7	801.371217	401.189247	784.344668	392.675972			G	733.347509	367.177392	716.320960	358.664118	715.336944	358.172110	7
8	916.398160	458.702718	899.371611	450.189444	898.387595	449.697436	D	676.326045	338.666660	659.299496	330.153386	658.315480	329.661378	6
9	1045.440753	523.224015	1028.414204	514.710740	1027.430188	514.218732	E	561.299102	281.153189	544.272553	272.639914	543.288537	272.147906	5
10	1146.488432	573.747854	1129.461883	565.234580	1128.477867	564.742572	T	432.256509	216.631892	415.229960	208.118618	414.245944	207.626610	4
11	1245.556846	623.282061	1228.530297	614.768787	1227.546281	614.276779	V	331.208830	166.108053	314.182281	157.594778			3
12	1302.578310	651.792793	1285.551761	643.279519	1284.567745	642.787511	G	232.140416	116.573846	215.113867	108.060571			2
13							R	175.118952	88.063114	158.092403	79.549839			1



All matches to this query

Score	Mr(cal):	Delta	Sequence
39.2	1475.682709	0.002270	<a href="#">YVANMHGDETVGR</a>
11.4	1473.665695	2.019284	<a href="#">PPKSPEEEGQMSS</a>
7.2	1473.669952	2.015027	<a href="#">CMMKSSDCVIK</a>
5.7	1475.692581	-0.007602	<a href="#">PNGSEIMVTNENK</a>
4.7	1473.685699	1.999280	<a href="#">CIMVTPDGNFHR</a>
3.2	1474.673080	1.011899	<a href="#">ACPPVSMDCALR</a>

2.7	1473.673584	2.011395	<a href="#">EPTSPDGGEPGYIR</a>
2.5	1474.679565	1.005414	<a href="#">EEIMKAMTSGYR</a>
1.1	1473.681015	2.003964	<a href="#">GMTTVDDFFQGTK</a>
0.9	1475.696426	-0.011447	<a href="#">RGKDTAEGTNEDR</a>

---



17 at the bottom of the SDS-gel (see main Materials and Methods). L under D0/D4 ratio means that only the light D0 peptides (+ insulin) were found for that protein. A \* beside the gene symbol indicates the 16 proteins that were identified in this screen, and also in the phosphopeptide analyses (supplementary tables 2 and 3). The proteins marked \* are also listed in Table 1 within the main text.

band number	protein match number	accession	gene symbol	protein description	protein score	protein mass	protein coverage (%)	unique peptides	MSMS matches	quantified peptides	average ratio	deviation ratio		
1	10	IP100176345	UNC5A	Isoform 3 of Netrin receptor UNC5A precursor	35	90124	1.1	1	1	1	L	0.0		
		IP100418573	UNC5A	Isoform 2 of Netrin receptor UNC5A precursor	35	34032	1.1							
		IP100470692	UNC5A	Isoform 1 of Netrin receptor UNC5A precursor	35	94439	1.1							
1	11	IP100174962	MICAL1*	Molecule interacting with Rab13	30	94352	1	1	1	1	L	0.0		
2	33	IP100027481	ABCB1	Multidrug resistance protein 1	31	141772	1.2	2	3	1	L	0.0		
		IP100024804	ATP2A1	Isoform SERCA1B of Sarcolemmal/endoplasmic reticulum calcium ATPase 1	30	111550	0.9	1	1	1	L	0.0		
2	36	IP100396118	ATP2A1	Isoform SERCA1A of Sarcolemmal/endoplasmic reticulum calcium ATPase 1	30	110582	0.9							
		IP100646947	ATP2A1	95 kDa protein	30	96392	1							
		IP100177817	ATP2A2	Isoform SERCA2A of Sarcolemmal/endoplasmic reticulum calcium ATPase 2	30	111103	0.9							
		IP100219078	ATP2A2	Isoform SERCA2B of Sarcolemmal/endoplasmic reticulum calcium ATPase 2	30	116336	0.9							
		IP100289649	PTPN3	Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 3	29	105104	0.9	1	1	1	L	0.0		
2	37	IP100647108	PTPN3	Tyrosine phosphatase	29	96339	1							
4	33	IP100001723	ATP10D	Isoform 1 of Probable phospholipid-transporting ATPase VD	58	162156	0.7	1	1	1	L	0.0		
4	39	IP100645951	DPCR1	diffuse panbronchiolitis critical region 1 protein	40	25742	6.8	1	2	1	L	0.0		
		IP100142856	DPCR1	Hypothetical protein DKFz6660235	40	37616	4.6							
		IP100643336	DPCR1	Diffuse panbronchiolitis critical region	40	37615	4.7							
4	43	IP100295022	NKTR	NK-tumor recognition protein	36	166603	0.6	1	1	1	L	0.0		
4	44	IP100009456	NT5E	5--nucleotidase precursor	35	63898	4.2	2	2	2	L	0.0		
		IP100552302	NT5E	5--nucleotidase, ecto	35	34011	4.6							
		IP100552444	NT5E	5--nucleotidase, ecto	35	29357	9.3							
4	48	IP100011197	SNX25	sorting nexin 25	33	98625	0.8	1	1	1	L	0.0		
		IP100024706	SNX25	Hypothetical protein FLJ23161	33	42192	0.8							
4	50	IP100022086	LRP2BP	KIAA1325 protein (Fragment)	32	41107	2.4	1	2	1	L	0.0		
		IP100470656	LRP2BP	Hypothetical protein DKFz76100113	32	40369	2.6							
		IP100744401	LRP2BP	LRP2 binding protein	32	40154	2.6							
5	33	IP100220257	TTL1	Isoform 3 of Probable tubulin polyglutamylase	35	44716	1.8	1	3	1	L	0.0		
		IP100302599	TTL1	Isoform A of Probable tubulin polyglutamylase	35	49356	1.7							
		IP100335572	TTL1	Isoform 4 of Probable tubulin polyglutamylase	35	45749	1.8							
5	35	IP100398795	RTN3	reticulon 3 isoform b	34	111211	0.9	1	1	1	L	0.0		
		IP100743293	RTN3	RTN3-A1	34	113312	0.9							
5	36	IP100438855	IL12RB2	Isoform 1 of Interleukin-12 receptor beta-2 chain precursor	33	98499	1	1	3	1	L	0.0		
		IP100438856	IL12RB2	Isoform 2 of Interleukin-12 receptor beta-2 chain precursor	33	75700	1.4							
5	39	IP100479253	IL12RB2	Interleukin 12 receptor, beta 2	33	27114	3.9							
5	39	IP100030450	PCNXL3	PREDICTED: similar to pecanex-like 3 isoform 1	30	202662	0.5	1	1	1	L	0.0		
		IP100738957	PCNXL3	PREDICTED: similar to pecanex-like 3 isoform 2	30	210763	0.5							
		IP100743749	PCNXL3	Hypothetical protein FLJ22427	30	93515	1.1							
		IP100787937	PCNXL3	PREDICTED: similar to pecanex-like 3 isoform 5	30	210791	0.5							
		IP100760876	PCNXL3	87 kDa protein	30	87307	1.1							
6	21	IP100010214	S100A14	Protein S100-A14	85	11826	14.4	1	1	1	L	0.0		
6	34	IP100036554	MLF1	Myeloid leukemia factor 1	45	30665	4.5	1	2	1	L	0.0		
		IP100171189	MLF1	Myeloid leukemia factor 1	45	33981	4							
		IP100719604	MLF1	Myeloid leukemia factor 1 variant 3	45	27665	4.9							
		IP100744606	MLF1	Myeloid leukemia factor 1 variant 1	45	23102	6							
6	61	IP100472605	HLA-A HLA-B HLA-C	HLA class I histocompatibility antigen, Cw-2 alpha chain precursor	31	41468	2.2	1	1	1	L	0.0		
7	63	IP100171819	FARP2	Isoform 2 of FERM, RhoGEF and pleckstrin domain-containing protein 2	38	73622	1.2	1	1	1	L	0.0		
		IP100744221	FARP2	Isoform 1 of FERM, RhoGEF and pleckstrin domain-containing protein 2	38	120725	0.8							
7	64	IP100179757	KIF1C	Kinesin-like protein KIF1C	38	123906	0.8	1	2	1	L	0.0		
7	66	IP100217439	CDAN1	Isoform 1 of Codann-1	35	135509	0.8	1	6	1	L	0.0		
		IP100386747	CDAN1	Isoform 2 of Codann-1	35	135561	0.8							
7	70	IP100029702	PTK2B	Isoform 1 of Protein tyrosine kinase 2 beta	32	117112	0.8	1	2	1	L	0.0		
		IP100216435	PTK2B	Isoform 2 of Protein tyrosine kinase 2 beta	32	112366	0.8							
		IP100443767	PTK2B	Isoform 2 of Protein tyrosine kinase 2 beta	32	68844	1.3							
7	71	IP100396154	PHF20L1	PHD finger protein 20-like 1 isoform 1	32	116250	1.5	1	3	1	L	0.0		
5	15	IP100299000	PA2G4	Proliferation-associated protein 2G4	127	43970	9.9	4	9	2	111.3	46.2		
3	11	IP100306239	KATNB1	Katanin p80 WD40-containing subunit B1	45	73257	1.2	1	5	1	58.7	0.0		
		IP100746256	KATNB1	Katanin p80 WD40-containing subunit B1	45	73486	1.2							
7	32	IP100024911	ERP29	Endoplasmic reticulum protein Erp29 precursor	149	29032	9.6	2	4	2	40.2	20.4		
6	47	IP100646294	RPUSD3	RNA pseudouridylylase synthase domain containing 3	35	38779	2.3	1	1	1	34.4	0.0		
7	75	IP100449906	ARHGGE7	Isoform 1 of Rho guanine nucleotide exchange factor 7	30	73664	1.1	1	1	1	34.0	0.0		
6	31	IP100219446	PEBP1	Phosphatidylethanolamine-binding protein 1	51	21027	4.8	1	1	1	30.1	0.0		
5	38	IP100008522	SCN10A	Sodium channel protein type 10 subunit alpha	31	222704	0.4	1	1	1	27.5	0.0		
		IP100783779	SCN10A	221 kDa protein	31	222964	0.4							
7	57	IP100008522	SCN10A	Sodium channel protein type 10 subunit alpha	43	222704	0.8	1	5	1	27.5	0.0		
		IP100783779	SCN10A	221 kDa protein	43	222964	0.7							
5	30	IP100220834	XRCC5	ATP-dependent DNA helicase 2 subunit 2	37	83091	1	1	1	1	24.5	0.0		
6	44	IP100166369	FLJ33534	CDNA FLJ33534 fis. clone BRAMY2007411	38	19352	4	1	1	1	23.3	0.0		
4	10	IP100465248	ENO1	enolase 1	294	47481	11.1	5	10	3	21.9	8.0		
7	58	IP100556231	LOC644936	Hypothetical protein	42	25129	5	1	1	1	20.0	0.0		
6	62	IP100166143	SOX5	Isoform 4 of Transcription factor SOX-5	31	71171	1.9	1	2	1	14.0	0.0		
		IP100171247	SOX5	Isoform 2 of Transcription factor SOX-5	31	82630	1.6							
		IP100216317	SOX5	Isoform 1 of Transcription factor SOX-5	31	84201	1.6							
		IP100218631	SOX6	Isoform 3 of Transcription factor SOX-6	31	89993	1.5							
		IP100395930	SOX6	Hypothetical protein SOX6 (Fragment)	31	92215	1.4							
		IP100412928	SOX6	Isoform 2 of Transcription factor SOX-6	31	87588	1.5							
		IP100641980	SOX6	Isoform 1 of Transcription factor SOX-6	31	92235	1.4							
		IP100787755	SOX6	Hypothetical protein SOX6 (Fragment)	31	89675	1.5							
		2	27	IP100220901	TBC1D4	TBC1 domain family member 4	41	148188	1.1	1	1	1	12.9	0.0
		3	18	IP100016759	SLC18A2	Synaptic vesicular amine transporter	32	56246	2.3	1	3	1	11.8	0.0
4	45	IP100013894	STIP1	Stress-induced-phosphoprotein 1	35	63227	1.7	1	1	1	10.8	0.0		
		IP100479946	STIP1	STIP1 protein	35	68687	1.5							
4	18	IP100216919	YAP1*	YAP1 protein	148	54484	7.1	3	5	2	10.6	2.6		
6	52	IP100307155	ROCK2	Rho-associated protein kinase 2	33	161952	0.5	1	2	1	10.1	0.0		

band number	protein match number	accession	gene symbol	protein description	protein score	protein mass	protein coverage (%)	unique peptides	MSMS matches	quantified peptides	average ratio	deviation ratio
7	23	IPI00306195	AKT1S1*	AKT1S1 protein	308	29472	17	4	13	2	9.9	1.2
		IPI00549786	AKT1S1*	AKT1S1 protein	308	27595	18.4					
6	41	IPI00025019	PSMB1	Proteasome subunit beta type 1	40	26700	3.7	1	1	1	9.7	0.0
4	52	IPI00102281	ASPRV1	Hypothetical protein FLJ25084	31	37139	2.9	1	1	1	9.3	0.0
2	17	IPI00291175	VCL	Isoform 1 of Vinculin	81	117088	4	3	4	2	9.1	3.4
		IPI00307162	VCL	vinculin isoform meta-VCL	81	124292	3.8					
2	24	IPI00464978	IRS2*	Insulin receptor substrate 2	52	138545	1.8	1	3	2	9.0	2.4
5	37	IPI00032316	ZKSCAN5	Zinc finger protein 95 homolog	33	98894	1	1	1	1	8.7	0.0
7	69	IPI00032137	ACTN3	Alpha-actinin-3	33	103913	1.9	1	2	1	8.4	0.0
6	60	IPI00477550	LOC644191	PREDICTED: similar to 40S ribosomal protein S26 isoform 1	32	13221	7.8	1	2	1	7.9	0.0
		IPI00176696	na	PREDICTED: similar to 40S ribosomal protein S26	32	13338	7.8					
		IPI00176854	na	Ribosomal protein S26	32	13356	7.4					
		IPI00399281	na	13 kDa protein	32	13173	7.5					
		IPI00736949	na	PREDICTED: similar to 40S ribosomal protein S26	32	13269	7.5					
		IPI00739263	na	PREDICTED: similar to 40S ribosomal protein S26	32	11559	8.6					
		IPI00787644	na	PREDICTED: similar to 40S ribosomal protein S26	32	13328	7.8					
		IPI00186712	RPS26	OTTHUMP0000018641	32	13278	7.8					
		IPI00655650	RPS26 LOC728937	40S ribosomal protein S26	32	13161	7.8					
		IPI00401819	RPS26L	Hypothetical protein RPS26	32	13319	7.8					
		IPI00187140	RPS26L1	Ribosomal protein S26-like 1	32	13336	7.8					
7	21	IPI00003348	GNB2	Guanine nucleotide-binding protein G(I)/G(S)/G(T) subunit beta 2	440	37917	28.8	9	20	3	7.9	2.3
5	34	IPI00386119	SFI	Isoform 5 of Splicing factor 1	35	80666	1.4	1	1	1	7.9	0.0
6	29	IPI00026271	RAC1	Isoform A of Ras-related C3 botulinum toxin substrate 1 precursor	56	21835	9.9	2	3	2	7.5	1.9
		IPI00219675	RAC1	Isoform B of Ras-related C3 botulinum toxin substrate 1 precursor	56	23851	9					
		IPI00010270	RAC2	Ras-related C3 botulinum toxin substrate 2 precursor	56	21814	9.9					
		IPI00023138	RAC3	Ras-related C3 botulinum toxin substrate 3	56	21764	9.9					
4	17	IPI00006634	CCDC6*	Coiled-coil domain-containing protein 6	160	66274	11.6	6	11	3	7.1	2.7
7	68	IPI00178743	ALMS1	ALMS1	33	46304	0.2	1	1	1	7.1	0.0
		IPI00740123	ALMS1	Isoform 2 of Alstrom syndrome protein 1	33	457161	0.2					
		IPI00740909	ALMS1	Isoform 3 of Alstrom syndrome protein 1	33	427044	0.3					
4	32	IPI00019906	BSG	Isoform 2 of Basigin precursor	62	29431	7.1	2	3	2	6.9	0.9
		IPI00218019	BSG	Isoform 1 of Basigin precursor	62	42573	4.9					
		IPI00394876	BSG	basigin isoform 3	62	19540	10.8					
		IPI00394877	BSG	basigin isoform 4	62	22921	9.3					
1	7	IPI00301263	CAD*	CAD protein	78	245167	0.5	1	3	1	6.7	0.0
2	1	IPI00420004	MYO1G	myosin IG	1971	117393	20.2	19	82	13	6.7	2.2
4	35	IPI00026516	GNAO1	Succinyl-CoA:3-ketoacid-coenzyme A transferase 1, mitochondrial precursor	45	56578	2.7	1	1	1	6.5	0.0
7	13	IPI00217906	GNAI2	Isoform 2 of Guanine nucleotide-binding protein G(i), alpha-2 subunit	858	39075	31.3	8	28	2	6.4	0.4
		IPI00748145	GNAI2	guanine nucleotide binding protein, alpha inhibiting activity polypeptide 2	858	40995	29.9					
2	30	IPI00646294	RPLSD3	RNA pseudouridylyl synthase domain containing 3	36	38779	2.3	1	1	1	6.3	0.0
6	55	IPI00290456	ICAM5	Intercellular adhesion molecule 5 precursor	33	98980	1.3	1	4	1	6.3	0.0
		IPI00743302	ICAM5	intercellular adhesion molecule 5 precursor	33	98766	1.3					
7	47	IPI00418262	ALDOC	Fructose-bisphosphate aldolase C	64	39699	9.9	3	4	2	6.2	1.7
1	8	IPI00291607	ITPR3	Inositol 1,4,5-trisphosphate receptor type 3	45	306752	1.7	1	4	2	6.2	3.3
4	1	IPI00305589	PFKFB2*	Isoform 1 of 6-phosphofructo-2-kinase/fructose-2,6-bisphosphatase 2	958	58953	41.4	23	64	4	6.2	0.9
7	55	IPI00022891	SLC25A4	ADP/ATP translocase 1	47	33140	2.7	1	1	1	6.2	0.0
		IPI00007188	SLC25A5	ADP/ATP translocase 2	47	32971	2.7					
		IPI00291467	SLC25A6	ADP/ATP translocase 3	47	32942	2.7					
2	23	IPI00217561	ITGB1	Isoform Beta-1C of Integrin beta-1 precursor	57	95031	1.3	1	2	1	6.1	0.0
		IPI00217562	ITGB1	Isoform Beta-1C-2 of Integrin beta-1 precursor	57	94446	1.3					
		IPI00217563	ITGB1	Isoform Beta-1A of Integrin beta-1 precursor	57	91714	1.4					
		IPI00293305	ITGB1	Isoform Beta-1B of Integrin beta-1 precursor	57	90746	1.4					
		IPI00549336	ITGB1	Isoform Beta-1D of Integrin beta-1 precursor	57	92183	1.4					
		IPI00645194	ITGB1	integrin beta 1 isoform 1A precursor	57	91664	1.4					
2	26	IPI00010418	MYO1C	Myosin Ic	45	118763	1.5	2	3	1	6.1	1.3
7	56	IPI00024650	SLC16A1	Monocarboxylate transporter 1	45	54607	2.4	1	1	1	5.8	0.0
		IPI00643709	SLC16A1	Solute carrier family 16	45	32068	4.1					
		IPI00646589	SLC16A1	Solute carrier family 16	45	49871	2.6					
6	14	IPI00419585	PPIA	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase A	155	18098	17	3	11	3	5.6	2.0
		IPI00472718	PPIA	Peptidyl-prolyl isomerase A	155	11582	17.1					
7	38	IPI00022624	GPRC5A	Retinoic acid-induced protein 3	117	40624	5.3	2	3	1	5.6	0.0
7	49	IPI00011253	RPS3	40S ribosomal protein S3	54	26842	4.9	1	1	1	5.5	0.0
5	28	IPI00027223	IDH1	Isoform 1 of Isocitrate dehydrogenase [NADP] cytoplasmic	41	46915	3.1	1	1	1	5.5	0.0
4	15	IPI00180675	TUBA1A	Tubulin alpha-3 chain	168	50788	13.1	6	16	2	5.4	1.2
		IPI00387144	TUBA1B	Tubulin alpha-ubiquitous chain	168	50804	13.1					
		IPI00218343	TUBA1C	Tubulin alpha-6 chain	168	50548	13.1					
		IPI00478908	TUBA1C	50 kDa protein	168	50417	23					
3	17	IPI00019088	COL9A2	Collagen alpha-2(IX) chain precursor	32	65319	1.3	1	1	1	5.4	0.0
		IPI00647776	COL9A2	Collagen, type IX, alpha 2	32	7808	10.8					
4	13	IPI00440493	ATP5A1	ATP synthase subunit alpha, mitochondrial precursor	248	59828	6.3	3	6	2	5.4	1.1
		IPI00471928	ATP5A1	18 kDa protein	248	17690	21					
		IPI00549805	ATP5A1	23 kDa protein	248	22943	16.1					
2	19	IPI00013744	ITGA2	Integrin alpha-2 precursor	61	130468	1.9	2	4	2	5.4	0.2
1	3	IPI00019502	MYH9	Myosin-9	538	227515	4.4	7	21	3	5.2	1.4
6	33	IPI00062120	S100A16	Protein S100-A16	48	11851	11.7	1	2	1	5.2	0.0
5	24	IPI00027107	TUFM	Tu translation elongation factor, mitochondrial	65	50185	4.8	2	2	2	5.2	1.2
6	35	IPI00013296	RPS18	40S ribosomal protein S18	44	17577	5.9	1	1	1	5.1	0.0
		IPI00642513	RPS18	PREDICTED: similar to ribosomal protein S18	44	17654	5.9					
3	14	IPI00025417	ZNF45	Zinc finger protein 45	34	80475	1.5	1	2	1	5.0	0.0
		IPI00444117	ZNF45	Zinc finger protein 45	34	62837	1.9					
4	40	IPI00018009	EDC3	Enhancer of mRNA decapping protein 3	39	56784	5.3	3	3	2	4.8	0.2
7	54	IPI00218200	BCAP31	B-cell receptor-associated protein 31	48	34901	2.9	1	1	1	4.8	0.0
		IPI00787597	na	PREDICTED: similar to B-cell receptor-associated protein 31	48	19545	5.1					
7	24	IPI00641950	GNB2L1	Lung cancer oncogene 7	277	38378	8.1	2	6	1	4.7	0.0

band number	protein match number	accession	gene symbol	protein description	protein score	protein mass	protein coverage (%)	unique peptides	MSMS matches	quantified peptides	average ratio	deviation ratio
6	18	IP100784408	GNB2L1	Proliferation-inducing gene 21	277	30237	10.3					
		IP100013917	RPS12	40S ribosomal protein S12	96	14728	7.6	1	5	1	4.7	0.0
		IP100456898	RPS12	PREDICTED: similar to ribosomal protein S12	96	14931	7.4					
		IP100514100	RPS12	Ribosomal protein S12	96	8640	12.7					
6	51	IP100017448	RPS21	40S ribosomal protein S21	33	9220	10.8	1	2	1	4.6	0.0
		IP100387084	RPS21	OTTHUMP0000031487	33	10116	10					
5	3	IP100396485	EEF1A1	Elongation factor 1-alpha 1	533	50451	19.3	9	34	3	4.6	1.3
		IP100472724	EEF1A1.3	Eukaryotic translation elongation factor 1 alpha-like 3	533	50495	19.3					
1	12	IP100442351	TBC1D10A	FLJ00288 protein (Fragment)	30	24641	4.6	1	1	1	4.5	0.0
	72	IP100026154	PRKCSH	Glycosidase 2 subunit beta precursor	31	60228	1.9	1	1	1	4.5	0.0
7	72	IP100419384	PRKCSH	protein kinase C substrate 80K-H isoform 1	31	60357	1.8					
	49	IP100738685	LOC654350	PREDICTED: similar to ribosomal protein L9	35	23526	3	1	1	1	4.4	0.0
4	51	IP100719047	na	Hypothetical protein	35	21861	3.6					
		IP100031691	RPL9	60S ribosomal protein L9	35	21964	3.6					
7	26	IP100297656	CNGB1	cyclic nucleotide gated channel beta 1	31	140502	0.8	1	1	1	4.4	0.0
		IP100646195	CNGB1	Rod photoreceptor CNG-channel beta subunit	31	140004	0.8					
6	7	IP100291005	MDH1	Malate dehydrogenase, cytoplasmic	255	36500	15	4	7	2	4.4	0.2
		IP100477279	LOC646875	PREDICTED: similar to 60S ribosomal protein L12	236	44230	4	1	3	1	4.4	0.0
6	57	IP100026621	na	18 kDa protein	236	18003	9.8					
		IP100746242	na	14 kDa protein	236	14503	12.1					
		IP100024933	RPL12	60S ribosomal protein L12	236	17979	9.7					
		IP100455040	RPL12	RPL12 protein	236	14519	12.1					
		IP100478310	RPL12	PREDICTED: similar to 60S ribosomal protein L12	236	31076	5.7					
		IP100479158	RPL12	Ribosomal protein L12 variant	236	24936	7.1					
		IP100735546	LOC651324	PREDICTED: similar to RAB1, member RAS oncogene family	33	12219	7.3	1	1	1	4.4	0.0
		IP100005719	RAB1A	RAB1A, member RAS oncogene family	33	22891	3.9					
		IP100008964	RAB1B	Ras-related protein Rab-1B	33	22328	4					
		IP100022134	RAB1B	Putative small GTP-binding protein	33	18705	4.9					
5	26	IP100550021	RPL3	60S ribosomal protein L3	47	46234	2	1	2	1	4.3	0.0
		IP100651660	RPL3	ribosomal protein L3 isoform b	47	40298	2.3					
7	53	IP100069693	na	Similar to ribosomal protein L14	49	23500	5.1	1	2	1	4.3	0.0
		IP100739139	na	PREDICTED: similar to 60S ribosomal protein L14 (CAG-ISL 7) isoform 1	49	23358	5.2					
		IP100745587	na	16 kDa protein	49	16511	7.3					
		IP100002821	RPL14	60S ribosomal protein L14	49	23258	5.2					
6	22	IP100555744	RPL14	RPL14 protein	49	23886	5					
		IP100030362	PLP2	Proteolipid protein 2	84	17022	8.6	1	3	1	4.3	0.0
4	19	IP100083751	na	CALRETIICULIN=CALCIUM binding protein (Fragment)	148	24338	12.6	3	7	1	4.3	0.0
	40	IP100046304	PP1B	peptidylhydrol isomerase B precursor	41	23785	6.9	2	5	2	4.3	1.4
7	45	IP100022977	CKB	Creatine kinase B-type	76	42902	7.1	2	3	2	4.2	0.9
	34	IP100220465	LIMA1	Isoform Alpha of LIM domain and actin-binding protein 1	31	67534	5.8	3	3	2	4.2	1.3
2	34	IP100220466	LIMA1	Isoform 3 of LIM domain and actin-binding protein 1	31	51586	7.7					
		IP100008918	LIMA1	Isoform Beta of LIM domain and actin-binding protein 1	31	85630	4.6					
		IP100554786	TXNRD1	Thioredoxin reductase 1, cytoplasmic precursor	54	55470	2.2	1	2	1	4.2	0.0
4	34	IP100743646	TXNRD1	Thioredoxin reductase	54	65159	1.9					
		IP100783641	TXNRD1	KM-102-derived reductase-like factor	54	72077	1.8					
6	1	IP100219219	LGALS1	Galectin-1	466	14917	20	2	15	2	4.2	1.3
	22	IP100180128	BZW1	basic leucine zipper and W2 domains 1	82	40627	2.8	1	2	1	4.2	0.0
5	22	IP100785096	BZW1	PREDICTED: similar to basic leucine zipper and W2 domains 1	82	51420	2.2					
		IP100787155	BZW1L1	PREDICTED: similar to basic leucine zipper and W2 domains 1	82	31979	3.6					
		IP100005681	na	PREDICTED: similar to basic leucine zipper and W2 domains 1	82	32411	3.4					
		IP100163187	FSCN1	Fascin	128	54992	10.1	4	9	2	4.2	1.0
4	23	IP100747810	FSCN1	FSCN1 protein	128	55233	10					
	12	IP100022744	CSE1L	Isoform 1 of Exportin-2	224	111145	2.5	2	4	1	4.1	0.0
7	48	IP100219994	CSE1L	Isoform 3 of Exportin-2	224	108507	2.5					
		IP100023048	EEF1D	Elongation factor 1-delta	60	31086	8.9	2	3	2	4.1	1.2
4	8	IP100064086	EEF1D	EEF1D protein	60	28654	9.7					
		IP100642971	EEF1D	eukaryotic translation elongation factor 1 delta isoform 1	60	71820	3.9					
		IP100100137	na	Elongation factor 1-delta (EF-1-delta) (Antigen NY-CO-4) isoform	60	31281	8.8					
		IP100220644	PKM2	Isoform M1 of Pyruvate kinase isozymes M1/M2	364	58407	11.7	6	15	3	4.1	2.0
7	40	IP100479186	PKM2	pyruvate kinase 3 isoform 1	364	58470	10.2					
		IP100783061	PKM2	58 kDa protein	364	58542	11.6					
		IP100784179	PKM2	58 kDa protein	364	58474	11.7					
		IP100001734	PSAT1	Isoform 1 of Phosphoserine aminotransferase	102	40796	9.9	4	7	4	4.1	1.5
7	22	IP100219478	PSAT1	Isoform 2 of Phosphoserine aminotransferase	102	35508	12.7					
		IP100337418	GNAI1	Guanine nucleotide-binding protein G(i), alpha-1 subunit	327	40774	24.3	6	17	2	4.0	0.6
2	13	IP100746986	na	41 kDa protein	327	41108	23					
		IP100024067	CLTC	clathrin heavy chain 1	184	193260	3.3	5	11	3	4.0	0.1
2	7	IP100455383	CLTC	Isoform 2 of Clathrin heavy chain 1	184	189407	3.4					
		IP100028931	DSG2	Desmoglein 2	338	123016	6.4	6	14	5	4.0	1.7
6	63	IP100291006	MDH2	Malate dehydrogenase, mitochondrial precursor	83	35965	8.9	2	3	2	4.0	1.1
		IP100022314	SOD2	Superoxide dismutase [Mn], mitochondrial precursor	30	24878	4.1	1	1	1	4.0	0.0
		IP100607577	SOD2	manganese superoxide dismutase isoform B precursor	30	20882	4.9					
		IP100786865	SOD2	manganese superoxide dismutase isoform A precursor	30	24906	4					
7	62	IP100019755	GSTO1	Glutathione transferase omega-1	38	27833	4.1	1	1	1	4.0	0.0
		IP100642936	GSTO1	Glutathione S-transferase omega 1	38	23554	5					
4	20	IP100152418	CD55	Decay-accelerating factor splicing variant 4	141	57209	11.8	7	18	3	4.0	0.5
		IP100216550	CD55	Isoform 1 of Complement decay-accelerating factor precursor	141	49713	14.1					
		IP100292069	CD55	Isoform 2 of Complement decay-accelerating factor precursor	141	42400	16.3					
		IP100382926	CD55	Decay-accelerating factor splicing variant 5	141	60025	11.3					
		IP100647119	CD55	Decay accelerating factor for complement	141	39992	17.3					
		IP100783145	CD55	Decay-accelerating factor splicing variant 3	141	42899	16.1					
		IP100784169	CD55	Decay-accelerating factor splicing variant 1	141	49566	14.1					
		IP100219217	LDHB	L-lactate dehydrogenase B chain	847	36769	25.4	8	27	2	4.0	1.4
7	31	IP100010779	TPM4	Tropomyosin 4	152	28619	9.7	2	4	2	3.9	0.6

band number	protein match number	accession	gene symbol	protein description	protein score	protein mass	protein coverage (%)	unique peptides	MSMS matches	quantified peptides	average ratio	deviation ratio	
4	21	IP100297779	CCT2	T-complex protein 1 subunit beta	134	57663	2.2	1	3	1	3.9	0.0	
5	32	IP100171897	SIGLEC6	Sialic acid binding Ig-like lectin 6 precursor	36	50451	1.7	1	1	1	3.9	0.0	
		IP100394840	SIGLEC6	sialic acid binding Ig-like lectin 6 isoform 2 precursor	36	48793	1.8						
		IP100394841	SIGLEC6	Isoform 2 of Sialic acid-binding Ig-like lectin 6 precursor	36	39297	2.2						
6	38	IP100027350	PRDX2	Peroxisiredoxin-2	42	21918	9.1	2	3	2	3.9	1.2	
		IP100375400	PRDX2	16 kDa protein	42	16149	12.3						
2	25	IP100004503	LAMP1	lysosomal-associated membrane protein 1	52	45367	2.2	1	2	1	3.9	0.0	
		IP100556653	LAMP1	LAMP1 protein variant (Fragment)	52	42657	2.3						
6	13	IP100397808	LOC388720	PREDICTED: similar to ubiquitin and ribosomal protein S27a precursor	170	18355	11.5	2	8	2	3.8	1.8	
		IP100179330	RPS27A UBB UBC	ubiquitin and ribosomal protein S27a precursor	170	18296	11.5						
		IP100783060	RPS27A UBB UBC	Ubiquitin	170	8560	23.1						
		IP100783778	RPS27A UBB UBC	40S ribosomal protein S27a	170	15687	12.6						
		IP100719280	RPS27A UBB UBC	ubiquitin B precursor	170	25803	7.9						
		IP100743241	RPS27A UBB UBC	44 kDa protein	170	43618	4.6						
		IP100743650	RPS27A UBB UBC	44 kDa protein	170	43650	4.6						
		IP100744274	RPS27A UBB UBC	44 kDa protein	170	43640	4.6						
		IP100787573	RPS27A UBB UBC	PREDICTED: similar to Ubiquitin-63E CG11624-PA, isoform A	170	77464	2.6						
		IP100784990	RPS27A UBB UBC	ubiquitin C	170	76982	11.8						
		IP100456429	UBA52	ubiquitin and ribosomal protein L40 precursor	170	15004	14.1						
5	14	IP100654777	EIF3F	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit 5	130	39236	4.6	1	2	1	3.8	0.0	
6	50	IP100026271	RPS14	40S ribosomal protein S14	34	16303	8.6	1	1	1	3.8	0.0	
4	7	IP100020599	CALR	Calreticulin precursor	375	48283	13.2	5	17	2	3.7	0.6	
4	41	IP100025094	MYH16	Gene_Symbol=MYH16 cDNA: FLJ22037 fs, clone HEP08868 (Fragment)	39	87054	0.7	1	2	1	3.7	0.0	
		IP100009812	TLR7	Gene_Symbol=TLR7 Toll-like receptor 7	39	12384	18.5						
2	2	IP100186290	EEF2	Elongation factor 2	738	96115	14.6	11	29	7	3.7	1.3	
3	8	IP100414676	HSP90AB1	Heat shock protein HSP 90-beta	96	83423	4.7	4	8	2	3.7	0.9	
		IP100334775	na	Hypothetical protein DKFZp761K0511	96	85189	4.4						
7	1	IP100219018	GAPDH	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase	2481	36070	48.1	12	64	2	3.7	0.4	
5	9	IP100012007	AHCY	Adenosylhomocysteinase	189	48124	8.1	3	6	3	3.7	1.2	
7	19	IP100329801	ANXA5	Annexin A5	714	35840	22.2	6	14	1	3.6	0.0	
7	4	IP100021263	YWHAZ	14-3-3 protein zeta/delta	1850	27899	41.6	8	42	2	3.6	0.7	
6	5	IP100220362	HSP61	10 kDa heat shock protein, mitochondrial	257	10794	33.3	3	8	3	3.6	1.1	
6	28	IP100555956	PSMB4	Proteasome subunit beta type 4 precursor	57	29230	6.8	2	6	2	3.6	0.9	
6	59	IP100429190	RAB11A	Ras-related protein Rab-11A	32	24361	7.3	2	3	1	3.6	0.0	
		IP100020436	RAB11B	Ras-related protein Rab-11B	32	24456	8.7						
5	6	IP100025491	EHF4A1	Eukaryotic initiation factor 4A-1	245	46353	14	4	8	3	3.6	2.0	
		IP100386604	EHF4A1	Hypothetical protein (Fragment)	245	51913	12.1						
		IP10055602	EHF4A1	CD68 antigen variant (Fragment)	245	42846	28.5						
7	46	IP100022202	SLC25A3	Isoform A of Phosphate carrier protein, mitochondrial precursor	68	40525	3.3	1	2	1	3.6	0.0	
		IP100215777	SLC25A3	Isoform B of Phosphate carrier protein, mitochondrial precursor	68	40389	3.3						
3	3	IP100003362	HSPA5	heat shock 70kDa protein 5 (glucose-regulated protein, 78kDa)	171	72492	7.9	6	17	1	3.6	0.0	
2	32	IP100297160	CD44	CD44 antigen isoform 4 precursor	34	39904	2.8	1	1	1	3.6	0.0	
		IP100305064	CD44	Isoform CD44 of CD44 antigen precursor	34	82017	1.3						
		IP100418465	CD44	CD44 antigen isoform 2 precursor	34	77078	1.4						
		IP100419219	CD44	CD44 antigen isoform 3 precursor	34	53891	2						
		IP100027626	CCT6A	T-complex protein 1 subunit zeta	39	58313	1.7	1	1	1	3.6	0.0	
IP100552590	CCT6A	chaperonin containing TCP1, subunit 6A isoform b	39	53711	1.9								
6	2	IP100221232	GNMG12	Guanine nucleotide-binding protein G(I)/G(S)/G(O) gamma-12 subunit precursor	448	7984	29.2	2	11	3	3.6	1.2	
7	25	IP100178083	TPM3	Topomoyosin 3	271	29346	13.5	3	7	3	3.5	1.0	
		IP100218119	TPM3	Topomoyosin 3	271	29243	14.5						
		IP100382894	TPM3	Topomoyosin 3 isoform 3	271	29019	14.5						
		IP100477649	TPM3	topomoyosin 3 isoform 5	271	28890	14.6						
		IP100479185	TPM3	topomoyosin 3 isoform 4	271	29024	14.5						
		IP100642042	TPM3	Hypothetical protein DKFZp686l1372	271	27386	15.5						
		IP100026268	GNB1	Guanine nucleotide-binding protein G(I)/G(S)/G(T) subunit beta 1	195	38020	23.2	8	17	2	3.5	0.1	
		IP100642117	GNB1	Beta-subunit signal transducing proteins GS/GI	195	36764	24.2						
2	10	IP100383581	GANAB	Isoform 1 of Neutral alpha-glucosidase AB precursor	253	107263	9.4	10	24	5	3.5	1.4	
		IP100472068	GANAB	107 kDa protein	253	107236	9.6						
7	74	IP100010896	CLIC1	Chloride intracellular channel protein 1	30	27117	7.5	2	2	2	3.5	0.6	
		IP100646484	na	Chloride intracellular channel 1	30	26509	7.5						
7	29	IP100152151	FAM122B*	CDNA FLJ44003 fis, clone TEST14022936	202	29310	6	1	5	1	3.5	0.0	
		IP100446175	FAM122B*	CDNA FLJ42659 fis, clone BRAMY2003008	202	27364	6.6						
		IP100743542	FAM122B*	8 kDa protein	202	7511	24.6						
		IP100749302	FAM122B*	Hypothetical protein DKFZp686L20116	202	27226	6.5						
6	43	IP100027463	SI00-046	Protein SI00-046	219	10030	16.7	2	2	2	3.5	1.6	
7	27	IP100399036	hCG_198468	similar to 40S ribosomal protein SA (p40) (34/67 kDa laminin receptor)	255	33028	9.8	2	4	1	3.5	0.0	
		IP100398958	LOC387867	Ribosomal protein SA	255	32977	9.8						
		IP100745789	RP11-556K13.1	similar to 40S ribosomal protein SA (p40) (34/67 kDa laminin receptor)	255	32808	9.9						
		IP100413108	RPSA	33 kDa protein	255	33002	9.7						
		IP100456731	RPSA	hypothetical protein LOC388524	255	33007	9.7						
		IP100553164	RPSA	40S ribosomal protein SA	255	32816	9.8						
		IP100411639	RPSA15	Laminin receptor-like protein LAMRL5	255	33089	9.8						
		IP100000874	PRDX1	Peroxisiredoxin-1	242	22324	26.6	6	17	3	3.4	0.5	
IP100640741	PRDX1	19 kDa protein	242	19135	31								
2	18	IP100021290	ACLY	ATP-citrate synthase	79	121660	2.5	2	5	2	3.4	1.5	
		IP100394838	ACLY	ATP citrate lyase isoform 2	79	120608	2.4						
		IP100640847	ACLY	ATP citrate lyase isoform 1	79	121674	2.4						
7	52	IP100216587	RPS8	40S ribosomal protein S8	49	24344	7.2	1	2	1	3.4	0.0	
		IP100645201	RPS8	Ribosomal protein S8	49	22094	8						
1	6	IP100786995	LOC731751	PREDICTED: similar to protein kinase, DNA-activated, catalytic polypeptide	113	470127	1.8	6	7	4	3.4	1.8	
		IP100296337	PRKDC	Isoform 1 of DNA-dependent protein kinase catalytic subunit	113	473749	1.7						
		IP100376215	PRKDC	Isoform 2 of DNA-dependent protein kinase catalytic subunit	113	470163	1.8						
7	42	IP100465431	LGALS3	Galectin-3	84	26098	8.4	2	4	2	3.3	0.1	
5	2	IP100465248	ENO1	enolase 1	1481	47481	31.8	15	71	7	3.3	1.2	

band number	protein match number	accession	gene symbol	protein description	protein score	protein mass	protein coverage (%)	unique peptides	MSMS matches	quantified peptides	average ratio	deviation ratio
5	1	PI00169383	PGK1	Phosphoglycerate kinase 1	1789	44854	35.7	14	59	4	3.3	0.6
7	36	PI00554788 PI00784347	KRT18 KRT18	49 kDa protein Keratin, type I cytoskeletal 18	126 126	48793 47897	4.9 4.8	2	4	2	3.3	0.8
7	10	PI00018146	YWHAQ	14-3-3 protein theta	933	28032	24.5	6	27	2	3.3	1.2
7	59	PI00413641	AKR1B1	Aldose reductase	40	36099	5.1	2	2	2	3.3	0.6
5	25	PI00027438	FLOT1	Flotillin-1	54	47554	7.3	3	3	3	3.3	1.5
4	49	PI00470711	EFR3A	EFR3 homolog A (S. cerevisiae)	33	89430	1	1	1	1	3.2	0.0
7	2	PI00418169	ANXA2	annexin A2 isoform 1	2463	40671	47.3	15	64	2	3.2	0.2
		PI00455315	ANXA2	Annexin A2	2463	38677	49.9					
7	14	PI00465028	TP1*	Triosephosphate isomerase	856	30802	28.7	8	26	2	3.2	0.8
7	73	PI00219617	PRPS2	Ribose-phosphate pyrophosphokinase II	30	35015	1.9	1	1	1	3.2	0.0
		PI00718888	PRPS2	phosphoribosyl pyrophosphate synthetase 2 isoform 1	30	35431	1.9					
7	16	PI00220642	YWHAQ	14-3-3 protein gamma	841	28325	20.2	5	24	2	3.2	0.3
4	36	PI00010676	PLAUR	Isoform 1 of Urokinase plasminogen activator surface receptor precursor	44	38607	3.6	1	1	1	3.1	0.0
		PI00215706	PLAUR	Isoform 2 of Urokinase plasminogen activator surface receptor precursor	44	32782	4.3					
		PI00215707	PLAUR	Isoform 3 of Urokinase plasminogen activator surface receptor precursor	44	33378	4.1					
2	3	PI00006482	ATP1A1	Isoform Long of Sodium/potassium-transporting ATPase alpha-1 chain precursor	443	114135	9.6	9	17	3	3.1	2.2
6	3	PI00216691	PFN1	Profilin-1	323	15085	23.6	3	12	3	3.1	0.8
6	37	PI00550363	TAGLN2	Transgelin-2	42	22417	5.5	1	1	1	3.1	0.0
		PI00644531	TAGLN2	21 kDa protein	42	21244	5.9					
		PI00647915	TAGLN2	24 kDa protein	42	24609	5					
5	27	PI00029625	FLOT2	flotillin 2	44	47434	4.6	2	2	2	3.1	1.4
4	30	PI00002927	CT74	T-complex protein 1 subunit delta	71	58750	4.3	2	3	1	3.1	0.0
6	27	PI00215780	RPS19	60S ribosomal protein S19	59	15919	6.2	1	1	1	3.1	0.0
4	24	PI00002520	SHMT2	Serine hydroxymethyltransferase, mitochondrial precursor	124	56414	8.9	5	8	3	3.1	0.5
		PI00748411	SHMT2	SHMT2 protein (Fragment)	124	53561	8.8					
4	22	PI00306959	KRT17	Keratin, type II cytoskeletal 7	130	51312	9.2	4	6	3	3.1	0.7
7	41	PI00171199	PSMA3	Isoform 2 of Proteasome subunit alpha type 3	98	27277	4.8	1	2	1	3.0	0.0
		PI00419249	PSMA3	proteasome alpha 3 subunit isoform 1	98	28643	4.7					
4	9	PI00011200	PHGDH	D-3-phosphoglycerate dehydrogenase	317	57225	10.7	4	8	2	3.0	0.2
5	10	PI00171438	TXNDC5	Thioredoxin domain-containing protein 5 precursor	188	48283	5.8	2	7	1	3.0	0.0
		PI00395646	TXNDC5	thioredoxin domain containing 5 isoform 2	188	44440	6.4					
6	4	PI00011302	CD59	CD59 glycoprotein precursor	312	14795	25	3	17	3	3.0	0.3
6	25	PI00024919	PRDX3	Thioredoxin-dependent peroxide reductase, mitochondrial precursor	61	28017	4.3	1	3	1	3.0	0.0
		PI00374151	PRDX3	peroxiredoxin 3 isoform b	61	26107	4.6					
7	28	PI00023748	NACA	Nascent polypeptide-associated complex subunit alpha	219	23370	7	1	3	1	3.0	0.0
2	21	PI00009342	IQGAP1	Ras G1Pase-activating-like protein IQGAP1	60	189761	1	1	1	1	3.0	0.0
2	22	PI00007402	IPO7	120 kDa protein	59	120936	0.9	1	2	1	3.0	0.0
		PI00784008	IPO7	Impartin-7	59	120751	0.8					
2	28	PI00013452	EPRS	glutamyl-prolyl tRNA synthetase	39	172080	2.1	2	2	1	3.0	1.9
3	7	PI00643920	TKT	Transketolase	102	68519	7	5	13	3	3.0	0.4
6	32	PI00375704	PSMB5	Hypothetical protein DKFzP68610180 (Fragment)	48	28962	6.8	2	4	2	2.9	0.0
		PI00479306	PSMB5	proteasome beta 5 subunit	48	28633	6.8					
3	13	PI00016066	BXDC1	Brix domain-containing protein 1	35	33108	1.8	1	2	1	2.9	0.0
		PI00396329	BXDC1	Brix domain-containing protein 1	35	35731	2					
		PI00007219	CYP2C9	Cytochrome P450 2C9	35	56333	1.2					
4	46	PI00302925	CCT8	Chaperonin containing TCP1, subunit 8	34	60311	1.6	1	1	1	2.9	0.0
		PI00784090	CCT8	T-complex protein 1 subunit theta	34	60022	1.6					
6	12	PI00012048	NME1 NME2	Nucleoside diphosphate kinase A	178	17309	34.2	4	19	3	2.9	0.2
		PI00375531	NME1 NME2	non-metastatic cells 1, protein (NM23A) expressed in isoform a	178	19669	29.4					
6	36	PI00743317	na	Similar to 60S ribosomal protein L31	44	5490	18.8	1	1	1	2.9	0.0
		PI00787579	na	PREDICTED: similar to ribosomal protein L31	44	6002	16.5					
		PI00026302	RPL31	60S ribosomal protein L31	44	14454	7.2					
2	5	PI00027230	HSP90B1	Endoplasmic precursor	391	92696	12	8	16	6	2.9	0.5
4	26	PI00007750	TUBA4A	Tubulin alpha-1 chain	99	50634	12.9	6	14	3	2.9	0.5
7	5	PI00217966	LDHA	lactate dehydrogenase A	1552	36950	36.7	14	58	3	2.8	0.5
6	30	PI00395906	MGC59937	Similar to RIKEN cDNA 2310002J15 gene	53	16300	16.7	2	2	2	2.8	1.9
6	17	PI00221222	SUB1	SUB1 homolog (S. Cerevisiae)	102	14255	8.7	1	2	1	2.8	0.0
4	37	PI00329572	PACSN3	49 kDa protein	43	48901	3.8	1	2	1	2.8	0.0
		PI00783170	PACSN3	Protein kinase C and casein kinase substrate in neurons protein 3	43	48799	3.6					
7	51	PI00305551	GNA11	Guanine nucleotide-binding protein subunit alpha-11	53	42382	4.2	1	1	1	2.8	0.0
7	12	PI00000816	YWHAQ	14-3-3 protein epsilon	863	29326	43.1	9	33	2	2.8	1.4
6	11	PI00026260	NME2	Nucleoside diphosphate kinase B	181	17401	37.5	5	21	4	2.8	0.4
		PI00064590	NME2	NME1-NME2 protein	181	32906	19.5					
7	44	PI00025312	HSPB1*	Heat-shock protein beta-1	79	22826	13.2	2	2	2	2.7	2.0
7	35	PI00453476	PGAM1	Phosphoglycerate mutase 1	130	29003	26.4	4	8	3	2.7	0.5
		PI00549725	PGAM1	Phosphoglycerate mutase 1	130	28769	26.4					
		PI00740800	PGAM1	Phosphoglycerate mutase 1	130	25978	28.4					
7	8	PI00216318	YWHAQ	tyrosine 3-monooxygenase/tryptophan 5-monooxygenase activation protein	1199	28179	36.6	8	35	2	2.7	0.7
		PI00759832	YWHAQ	Isoform Short of 14-3-3 protein beta/alpha	1199	27947	36.9					
6	42	PI00375511	RPL15	26 kDa protein	40	25829	3.8	1	1	1	2.7	0.0
		PI00470528	RPL15	60S ribosomal protein L15	40	24114	4.4					
		PI00550032	RPL15	OTTUMP0000016039	40	24273	4.4					
2	11	PI00645078	UBA1	Ubiquitin-activating enzyme E1	248	118858	7.6	6	14	4	2.7	1.0
5	16	PI00299571	PDIA6	similar to Protein disulfide isomerase A6	109	54408	3.5	1	2	1	2.7	0.0
		PI00644989	PDIA6	Protein disulfide-isomerase A6 precursor	109	48490	3.9					
4	3	PI00007752	TUBB2C	Tubulin beta-2C chain	608	50255	25.8	10	30	3	2.7	0.1
4	4	PI00011654	TUBB	Tubulin beta-2 chain	485	50995	22.5	9	26	3	2.7	0.1
1	5	PI00026781	FASN	fatty acid synthase	231	275850	4.6	10	14	4	2.7	0.7
		PI00645907	FASN	fatty acid synthase	231	275877	4.6					
6	58	PI00168831	SAMSN1	Isoform 2 of SAM domain-containing protein SAMSN-1	32	23623	2.9	1	1	1	2.7	0.0
		PI00185526	SAMSN1	SAM-domain protein SAMSN-1	32	50193	1.7					
		PI00339277	SAMSN1	Isoform 1 of SAM domain-containing protein SAMSN-1	32	41967	1.6					
		PI00782942	SAMSN1	59 kDa protein	32	59635	1.1					

band number	protein match number	accession	gene symbol	protein description	protein score	protein mass	protein coverage (%)	unique peptides	MSMS matches	quantified peptides	average ratio	deviation ratio
1	4	PII00783644	SAMSN1	61 kDa protein	32	61716	1.1					
		PII00021812	AHNAK	Neuroblast differentiation-associated protein AHNAK (Fragment)	472	312580	1.9	11	25	3	2.7	0.5
		PII00555610	AHNAK	Neuroblast differentiation-associated protein AHNAK (Fragment)	472	312619	3.8					
7	9	PII00441498	FOLR1	Folate receptor alpha precursor	1140	30712	27.2	6	35	3	2.7	1.1
5	31	PII00013847	UQCRC1	Ubiquinol-cytochrome-c reductase complex core protein 1	37	53297	2.5	1	2	1	2.6	0.0
7	65	PII00019976	CCDC85B	Delta-interacting protein A	35	22419	3.5	1	4	1	2.6	0.0
5	19	PII00303882	M6PRBP1	Isoform B of Mannose-6-phosphate receptor-binding protein 1	92	47189	6.5	2	2	2	2.6	0.0
3	12	PII00219365	MSN	Moessin	42	67761	5	3	4	3	2.6	0.3
6	15	PII00000811	PSMB6	Proteasome subunit beta type 6 precursor	136	25570	13	3	6	3	2.6	0.5
4	16	PII00437102	HSPD1	Heat shock protein 60	163	61346	15.1	7	10	2	2.6	0.2
		PII00784154	HSPD1	60 kDa heat shock protein, mitochondrial precursor	163	61187	14.7					
2	14	PII00022462	TERC	Transferin receptor protein 1	175	85274	5	2	8	3	2.6	1.0
4	11	PII00010796	P4HB	Protein disulfide-isomerase precursor	292	57480	7.3	3	6	3	2.6	0.4
7	34	PII00293427	ZNRF2*	zinc finger/RING finger 2	134	24613	18.6	2	4	2	2.6	0.2
2	31	PII00217240	WDR75	WD repeat protein 75	34	95921	1.3	1	1	1	2.6	0.0
6	9	PII00024915	PRDX5	Isoform Mitochondrial of Peroxiredoxin-5, mitochondrial precursor	201	22298	7.9	1	4	1	2.6	0.0
		PII00375306	PRDX5	peroxiredoxin 5 precursor, isoform b	201	17611	10					
		PII00375307	PRDX5	peroxiredoxin 5 precursor, isoform c	201	13000	13.6					
		PII00759663	PRDX5	Isoform Cytoplasmic+peroxisomal of Peroxiredoxin-5, mitochondrial precursor	201	17191	10.5					
7	11	PII00220578	GNAI3	Guanine nucleotide-binding protein (Gk) subunit alpha	890	40945	33.1	9	29	1	2.6	0.0
3	10	PII00012079	EIF4B	Eukaryotic translation initiation factor 4B	46	69240	2.1	1	1	1	2.6	0.0
		PII00439415	EIF4B	eukaryotic translation initiation factor 4B	46	69167	2.1					
6	10	PII00335168	MYL6	myosin, light polypeptide 6, alkali, smooth muscle and non-muscle isoform 1	200	17090	15.9	2	8	2	2.6	1.0
		PII00744444	MYL6	myosin, light chain 6B, alkali, smooth muscle and non-muscle	200	17513	15.1					
		PII00027255	MYL6B	Myosin light polypeptide 6B	200	22864	11.5					
		PII00413922	MYL6B	Isoform Smooth muscle of Myosin light polypeptide 6	200	16990	24.7					
6	16	PII00219153	RPL22	60S ribosomal protein L22	131	14704	10.2	1	2	1	2.5	0.0
		PII00787417	RPL22	PREDICTED: similar to 60S ribosomal protein L22	131	8183	17.5					
7	17	PII00218918	ANXA1	Annexin A1	769	38787	29.8	7	15	2	2.5	0.6
5	23	PII00020632	ASS1	ArgininosuccinAte synthetase	74	51184	6.4	4	7	3	2.5	0.2
3	4	PII00554711	JUP	Junction plakoglobin	162	82245	5.2	3	5	2	2.5	1.2
5	13	PII00025366	CS	Citrate synthase, mitochondrial precursor	134	51908	6.7	3	7	3	2.5	0.4
		PII00383539	CS	citrate synthase precursor, isoform b	134	44846	7.4					
4	47	PII00478832	FBF1	FBF1 protein	33	91098	1.1	1	1	1	2.5	0.0
		PII00480024	FBF1	PREDICTED: similar to Fas (TNFRSF6) binding factor 1 isoform 3	33	125811	0.8					
		PII00647873	FBF1	90 kDa protein	33	90436	1.1					
		PII00787675	FBF1	FL00103 protein (Fragment)	33	71284	15.1					
		PII00738597	na	PREDICTED: similar to Fas (TNFRSF6) binding factor 1 isoform 5	33	92551	1.1					
2	15	PII00027442	AARS	Alanyl-tRNA synthetase, cytoplasmic	128	107484	6.8	5	7	4	2.5	0.5
		PII00784131	AARS	107 kDa protein	128	107384	6.8					
6	39	PII00514952	FRMD4A	Novel protein	41	60677	4	2	2	1	2.4	0.0
		PII00644865	FRMD4A	Novel protein	41	115958	2					
		PII00748339	FRMD4A	114 kDa protein	41	114419	2.1					
7	50	PII00218373	na	Isoform 4 of Proteasome subunit alpha type 7	53	18642	8.3	1	2	1	2.4	0.0
		PII00647838	na	Proteasome subunit alpha type	53	16467	9.4					
		PII00024175	PSMA7	Isoform 1 of Proteasome subunit alpha type 7	53	28041	5.6					
		PII00218372	PSMA7	Isoform 2 of Proteasome subunit alpha type 7	53	20238	7.9					
		PII00647380	PSMA7	OPTHUMP0000031453	53	21315	7.3					
		PII00154509	PSMA8	Isoform 1 of Proteasome subunit alpha type 7-like	53	28683	5.5					
		PII00219950	PSMA8	Isoform 2 of Proteasome subunit alpha type 7-like	53	23745	6.6					
		PII00748423	PSMA8	Isoform 3 of Proteasome subunit alpha type 7-like	53	27997	5.6					
1	2	PII00302592	FLNA	Filamin A, alpha	602	282580	5	10	21	3	2.4	0.4
		PII00333541	FLNA	Filamin-A	602	283192	5					
		PII00644576	FLNA	Filamin A, alpha	602	279115	5.1					
3	16	PII00164387	KCNMA1	Isoform 5 of Calcium-activated potassium channel subunit alpha 1	32	132568	0.5	1	2	1	2.4	0.0
		PII00410168	KCNMA1	Isoform 2 of Calcium-activated potassium channel subunit alpha 1	32	137176	0.5					
		PII00410169	KCNMA1	Isoform 3 of Calcium-activated potassium channel subunit alpha 1	32	139994	0.5					
		PII00410170	KCNMA1	Isoform 4 of Calcium-activated potassium channel subunit alpha 1	32	135929	0.5					
		PII00410173	KCNMA1	Isoform 7 of Calcium-activated potassium channel subunit alpha 1	32	139976	0.5					
		PII00426186	KCNMA1	Potassium large conductance calcium-activated channel, subfamily M, alpha 1	32	135498	0.5					
		PII00478411	KCNMA1	Isoform 1 of Calcium-activated potassium channel subunit alpha 1	32	139880	0.5					
		PII00642051	KCNMA1	Potassium large conductance calcium-activated channel, subfamily M, alpha 1	32	134470	0.5					
		PII00642598	KCNMA1	Potassium large conductance calcium-activated channel, subfamily M, alpha 1	32	133053	0.5					
		PII00644665	KCNMA1	Potassium large conductance calcium-activated channel, subfamily M, alpha 1	32	133713	0.5					
		PII00645064	KCNMA1	Potassium large conductance calcium-activated channel, subfamily M, alpha 1	32	133821	0.5					
		PII00645602	KCNMA1	Potassium large conductance calcium-activated channel, subfamily M, alpha 1	32	132457	0.5					
		PII00645778	KCNMA1	Potassium large conductance calcium-activated channel, subfamily M, alpha 1	32	139951	0.5					
		PII00647276	KCNMA1	Potassium large conductance calcium-activated channel, subfamily M, alpha 1	32	137349	0.5					
5	20	PII00305383	UQCRC2	Ubiquinol-cytochrome-c reductase complex core protein 2	90	48584	3.5	1	2	1	2.4	0.0
7	67	PII00442228	WDR27	CDNA FLJ16563 fis. clone SYNOV4005739	33	24061	4.2	1	1	1	2.4	0.0
		PII00443642	WDR27	CDNA FLJ46815 fis. clone TRACH3036897	33	28063	3.6					
7	6	PII00465439	ALDOA	Fructose-bisphosphate aldolase A	1323	39720	43.4	13	40	2	2.4	0.3
3	1	PII00007765	HSPA9	Stress-70 protein, mitochondrial precursor	195	73920	3.7	2	5	2	2.4	0.3
4	5	PII00657680	na	55 kDa protein	437	55328	18.5	9	24	2	2.4	0.1
4	5	PII00025252	PDI3A	Protein disulfide-isomerase A3 precursor	437	57146	18.4	9	24	2	2.4	0.1
6	26	PII00298547	PARK7	Protein DJ-1	60	20050	20.6	3	3	2	2.4	1.9
6	19	PII00024920	ATPSD	ATP synthase delta chain, mitochondrial precursor	86	17479	8.3	1	1	1	2.4	0.0
5	7	PII00010157	MAT2A	S-adenosylmethionine synthetase isoform type-2	210	43975	7.6	2	6	2	2.3	0.6
4	6	PII00299024	BASP1	Brain acid soluble protein 1	419	23540	54.2	6	22	2	2.3	0.2
2	4	PII00011062	CPS1	Isoform 1 of Carbamoyl-phosphate synthase [ammonia], mitochondrial precursor	414	165975	7	10	24	3	2.3	1.9
6	54	PII00170796	VPS29	Isoform 1 of Vacuolar protein sorting 29	33	20664	5.5	1	1	1	2.3	0.0
		PII00184284	VPS29	Isoform 2 of Vacuolar protein sorting 29	33	21085	5.4					
4	2	PII00303476	ATPSB	ATP synthase subunit beta, mitochondrial precursor	744	56525	15.1	6	21	3	2.3	0.6
6	24	PII00783862	BLVRB	Flavin reductase	63	22088	4.9	1	4	1	2.3	0.0

band number	protein match number	accession	gene symbol	protein description	protein score	protein mass	protein coverage (%)	unique peptides	MSMS matches	quantified peptides	average ratio	deviation ratio
		IPI00219910	na	23 kDa protein	63	22751	4.8					
5	29	IPI00013122	CDC37	Hsp90 co-chaperone Cdc37	40	44953	2.4	1	2	1	2.2	0.0
6	48	IPI00219622	PSMA2	Proteasome subunit alpha type 2	35	25865	3	1	1	1	2.2	0.0
5	5	IPI00000875	EEF1G	Elongation factor 1-gamma	276	50298	13.8	7	13	4	2.2	0.4
		IPI00747497	EEF1G	50 kDa protein	276	50326	15.4					
7	37	IPI00024095	ANXA3	Annexin A3	126	36393	12.4	3	3	3	2.2	0.6
		IPI00745868	ANXA3	36 kDa protein	126	36623	12.4					
1	1	IPI00289334	FLNB	Isoform 1 of Filamin-B	1234	280188	12.5	27	58	3	2.1	0.2
		IPI00382696	FLNB	Isoform 2 of Filamin-B	1234	277637	12.6					
		IPI00477536	FLNB	Filamin B	1234	278875	12.6					
2	16	IPI00002966	HSPA4	Heat shock 70 kDa protein 4	105	95096	1.5	1	2	1	2.1	0.0
4	29	IPI00290770	CCT3	chaperonin containing TCP1, subunit 3 isoform b	76	60994	4.2	2	2	2	2.1	0.5
		IPI00552715	CCT3	chaperonin containing TCP1, subunit 3 isoform c	76	56908	4.5					
		IPI00553185	CCT3	T-complex protein 1 subunit gamma	76	61066	4.2					
		IPI00744315	na	60 kDa protein	76	60934	4.2					
7	3	IPI00021439	ACTB	Actin, cytoplasmic 1	2124	42052	53.6	16	91	2	2.1	0.7
		IPI00021440	ACTG1	Actin, cytoplasmic 2	2124	42108	53.6					
2	6	IPI00291802	LMO7*	Isoform 3 of LIM domain only protein 7	387	154616	6.2	7	21	3	2.1	0.6
		IPI00409590	LMO7*	Isoform 1 of LIM domain only protein 7	387	194016	4.9					
		IPI00409591	LMO7*	Isoform 2 of LIM domain only protein 7	387	191799	5					
		IPI00409593	LMO7*	Isoform 4 of LIM domain only protein 7	387	186028	5.1					
2	9	IPI00012837	KIF5B	Kinesin heavy chain	265	110358	8.7	7	14	4	2.1	0.7
		IPI00472558	KIF5B	110 kDa protein	265	110331	8.4					
7	60	IPI00008986	SLC7A5	Large neutral amino acids transporter small subunit 1	40	55659	3.6	1	2	1	2.1	0.0
4	12	IPI00554648	KRT8	Keratin, type II cytoskeletal 8	292	53540	16.1	8	19	2	2.0	0.7
4	54	IPI00021692	MBNL1	Isoform EXP42 of Muscleblind-like protein	29	42531	2.1	1	1	1	2.0	0.0
		IPI00178116	MBNL1	muscleblind-like 1 isoform e	29	34987	2.5					
		IPI00218263	MBNL1	Isoform EXP40 of Muscleblind-like protein	29	40546	2.2					
		IPI00384261	MBNL1	Muscleblind-like protein EXP40s	29	37951	2.3					
		IPI00395357	MBNL1	muscleblind-like 1 isoform a	29	41764	2.1					
		IPI00410205	MBNL1	Isoform EXP35 of Muscleblind-like protein	29	33770	2.6					
		IPI00410279	MBNL1	muscleblind-like 1 isoform g	29	37905	2.3					
5	18	IPI00217223	PAICS	Multifunctional protein ADE2	100	50389	2.7	1	2	1	2.0	0.0
7	18	IPI00216319	YWHAH	14-3-3 protein eta	723	28241	16.3	4	21	1	2.0	0.0
4	31	IPI00005859	KRT75	Cytokeratin type II	62	59753	4.8	2	3	1	1.9	0.0
3	9	IPI00152418	CD55	Decay-accelerating factor splicing variant 4	48	57209	3.2	2	4	2	1.8	0.4
		IPI00216550	CD55	Isoform 1 of Complement decay-accelerating factor precursor	48	49713	3.9					
		IPI00292069	CD55	Isoform 2 of Complement decay-accelerating factor precursor	48	42400	4.5					
		IPI00382926	CD55	Decay-accelerating factor splicing variant 5	48	60027	3.1					
		IPI00647119	CD55	Decay accelerating factor for complement	48	39922	4.7					
		IPI00783145	CD55	Decay-accelerating factor splicing variant 3	48	42899	4.4					
		IPI00784169	CD55	Decay-accelerating factor splicing variant 1	48	49566	3.9					
5	11	IPI00171176	PANK2	Isoform 1 of Pantothenate kinase 2, mitochondrial precursor	180	63282	3.5	1	3	1	1.8	0.0
		IPI00556350	PANK2	pantothenate kinase 2 isoform 1 preproprotein	180	63268	4.5					
1	9	IPI00456969	DYNCH1	Dynein heavy chain, cytosolic	36	534809	0.8	1	3	2	1.7	0.5
		IPI00477531	na	532 kDa protein	36	534768	0.7					
6	23	IPI00012011	CFL1	Cofilin-1	74	18588	15.1	2	7	2	1.7	0.4
		IPI00784459	CFL1	Cofilin-1	74	24424	11.3					
6	20	IPI00221089	RPS13	40S ribosomal protein S13	86	17081	11.3	2	3	2	1.7	1.0
4	14	IPI00027497	GPI	Glucose-6-phosphate isomerase	222	63204	2.7	1	4	1	1.7	1.0
2	8	IPI00167909	EMIL*	echinoderm microtubule associated protein like 3	278	96221	8.8	7	11	4	1.6	0.2
4	38	IPI00026270	CPM	Carboxypeptidase M precursor	41	50938	2.9	1	1	1	1.6	0.0
4	25	IPI00168408	WDR20*	WDR20 protein	110	22419	7.7	1	2	1	1.5	0.0
		IPI00290950	WDR20*	Hypothetical protein DKFZp686P0251	110	64858	2.6					
		IPI00329787	WDR20*	WD repeat domain 20 isoform 3	110	56971	3					
		IPI00377221	WDR20*	WD repeat domain 20 isoform 1	110	64663	2.6					
5	17	IPI00441498	FOLR1	Folate receptor alpha precursor	102	30712	7.4	2	4	2	1.5	1.0
3	15	IPI00168421	FBXO15	F-box protein 15	32	58077	2.2	1	1	1	1.5	0.0
		IPI00643350	FBXO15	20 kDa protein	32	20627	6.1					
7	61	IPI00219678	EIF2S1	Eukaryotic translation initiation factor 2 subunit 1	39	36243	3.8	1	1	1	1.5	0.0
6	46	IPI00019329	DYNLL1	Dynein light chain 1, cytoplasmic	35	10530	12.4	1	2	1	1.5	0.0
		IPI00062037	DYNLL2	Dynein light chain 2, cytoplasmic	35	10457	12.4					
4	53	IPI00023673	LGALS3BP	Galectin-3-binding protein precursor	30	66202	3.9	2	2	2	1.5	0.0
5	12	IPI00013678	RPL4	60S ribosomal protein L4	151	47821	5.2	1	3	1	1.5	0.0
6	45	IPI00013679	DUT*	Isoform DUT-M of Deoxyuridine 5'-triphosphate nucleotidohydrolase	35	26355	3.2	1	1	1	1.4	0.0
		IPI00375015	DUT*	Isoform DUT-M of Deoxyuridine 5'-triphosphate nucleotidohydrolase	35	17908	4.9					
		IPI00749113	DUT*	dUTP pyrophosphatase isoform 1 precursor	35	26832	3.2					
5	4	IPI00554788	KRT18	49 kDa protein	428	48793	27.2	13	30	3	1.4	0.5
		IPI00784347	KRT18	Keratin, type I cytoskeletal 18	428	47897	26.9					
6	53	IPI00008293	LOC149224	PREDICTED: similar to 40S ribosomal protein S7	33	21879	4.1	1	2	1	1.4	0.0
		IPI00478287	na	22 kDa protein	33	22099	4.1					
		IPI00783203	na	Similar to 40S ribosomal protein S7	33	12956	6.8					
		IPI00013415	RPS7	40S ribosomal protein S7	33	22113	4.1					
7	20	IPI00013890	SFN	14-3-3 protein sigma	666	27871	16.1	4	20	1	1.4	0.0
		IPI00411765	SFN	SFN protein	666	24378	18.5					
6	8	IPI00216298	TXN	Thioredoxin	231	11884	21	2	7	2	1.4	0.1
		IPI00552768	TXN	Thioredoxin	231	9674	25.9					
2	35	IPI00026216	NPEPPS	Putrocyte-sensitive aminopeptidase	31	103895	1.4	1	1	1	1.3	0.0
3	5	IPI00003865	HSPA8	Isoform 1 of Heat shock cognate 71 kDa protein	161	71082	5.1	4	11	1	1.3	0.0
4	28	IPI00216008	G6PD	Isoform Long of Glucose-6-phosphate 1-dehydrogenase	77	64177	2.9	1	2	1	1.3	0.0
		IPI00289800	G6PD	Glucose-6-phosphate dehydrogenase isoform b	77	59675	3.1					
		IPI00642620	G6PD	Glucose-6-phosphate dehydrogenase	77	29655	6.2					
		IPI00643089	G6PD	33 kDa protein	77	33123	5.3					
		IPI00645745	G6PD	37 kDa protein	77	36805	5					

band number	protein match number	accession	gene symbol	protein description	protein score	protein mass	protein coverage (%)	unique peptides	MSMS matches	quantified peptides	average ratio	deviation ratio
		IPI00760751	G6PD	glucose-6-phosphate dehydrogenase isoform a	77	62942	2.8					
3	2	IPI00304925	HSPA1A	Heat shock 70 kDa protein 1	177	70294	10.1	8	15	2	1.3	0.3
		IPI00514377	HSPA1A	heat shock 70kDa protein 1A	177	70280	10.2					
		IPI00643932	HSPA1B	heat shock 70kDa protein 1B	177	70267	10.2					
5	8	IPI00301058	VASP	Vasodilator-stimulated phosphoprotein	191	39845	20.8	6	10	4	1.3	0.3
7	33	IPI00328218	LSR*	Isoform 2 of Lipolysis-stimulated lipoprotein receptor	135	66672	6.3	3	7	3	1.2	0.0
		IPI00409640	LSR*	Isoform 1 of Lipolysis-stimulated lipoprotein receptor	135	72577	5.7					
		IPI00409641	LSR*	LISCH protein isoform 3	135	64356	6.4					
		IPI00641540	LSR*	LISCH protein isoform 1	135	70654	5.9					
7	39	IPI00022284	PRNP	Major prion protein precursor	104	27871	4.7	1	2	1	1.1	0.0
		IPI00382843	PRNP	Prion protein	104	30977	4.2					
4	27	IPI00028359	SH3BP5L	Hypothetical protein DKFZp761F0123	94	43701	13.5	4	5	3	1.0	0.1
2	20	IPI00022774	VCP	Transitional endoplasmic reticulum ATPase	60	89819	3.2	2	2	2	0.3	0.0
		IPI00478540	VCP	89 kDa protein	60	90012	3.2					
2	29	IPI00556645	FOXK1*	forkhead box K1	38	75867	1.1	1	2	1	0.3	0.0
5	40	IPI00002142	PCDH10	Protocadherin-10 precursor	30	114234	0.8	1	1	1	0.2	0.0
		IPI00010826	PCDH10	protocadherin 10 isoform 2 precursor	30	98082	0.8					



Supplementary table 2 (also see legend to supplementary table 3)											
prot hit	prot acc	prot desc	[peptide sequences identified by MS within square brackets] and extended as explained in Suppl table 3)	pep mod	pep exp mz	pep exp z	pep calc mr	pep delta	pep score	pep expect	
1	IP00009526	65 kDa Yes-associated protein	KSHSK[QASIDAGTAGALPQHV]R PPEPK[SILRQASDAGTAGALPQHV]R IVHVR[GDETDLEALFNANMNPK] QVVRPQELALR[SQLPLEODGGTQNPVSPGmsQELR] AGALTPQHV[R]AHSSPAaLQLGAVSPGTLPTGVVSGPAATPTA[QHLR] AGALTPQHV[R]AHSSPAaLQLGAVSPGTLPTGVVSGPAATPTA[QHLR] DKPEKLYSPK[RIDFTVPVSPAPSR] and DKPEKLYSPK[RIDFTVPVSPAPSR] DKPEKLYSPK[RIDFTVPVSPAPSR] APSPTRFGK[MFVSSGSLPPVPSR] DKPEKLYSPK[RIDFTVPVSPAPSR] DKPEKLYSPK[RIDFTVPVSPAPSR] DKPEKLYSPK[RIDFTVPVSPAPSR] SGLSSDPLAK[GSATAEPAVCSNSSLFDLMDLSPK] RRNSTTMSRH[LEGLDmVNR]E	Phospho (ST) 2 Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) 2 Phospho (ST) Phospho (ST) 2 Phospho (ST) Phospho (ST) 1 Phospho (ST) 1 Phospho (ST)	930.935 803.355 1023.936 946.099 3613.825 1205.617 1222.265 860.922 900.905 911.433 704.359 1095.510 976.40907 978.32241	2 3 3 3 3 3 3 2 2 2	1859.853 2407.043 2045.865 2835.275 21 3 3693.792 1719.835 1799.801 1820.853 2109.041 2189.007 2026.207184 1494.617386	0.003 -0.001 -0.008 0.000 0.003 -0.019 -0.006 -0.005 -0.002 1.014 -0.001 -0.001091 0.012882	100 45 86 21 110 33 83 75 44 52 52 32.58 48.55	1.40E-08 0.0048 2.70E-07 1.3 9.50E-10 0.065 6.90E-07 3.70E-06 0.0054 0.00081 0.0009 0.065 0.0012	
4	IP000749302	FAM122B	DGLRR[AGQSDSLGTSGLSQSK] DNDMFKDGLR[RAQSDSLGTSGLSQSK] DNDMFKDGLR[RAQSDSLGTSGLSQSK] NEEHLDSTR[GvHSLDAGLLPSGDPEFSK] and NEEHLDSTR[GvHSLDAGLLPSGDPEFSK] RIVPI[PLSLLAGADAR]R K[QF]TmSPTLSSITQGVLD[TSKIL] STPGASPHHR[RVPLSLLAGADAR] THCSR[HGSGNILLTGDSSGFEK]E	Phospho (ST) Phospho (ST) 2 Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST)	823.867 901.916 941.900 1038.996 828.940 1259.591 906.991 975.948	2 2 2 2 2 2 2	1645.720 1801.821 1881.787 2075.993 1655.865 2517.171 1811.966 1949.888	-0.001 -0.002 -0.002 -0.016 0.001 -0.003 0.002 -0.007	111 99 33 37 85 42 78 69	8.30E-10 1.60E-08 0.052 0.031 3.20E-07 0.0099 1.00E-06 1.90E-05	
5	IP000293009 IP000412712	Isoform 1 of Rab GTPase-binding effector protein 1 Isoform 2 of Rab GTPase-binding effector protein 1	DGLRR[AGQSDSLGTSGLSQSK] DNDMFKDGLR[RAQSDSLGTSGLSQSK] DNDMFKDGLR[RAQSDSLGTSGLSQSK] NEEHLDSTR[GvHSLDAGLLPSGDPEFSK] and NEEHLDSTR[GvHSLDAGLLPSGDPEFSK]	Phospho (ST) Phospho (ST) 2 Phospho (ST) Phospho (ST)	823.867 901.916 941.900 1038.996	2 2 2 2	1645.720 1801.821 1881.787 2075.993	-0.001 -0.002 -0.002 -0.016	111 99 33 37	8.30E-10 1.60E-08 0.052 0.031	
7	IP000639850 IP000375907 IP000783502	Transducer of regulated cAMP response element-binding protein Hypothetical protein CREB regulated transcription coactivator 2	RIVPI[PLSLLAGADAR]R K[QF]TmSPTLSSITQGVLD[TSKIL] STPGASPHHR[RVPLSLLAGADAR] THCSR[HGSGNILLTGDSSGFEK]E RLGLR[KIGSYGALAEHTASK] and RLGLR[KIGSYGALAE] RSRQAQRSR[SCQVTLTDLQEAKE] LAYVAPTPR[RLASTDIEKENR] ARQSR[RSIQVTLTDL] QVSR[GLASTMDLSSSS] NMKR[AAALNYLNOPSAALPQVSR] EPRPSSNMK[RAALNYLNOPSAALPQVSR] KYDHNHVG[TSKQPAQSNLPSGFSR] GAYWNGKLLR[SHSQASLAGPVPVPSNR] DPSNR[SNsmLEAPK]V SNMML[ELAPK]V[ASPGSTTIDTAPLSSVDSL]NK	Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST)	828.940 1259.591 906.991 975.948 788.890 850.392 864.400 928.444 661.758 1040.515 1118.571 898.919 928.917 593.269 1126.553	2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2	1655.865 2517.171 1811.966 1949.888 1575.755 1698.771 1726.789 1854.872 1321.511 2079.015 2235.116 1795.825 1855.821 1184.515 2251.098	0.001 -0.003 0.002 -0.007 0.011 -0.002 -0.003 0.002 -0.010 0.000 0.011 -0.001 -0.001 0.009 -0.002 -0.007	78 51 57 78 34 118 71 67 101 42 77	3.20E-07 0.0099 1.00E-06 1.90E-05 0.0011 0.031 0.0029 2.10E-06 0.016 2.20E-10 9.50E-10 2.60E-05 9.60E-09 0.005 2.80E-06	
8	IP000183002 IP000397728 IP000397730 IP000413191	Isoform 1 of Protein phosphatase 1 regulatory subunit 12A Isoform 2 of Protein phosphatase 1 regulatory subunit 12A Isoform 4 of Protein phosphatase 1 regulatory subunit 12A Isoform 3 of Protein phosphatase 1 regulatory subunit 12A	RLGLR[KIGSYGALAEHTASK] and RLGLR[KIGSYGALAE] RSRQAQRSR[SCQVTLTDLQEAKE] LAYVAPTPR[RLASTDIEKENR] ARQSR[RSIQVTLTDL] QVSR[GLASTMDLSSSS] NMKR[AAALNYLNOPSAALPQVSR] EPRPSSNMK[RAALNYLNOPSAALPQVSR] KYDHNHVG[TSKQPAQSNLPSGFSR] GAYWNGKLLR[SHSQASLAGPVPVPSNR] DPSNR[SNsmLEAPK]V SNMML[ELAPK]V[ASPGSTTIDTAPLSSVDSL]NK	Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST)	788.890 850.392 864.400 928.444 661.758 1040.515 1118.571 898.919 928.917 593.269 1126.553	2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2	1575.755 1698.771 1726.789 1854.872 1321.511 2079.015 2235.116 1795.825 1855.821 1184.515 2251.098	0.011 -0.002 -0.003 0.002 -0.010 0.000 0.011 -0.001 -0.002 0.009 -0.007	51 36 57 78 34 118 71 67 101 42 77	0.0011 0.031 0.0029 2.10E-06 0.016 2.20E-10 9.50E-10 2.60E-05 9.60E-09 0.005 2.80E-06	
9	IP000398812 IP000743879	Kinesin light chain 4 kinesin-like 8 isoform b	QVSR[GLASTMDLSSSS] NMKR[AAALNYLNOPSAALPQVSR] EPRPSSNMK[RAALNYLNOPSAALPQVSR] KYDHNHVG[TSKQPAQSNLPSGFSR] GAYWNGKLLR[SHSQASLAGPVPVPSNR] DPSNR[SNsmLEAPK]V SNMML[ELAPK]V[ASPGSTTIDTAPLSSVDSL]NK	Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST)	661.758 1040.515 1118.571 898.919 928.917 593.269 1126.553	2 2 2 2 2 2 2	1321.511 2079.015 2235.116 1795.825 1855.821 1184.515 2251.098	-0.010 0.000 0.011 -0.001 -0.002 0.009 -0.007	34 118 71 67 101 42 77	0.016 2.20E-10 9.50E-10 2.60E-05 9.60E-09 0.005 2.80E-06	
10	IP000218136 IP000515042	137 kDa protein cingulin	SNMML[ELAPK]V[ASPGSTTIDTAPLSSVDSL]NK KLSRK[ALSNLTV]DAPR SERPQR[LRK]AS[AN]VVR AGPAPATPSR[TPALSPASSLDV] GKDasIFQWR[VLGAGGAGPAPATPrR] GKDasIFQWR[VLGAGGAGPAPATPSR]TPALSPASSLDV	Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST)	1126.553 562.296 626.345 627.281 729.865 1307.148	2 2 2 2 2 2	2251.098 1122.580 1250.675 1252.559 1457.703 2612.285	-0.007 -0.002 0.002 -0.010 0.012 -0.002	77 76 98 28 79 51	2.80E-06 9.00E-06 1.30E-08 0.14 1.70E-06 0.0012	
11	IP000386808 IP000418456 IP000386808 IP000743474 IP000749076	HDAC7A protein Histone deacetylase HDAC7A protein Isoform 1 of Histone deacetylase 7a Isoform 3 of Histone deacetylase 7a	TPAR[HLPTTGLTYBVMLEK] PLSR[QSPADLPLPSSPMSAR] AKPSEKRLR[QIPAEDELTDGGGGQVDDGLEHR] PLSR[TRLEPLPSTATAPPPGmQPR]	Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST)	1307.148 1080.447 1037.485 924.413 793.043	2 2 2 2	2612.285 1957.891 2082.953 2270.208 2376.130	-0.002 0.988 0.002 0.008 -0.021	51 29 132 46 46	0.0012 0.9 8.9E-12 7.20E-05 0.0037	
12	IP000167909	echinoderm microtubule associated protein like 3	RRNSTTMSRH[LEGLDmVNR]E NDVEKSASP[KRIDFTVPVSPAPSR] and NDVEKSASP[KRIDFTVPVSPAPSR] NDVEKSASP[KRIDFTVPVSPAPSR] GSGGGGLR[SNAPLHGLSDTSPVQAEAPSR] GGGLR[RSNSAPLHGLSDTSPVQAEAPSR] AGMKR[AMNLTNLV]DAPR EAAAGAACMK[RAMLNTLV]DAPR SPRR[DSLALPSEEEER] K[IN]LALRESL[V] R[GPAL]TRIDEEVGGHSPRJS RRP[AR]VDALDDLTPPSTAESGSR SMRVLYMEK[ELANFAPRGP]GVRER EDDWRSRPSR[GPAL]TRIDEEVGGHSPRJS RARRP[AR]VDALDDLTPPSTAESGSRSP[SN]GGRJS	Phospho (ST) Phospho (ST) 2 Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST)	620.337 866.943 906.923 878.084 930.116 741.350 819.394 922.903 640.835 1027.971 1113.004 747.671 825.704 1021.112	2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2	1238.654 1731.871 1811.837 2631.233 2787.334 1480.675 1636.776 1843.799 1279.654 2053.937 2224.001 2239.978 2474.089 3060.319	0.005 0.000 -0.006 -0.004 -0.006 0.010 -0.003 -0.007 0.001 -0.010 -0.008 0.012 0.001 -0.003	55 59 74 68 76 78 78 69 61 64 102 22 28 31	0.00026 0.00014 5.50E-06 2.80E-05 4.70E-06 1.70E-06 1.30E-08 1.40E-05 8.80E-05 5.90E-05 1.10E-08 0.98 0.24 0.13	
13	IP000386808 IP000409641 IP00041640	HDAC7A protein Isoform 1 of Histone deacetylase 7a Isoform 3 of Histone deacetylase 7a	TPAR[HLPTTGLTYBVMLEK] PLSR[QSPADLPLPSSPMSAR] AKPSEKRLR[QIPAEDELTDGGGGQVDDGLEHR] PLSR[TRLEPLPSTATAPPPGmQPR]	Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST)	1307.148 1080.447 1037.485 924.413 793.043	2 2 2 2	2612.285 1957.891 2082.953 2270.208 2376.130	-0.002 0.988 0.002 0.008 -0.021	51 29 132 46 46	0.0012 0.9 8.9E-12 7.20E-05 0.0037	
14	IP00061087	Protein FAM122A	RRNSTTMSRH[LEGLDmVNR]E NDVEKSASP[KRIDFTVPVSPAPSR] and NDVEKSASP[KRIDFTVPVSPAPSR] NDVEKSASP[KRIDFTVPVSPAPSR] GSGGGGLR[SNAPLHGLSDTSPVQAEAPSR] GGGLR[RSNSAPLHGLSDTSPVQAEAPSR] AGMKR[AMNLTNLV]DAPR EAAAGAACMK[RAMLNTLV]DAPR SPRR[DSLALPSEEEER] K[IN]LALRESL[V] R[GPAL]TRIDEEVGGHSPRJS RRP[AR]VDALDDLTPPSTAESGSR SMRVLYMEK[ELANFAPRGP]GVRER EDDWRSRPSR[GPAL]TRIDEEVGGHSPRJS RARRP[AR]VDALDDLTPPSTAESGSRSP[SN]GGRJS	Phospho (ST) Phospho (ST) 2 Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST)	620.337 866.943 906.923 878.084 930.116 741.350 819.394 922.903 640.835 1027.971 1113.004 747.671 825.704 1021.112	2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2	1238.654 1731.871 1811.837 2631.233 2787.334 1480.675 1636.776 1843.799 1279.654 2053.937 2224.001 2239.978 2474.089 3060.319	0.005 0.000 -0.006 -0.004 -0.006 0.010 -0.003 -0.007 0.001 -0.010 -0.008 0.012 0.001 -0.003	55 59 74 68 76 78 78 69 61 64 102 22 28 31	0.00026 0.00014 5.50E-06 2.80E-05 4.70E-06 1.70E-06 1.30E-08 1.40E-05 8.80E-05 5.90E-05 1.10E-08 0.98 0.24 0.13	
15	IP000465074 IP000478456 IP000736469	Isoform 3 of Kinesin light chain 3 Isoform 1 of Kinesin light chain 3 Isoform 2 of Kinesin light chain 3	AGMKR[AMNLTNLV]DAPR EAAAGAACMK[RAMLNTLV]DAPR SPRR[DSLALPSEEEER] K[IN]LALRESL[V] R[GPAL]TRIDEEVGGHSPRJS RRP[AR]VDALDDLTPPSTAESGSR SMRVLYMEK[ELANFAPRGP]GVRER EDDWRSRPSR[GPAL]TRIDEEVGGHSPRJS RARRP[AR]VDALDDLTPPSTAESGSRSP[SN]GGRJS	Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST)	741.350 819.394 922.903 640.835 1027.971 1113.004 747.671 825.704 1021.112	2 2 2 2 2 2 2 2 2	1480.675 1636.776 1843.799 1279.654 2053.937 2224.001 2239.978 2474.089 3060.319	0.010 -0.003 -0.007 0.001 -0.010 -0.008 0.012 0.001 -0.003	78 30 69 61 64 102 22 28 31	1.70E-06 1.30E-08 1.40E-05 8.80E-05 5.90E-05 1.10E-08 0.98 0.24 0.13	
17	IP000328218 IP000409640 IP000409641 IP00041640	Isoform 2 of Lipolysis-stimulated lipoprotein receptor Isoform 1 of Lipolysis-stimulated lipoprotein receptor LISCH protein isoform 3 LISCH protein isoform 1	K[IN]LALRESL[V] R[GPAL]TRIDEEVGGHSPRJS RRP[AR]VDALDDLTPPSTAESGSR SMRVLYMEK[ELANFAPRGP]GVRER EDDWRSRPSR[GPAL]TRIDEEVGGHSPRJS RARRP[AR]VDALDDLTPPSTAESGSRSP[SN]GGRJS	Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST)	640.835 1027.971 1113.004 747.671 825.704 1021.112	2 2 2 2 2 2	1279.654 2053.937 2224.001 2239.978 2474.089 3060.319	0.001 -0.010 -0.008 0.012 0.001 -0.003	61 64 102 22 28 31	8.80E-05 5.90E-05 1.10E-08 0.98 0.24 0.13	
18	IP00024312	FYVE, RhoGEF and PH domain-containing protein 1	RILVK[SLD]DPGQSL[EPH]EPQPR EGPQR[LR]ADPGPPT[TPSR]PSPK GASEPGLL[AR]RGCSALGGPLDPV[EP]GSD[SL]GAAPGHR FPMAR[ISTSGPLDKED]TRIQ RNR[NLGGV]mGfmlNRJ RKR[HK]dNETNLQOQVWGNRIN GIMR[RG]eLDLNDSPRJS SASLPSYRK[TDV]VRLVS[V]TRP[PG]SQTR RQR[SASV]NKEPVSLPGmRJR	Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST)	1062.488 747.381 981.137 821.867 810.866 1117.011 719.825 767.056 890.937	2 2 2 2 2 2 2 2 2	2122.968 2329.100 2940.388 1641.725 1619.720 2322.007 1437.625 2297.153 1779.859	-0.008 0.021 0.002 -0.006 -0.001 -0.001 0.010 0.992 0.001	73 22 94 58 92 57 86 23 50	7.80E-06 0.91 7.10E-08 0.0016 8.20E-08 0.00032 2.60E-07 0.68 0.0013	
19	IP000396063	Similar to IRLB	RNR[NLGGV]mGfmlNRJ RKR[HK]dNETNLQOQVWGNRIN GIMR[RG]eLDLNDSPRJS SASLPSYRK[TDV]VRLVS[V]TRP[PG]SQTR RQR[SASV]NKEPVSLPGmRJR	Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST)	810.866 1117.011 719.825 767.056 890.937	2 2 2 2 2	1619.720 2322.007 1437.625 2297.153 1779.859	-0.001 -0.001 0.010 0.992 0.001	92 57 86 23 50	8.20E-08 0.00032 2.60E-07 0.68 0.0013	
20	IP000291802 IP000409590 IP000409591 IP000409593	Isoform 3 of LIM domain only protein 7 Isoform 1 of LIM domain only protein 7 Isoform 2 of LIM domain only protein 7 Isoform 4 of LIM domain only protein 7	R[LESL]nNPSLSTNLGSPSRJR R[IR]QPPVPLTSLGPEAHQGFERSIQ	Phospho (ST) Phospho (ST)	1029.496 813.736	2 2	2056.983 2437.190	-0.005 0.996	96 30	3.80E-08 0.17	
21	IP000431698 IP000783045 IP000784401	68 kDa protein transducer of regulated CREB protein 3 isoform a transducer of regulated CREB protein 3 isoform b	R[LESL]nNPSLSTNLGSPSRJR R[IR]QPPVPLTSLGPEAHQGFERSIQ	Phospho (ST) Phospho (ST)	1029.496 813.736	2 2	2056.983 2437.190	-0.005 0.996	96 30	3.80E-08 0.17	
22	IP00028359	Hypothetical protein DKF7p61f0123	R[LESL]nNPSLSTNLGSPSRJR R[IR]QPPVPLTSLGPEAHQGFERSIQ	Phospho (ST) Phospho (ST)	1029.496 813.736	2 2	2056.983 2437.190	-0.005 0.996	96 30	3.80E-08 0.17	
24	IP000169296 IP000169299 IP00023555 IP000167053	Isoform 2b of Oxysterol-binding protein-related protein 3 Isoform 2a of Oxysterol-binding protein-related protein 3 Isoform 1a of Oxysterol-binding protein-related protein 3 Isoform 1b of Oxysterol-binding protein-related protein 3	R[LESL]nNPSLSTNLGSPSRJR R[IR]QPPVPLTSLGPEAHQGFERSIQ	Phospho (ST) Phospho (ST)	1029.496 813.736	2 2	2056.983 2437.190	-0.005 0.996	96 30	3.80E-08 0.17	
25	IP000329495 IP000455786 IP000456617 IP000478184 IP000516885 IP000515115 IP000551038 IP000644747 IP000744789 IP000747332 IP000784047	Isoform 1 of Actin-binding LIM protein 1 Actin binding LIM protein 1 Isoform 2 of Actin-binding LIM protein 1 Isoform 4 of Actin-binding LIM protein 1 actin-binding LIM protein 1 isoform a Actin binding LIM protein 1 Isoform 3 of Actin-binding LIM protein 1 Actin binding LIM protein 1 46 kDa protein actin-binding LIM protein 1 isoform c Actin binding LIM protein 1	MHR[ST]SQSINS[V]YSRJR SPR[TL]S[TP]SAEGYQVDRD MKR[R]SS[GREED]EELLRJR K[QHA]LAAQSKS[SE]DIIKJF MRMDR[GV]smPmLEPK	Phospho (ST) Phospho							

prot_hit	prot_acc	prot_desc	[peptide sequences identified by MS within square brackets] and extended as explained in Suppl table 3	pep_mod	pep_exp_mz	pep_exp_z	pep_calc_mr	pep_delta	pep_score	pep_expect
34	IP00556645	forkhead box K1	PLSSRIASAPSTHPGImSPRIS	Phospho (ST)	801.362	2	1600.707	0.002	69	1.40E-05
35	IP000456943	SH3 multiple domains 1	SCALR[RN]ESLAIADGLR	Phospho (ST)	706.835	2	1411.646	0.011	52	0.00079
	IP00050923	SH3 multiple domains 1	FAER[AAG]SGSDFLPAQR	Phospho (ST)	789.376	2	1576.725	0.014	71	1.10E-05
	IP00640992	SH3 multiple domains 1	PPAPPSPKIEAEGETPTGASESQDPR	Phospho (ST)	913.856	2	1825.700	-0.004	56	0.00017
	IP00640992	SH3 multiple domains 1	EGSRR[IS]SSDILITLPTTPCPTK	Phospho (ST)	1048.005	2	2093.012	0.983	21	1.1
	IP00640992	SH3 multiple domains 1	PIAKK[E]SLPLCNASNGSAGVDPDR	Phospho (ST)	1125.034	2	2248.056	-0.003	31	0.14
37	IP00010088	Histone deacetylase 4	RPLSR[AQ]SSIPASATFPVQEPPTKPR	Phospho (ST)	1181.575	2	2361.137	-0.001	88	2.60E-07
38	IP001179071	Nuclear receptor coactivator 6	KIPGR[RN]RTEETPVASESVNGHRK	Phospho (ST)	779.360	3	2334.035	1.023	54	0.00062
	IP001179071	Nuclear receptor coactivator 6	TLLKImTSvPVGIGTASACGSLPGALPFSVRIS	Phospho (ST)	850.071	2	2547.204	-0.012	62	9.40E-05
	IP001179071	Nuclear receptor coactivator 6	RATPTVQ[PS]PQSSPVVSSIPVQKVKIE	Phospho (ST)	972.154	2	2013.446	-0.005	38	0.021
	IP001179071	Nuclear receptor coactivator 6	RQR[NL]AGSLYPPVSNIPRIS	Phospho (ST)	849.416	2	1696.819	-0.001	74	6.10E-06
39	IP00640136	regulatory factor X domain containing 2	RTR[AY]GSDLPSSSGGANGTAGGGGGARJA	Phospho (ST)	1139.460	2	2276.930	-0.006	90	8.70E-08
	IP00783984	138 kDa protein	RIFPAQVPSAHOQPSASGGGAAAAAPAAPAPRIS	Phospho (ST)	949.460	3	2845.366	-0.009	52	0.001
	IP00293427	zinc finger/RING finger 2	PVRMR[RN]FTLSSNTIR	Phospho (ST)	830.398	2	1658.778	0.003	94	4.90E-08
41	IP00305589	Isoform 1 of 6-phosphofructo-2-kinase/fructose-2,6-bisphosphatase 2	SSSNTIRRR[PN]VYSGSRPLKPLPLR	Phospho (ST)	932.495	2	1862.977	-0.001	29	0.13
42	IP00021634	Kinesin light chain 2	QEPNPRMKR[AS]NLNFK	Phospho (ST)	537.254	2	1072.495	-0.001	46	0.02
	IP00021634	Kinesin light chain 2	NPRMK[RAS]NLNFK	Phospho (ST)	615.306	2	1228.596	0.000	49	0.0014
	IP00021634	Kinesin light chain 2	LSDSR[TL]SSISMID	Phospho (ST)	652.272	2	1262.521	0.009	53	0.0004
45	IP00006682	Protein phosphatase 1 regulatory subunit 3D	MISRGPSAVLPSALGRK	2 Phospho (ST)	851.898	2	1700.765	1.017	20	1.2
	IP00006682	Protein phosphatase 1 regulatory subunit 3D	KLIGPR[SL]CLSLDGGVALERJA	Phospho (ST)	934.924	2	1867.839	-0.005	96	3.30E-08
46	IP00552905	Isoform 1 of Proline-rich transmembrane protein 3	R[GPV]PQHVVEPDGAAAAASGSLSDFSRJG	Phospho (ST)	920.756	3	2759.255	-0.009	42	0.0096
	IP00788160	Isoform 2 of Proline-rich transmembrane protein 3	GRCKSLSDVIR[VR]GPVQHVVEPDGAAAAASGSLSDFSRJ	Phospho (ST)	1005.813	3	3014.425	-0.009	94	7.30E-08
47	IP00022479	guanine nucleotide exchange factor p532	R[AG]QTPSSSLPSPSDEVGGR	Phospho (ST)	1090.978	2	2017.936	0.007	46	0.0039
	IP00022479	guanine nucleotide exchange factor p532	DPSSR[SL]SPPPLAVPLLEGGSLRQ	Phospho (ST)	1195.111	2	2388.216	-0.009	56	0.00032
	IP00022479	guanine nucleotide exchange factor p532	QQEIR[VR]LDLPGQDQVYIAACNSVHIR	Phospho (ST)	890.077	3	2667.211	-0.001	74	6.20E-06
	IP00022479	guanine nucleotide exchange factor p532	VRSMPVPTK[AS]FSGSILTR	Phospho (ST)	659.828	2	1317.633	0.008	76	2.70E-06
48	IP00007227	R3H domain containing 2	R[HR]STPHLDGAGGGGAAGDGLGLGSARJA	Phospho (ST)	871.059	3	2610.157	-0.002	97	3.30E-08
49	IP00306195	merozoin surface protein-1 mRNA	LPRR[RL]NSDFQK	Phospho (ST)	516.725	2	1031.432	0.004	41	0.0052
	IP00549786	AKT1S1 protein	QQYAKI[AL]VSVYVWIK	Phospho (ST)	692.359	2	1394.700	0.004	45	3.90E-05
50	IP00218566	Isoform 1A of Mitogen-activated protein kinase kinase 7	QPRRR[AD]QLVTGTGEPGVSSRIS	Phospho (ST)	977.961	2	1953.904	0.003	85	4.30E-07
	IP00218567	Isoform 1C of Mitogen-activated protein kinase kinase 7	R[RR]R[Q]DLTVGTGEPGVSSRIS	Phospho (ST)	756.382	3	2266.107	0.019	56	0.00033
	IP00241935	mitogen-activated protein kinase kinase 7 isoform D								
	IP00295738	Isoform 1B of Mitogen-activated protein kinase kinase 7								
	IP00641808	Hypothetical protein DKFZp686f0420								
51	IP00022107	leucine rich repeat and fibronectin type III domain containing 1								
52	IP00009862	Cerebellar degeneration-related protein 2	PKKR[IS]SSITLSSLAGSDIVKIG	Phospho (ST)	887.428	2	1772.844	-0.003	65	4.10E-05
53	IP001782992	Isoform 1 of Serine/arginine repetitive matrix protein 2	R[RS]PSV[SS]PEPAEKJS	Phospho (ST)	726.340	2	1449.650	1.016	48	0.0015
	IP001782992	Isoform 1 of Serine/arginine repetitive matrix protein 2	KImALPQEDAIATAPRRQ	Phospho (ST)	838.870	2	1675.728	-0.002	48	0.0019
	IP001782992	Isoform 1 of Serine/arginine repetitive matrix protein 2	K[AG]mSSSQSISAPVLDVAVPRIT	Phospho (ST)	1006.462	2	2010.908	0.002	46	0.0031
	IP001782992	Isoform 1 of Serine/arginine repetitive matrix protein 2	SPEIKLELNSPLRI	Phospho (ST)	1130.021	2	2258.037	-0.009	45	0.0052
55	IP00000893	zinc finger protein 36	PPGEALAPRILGPELSPSPISPLATSTPSR	Phospho (ST)	1082.515	2	2163.010	0.007	80	1.50E-06
56	IP00294391	Cdc42 effector protein 3	EEFR[ANS]TSDSVFTEPSPVLKIN	Phospho (ST)	980.447	2	1958.887	-0.008	71	9.80E-06
57	IP00165547	Isoform 2 of Phosphatidylinositol 4-kinase beta	DIRR[RL]EQI[LA]HTPIAFKIR	Phospho (ST)	839.919	2	1677.824	0.000	53	0.00065
	IP00165547	Isoform 2 of Phosphatidylinositol 4-kinase beta	NLKR[IA]NPVENEDEPVKIL	Phospho (ST)	883.892	2	1765.773	-0.003	34	0.048
	IP00165547	Isoform 2 of Phosphatidylinositol 4-kinase beta	RSTR[AV]ENLPECGITHEQRJA	Phospho (ST)	924.903	2	1847.787	0.004	73	5.60E-06
	IP00165547	Isoform 2 of Phosphatidylinositol 4-kinase beta	RIS[TR]VENLPECGITHEQRJA	Phospho (ST)	731.667	3	2191.968	0.012	26	0.35
59	IP00009866	Isoform 1 of Keratin, type I cytoskeletal 13	RSLLGQDAKIMIGFSSASGVSFPR	Phospho (ST)	736.839	2	1471.653	0.010	49	0.0013
	IP00384861	Isoform 1 of ARF GTPase-activating protein GIT1	RQGGK[SL]SPTDNLLELSRIS	Phospho (ST)	806.384	2	1610.755	-0.003	60	0.00014
	IP00743271	Hypothetical protein DKFZp686g1540								
61	IP00021753	Kinesin-like protein KIF13B	LRLGAPEARR[SAT]SGATNLASLTAALAK	Phospho (ST)	964.490	2	1926.966	0.000	72	9.70E-06
	IP00479529	203 kDa protein	GLRLGAPEARR[SAT]SGATNLASLTAALAK	Phospho (ST)	1042.542	2	2083.067	0.002	50	0.0012
62	IP00645409	ankyrin repeat domain 34	R[AP]SLPAPPYAGAPGPRIT	Phospho (ST)	843.404	2	1684.797	-0.004	58	0.00022
	IP00645409	ankyrin repeat domain 34	R[Q]QESLPGAVPLSGRJR	Phospho (ST)	846.901	2	1691.788	-0.001	40	0.014
	IP00645409	ankyrin repeat domain 34	PLSR[RNA]PEAQESGPPSGLRQ	Phospho (ST)	923.925	2	1845.837	-0.001	32	0.086
	IP00645409	ankyrin repeat domain 34	R[Q]GAPGSSGSGGPEL[SAL]RL	Phospho (ST)	961.938	2	1921.853	0.008	54	0.00056
63	IP00032236	Isoform 2 of Angiotensin-like protein 2								
	IP00478030	Isoform 1 of Angiotensin-like protein 2								
64	IP00336159	cyclin fold protein 1 isoform 2	SARRK[SA]ADNLLTRJW	Phospho (ST)	612.789	2	1223.555	0.009	60	0.00011
	IP00413625	Isoform 3 of Cyclin fold protein 1	R[AST]FLSKQTDVRE	Phospho (ST)	816.902	2	1631.792	-0.003	35	0.048
	IP00464577	Isoform 1 of Cyclin fold protein 1								
65	IP00000654	Coiled-coil domain-containing protein 6	K[LD]QVSPAPPRIJD	Phospho (ST)	672.326	2	1342.628	0.009	53	0.00059
	IP00000654	Coiled-coil domain-containing protein 6	R[IL]QKLELDQVSPAPPRIJD	2 Phospho (ST)	1017.986	2	2033.959	-0.001	49	0.0018
67	IP00008137	Zinc finger protein 295	VTEVRIKITEPSPLSDPSDIRJ	Phospho (ST)	967.977	2	1933.940	0.000	39	0.021
	IP00008137	Zinc finger protein 295	K[IQ]PLPDPATGLSENPTATEKIL	Phospho (ST)	1201.061	2	2400.110	-0.003	64	7.30E-05
68	IP00480046	Isoform 2 of Microtubule-associated serine/threonine-protein kinase 2	VRM[R]N[Q]SGSAPSLTAGLKIE	Phospho (ST)	826.406	2	1650.798	0.000	50	0.0013
	IP00514071	Isoform 1 of Microtubule-associated serine/threonine-protein kinase 2								
	IP00742671	189 kDa protein								
70	IP00024291	Bcl2 antagonist of cell death	RELRR[RM]SDEFVDSFKJK	Phospho (ST)	728.80108	2	1455.57412	0.013522	42.07	0.0041
	IP00024291	Bcl2 antagonist of cell death	RSRR[HS]YAGTEDDEGmGEEPPSPRRG	Phospho (ST)	830.985248	3	2489.93187	0.002046	39.83	0.0065
73	IP00183572	Isoform 2 of Dedicator of cytokinesis protein 7	RSCN[RM]SHTSFTSITLTCRIL	Phospho (ST)	989.929	2	1977.850	-0.007	72	8.10E-06
	IP00470722	Isoform 1 of Dedicator of cytokinesis protein 7	K[AA]PWSGNSPNAESITLQAMDRIS	Phospho (ST)	1078.433	2	2154.868	-0.016	34	0.032
74	IP00026947	Zinc finger protein 36	ESPSLDGRR[LPI]FSRLISDID	Phospho (ST)	721.855	2	1441.685	0.010	59	0.00014
	IP00026947	Zinc finger protein 36	SESPSLDPGR[LPI]FSRLISDID	Phospho (ST)	800.403	2	1597.786	1.005	37	0.022
	IP00026947	Zinc finger protein 36	R[HT]PTGGALPYRJR	Phospho (ST)	738.362	2	1474.697	0.013	54	0.00046
75	IP00299588	ArgBPB protein								
	IP00442210	Isoform 1 of Abl interactor 2								
	IP00442211	Isoform 2 of Abl interactor 2								
	IP00442214	Isoform 3 of Abl interactor 2								
76	IP00420019	Isoform 1 of Protein Dos	R[LEAA]EAGGASPDpPRJG	Phospho (ST)	902.891	2	1803.768	0.001	34	0.04
	IP00420019	Isoform 1 of Protein Dos	R[GA]GDIDTEPPAAPAPRPRJG	Phospho (ST)	999.462	2	1996.912	-0.003	24	0.56
	IP00420019	Isoform 1 of Protein Dos	RLAEFVVAIPALVAAAPAPRSPBA	Phospho (ST)	1182.096	2	2361.162	1.016	52	0.00087
	IP00420019	Isoform 1 of Protein Dos	EVKAR[SG]TLGDGSAVNSASGSDSRIG	Phospho (ST)	1089.432	2	2178.855	-0.006	57	0.00013
	IP00420019	Isoform 1 of Protein Dos	PIER[VV]SSIEGGRPSVLSFQSPQLSKJS	Phospho (ST)	827.737	3	2480.195	-0.007	42	0.01
81	IP00298950	Hypothetical protein DKFZp686f0251								
	IP00329787	WD repeat domain 20 isoform 3	K[FA]TLHLHDKIK	Phospho (ST)	570.267	2	1138.517	0.003	46	0.0024
	IP00377221	WD repeat domain 20 isoform 1								
83	IP00174962	Molecule interacting with Rab13	K[LE]ELASPPAGRPAPRJK	Phospho (ST)	919.470	2	1836.925	0.001	43	0.0071
	IP00174962	Molecule interacting with Rab13	R[VE]QmPOASPGAPRIT	Phospho (ST)	788.969	2	1575.712	0.012	64	5.30E-05
84	IP00071562	Isoform 2 of Latrophilin-2 precursor	YQISR[GN]GDYIIPINKIE	Phospho (ST)	685.825	2	1369.628	0.008	53	0.00067
	IP00410232	Isoform 1 of Latrophilin-2 precursor	R[DSL]YImPNLR	Phospho (ST)	696.802	2	1391.579	0.010	36	0.025
	IP00479140	Latrophilin 2								
	IP00641868	Latrophilin 2								
	IP00642406	Latrophilin 2								
	IP00642961	Latrophilin 2								
	IP00644480	Latrophilin 2								
	IP00646434	Latrophilin 2		</						

prot_hit	prot_acc	prot_desc	[peptide sequences identified by MS within square brackets] and extended as explained in Suppl table 3	pep_mod	pep_exp_mz	pep_exp_z	pep_calc_mz	pep_delta	pep_score	pep_expect
87	IP00166044	Isoform 1 of Regulatory-associated protein of mTOR	LOREQLSSCK[LRnLSDSSDSAL] RIVLDTSSLTQSPAPATPNKIG RVLDDTSSLTQSPAPATPNKIG	Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST)	780.340 948.953 948.953	2 2 2	1558.651 1895.888 1895.888	0.014 0.005 0.005	24 41 41	0.41 0.01 0.01
88	IP00216654 IP00292387	Isoform Beta of Nuclear phosphoprotein p130 Isoform Alpha of Nuclear phosphoprotein p130	R[GGSSISVQVNSIRFDE]- ENFARIANSdIILNFRJA	Phospho (ST) Phospho (ST)	873.897 665.319	2 2	1745.787 1328.613	-0.009 0.011	45 53	0.0039 0.00054
89	IP00478176	FAM110B	MIPCEETEIPALPSKRIJA	Phospho (ST)	819.861	2	1637.712	-0.004	56	0.00024
91	IP00375015	Isoform DUT-N of Deoxyuridine 5-triphosphate nucleotidohydrolase	TFPARISSP[PPPALEER]T SAPPPK(AQNSV)SIPVQAPPPGSAQLLPGKIV	Phospho (ST) Phospho (ST)	678.819 1085.552	2 2	1355.612 2165.088	0.010 0.001	33 39	0.062 0.017
92	IP00045360	Protein capcua homolog	R[VPGQGLFNREGEPTTPPAAPAPVAGSGSESSSGRIA AVTK[ASdSFGSIVLIR]G	Phospho (ST) Phospho (ST)	1159.220 652.821	3 2	3473.621 1303.617	1.017 0.009	39 52	0.021 0.0007
93	IP00014214 IP00332932	R3H domain protein 1 Isoform 1 of R3H domain-containing protein 1	AVTK[ASdSFGSIVLIR]G	Phospho (ST)	652.821	2	1303.617	0.009	52	0.0007
94	IP00185919	Isoform 1 of La-related protein 1	PPPKNVWTK[KNALPPVLTIVNGQPPHHSAPAK] RKRKTR[HSNAPPLSHVGVVWdSR]E HKEGTGOERIESPRLLQPLGAEPALDGEHGEGEPAGGGAAGAAGAGRI	Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST)	802.399 1203.218 995.121	3 3 3	2404.179 3606.634 2982.343	-0.005 -0.001 -0.001	21 51 45	1 0.012 0.0047
95	IP00289866 IP00744754	Forkhead box protein O1A forkhead box O1A	R[RDIDGGTASLGLGEIK]G GAQHVHSHSIPASLQGLTGGAACSPAQOHAHLR]Q	Phospho (ST) Phospho (ST)	925.445 765.359	3 2	2773.305 1527.693	0.010 1.011	51 41	0.0015 0.009
96	IP00747018	Similar to Sodium- and chloride-dependent creatine transporter 2	R[RDIDGGTASLGLGEIK]G	Phospho (ST)	765.359	2	1527.693	1.011	41	0.009
97	IP00130266	WW domain-containing transcription regulator protein 1	R[RDIDGGTASLGLGEIK]G	Phospho (ST)	765.359	2	1527.693	1.011	41	0.009
98	IP00295457 IP00305344	myosin phosphatase-Rho interacting protein isoform 1 Isoform 1 of Myosin phosphatase Rho-interacting protein	R[RDIDGGTASLGLGEIK]G SEKRAFPRKR[DFNTEAPAPLSDASA(S)PL(S)PHRR] R[IMEVDRsPGLPMSDLK]IT	Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST)	823.046 875.083 893.892	3 3 2	2466.122 2622.223 1785.768	-0.004 0.005 0.001	36 31 44	0.04 0.13 0.0038
99	IP00018370 IP00412650 IP00742841 IP00744075	Isoform 2 of Supravillin Isoform 1 of Supravillin 248 kDa protein 201 kDa protein	RMNAR[YQ]QVPTLGEVEVQSGK[L]	Phospho (ST)	1035.993	2	2069.967	0.004	63	8.10E-05
100	IP00021786	RAF proto-oncogene serine/threonine-protein kinase	R[AAHTEIDINACTLITsPR]IL RQRIS[TS]PNVHMVSTLPLVDSR[IM] SQRQRIS[TS]PNVHMVSTLPLVDSR	Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST)	969.424 1062.981 1062.981	2 2 2	1936.835 2123.956 2123.956	-0.002 0.006 0.006	50 24 24	0.0013 0.58 0.58
101	IP00060439	KIAA0226 protein (Fragment)	LSSVLRIRSSSEGGTLLVTSYGAKIK	Phospho (ST)	918.431	2	1834.846	0.002	46	0.0041
102	IP00009900	Protein FAM53C	RHC[R]SLVVDLSR]W PQQR[RF]sLSPGQASR]E	Phospho (ST) 2 Phospho (ST)	576.790 831.871	2 2	1151.559 1661.733	0.007 -0.006	50 34	0.001 0.04
103	IP00153055 IP00374970 IP00742871	Isoform 2 of Septin-10 Isoform 1 of Septin-10 septin 10 isoform 2	K[ATSEIHFQsSFLATGSNLR]K	Phospho (ST)	1073.503	2	2144.989	0.002	59	0.00018
104	IP00414743 IP00646026	PREDICTED: SH2 domain containing 5 PREDICTED: SH2 domain containing 5	R[DQLSQNVHAlVsFR]R	Phospho (ST)	847.906	2	1692.798	1.000	57	0.00051
105	IP00014068	Isoform 1 of Serine/threonine-protein kinase PAK 4	SSRD[K]RPLsGPDVGTPOQAGLAsGAK[IL] OESSR[DK]RPLsGPDVGTPOQAGLAsGAK[IL]	Phospho (ST) Phospho (ST)	1028.511 767.056	2 3	2055.015 2798.137	-0.007 0.008	32 37	0.094 0.028
108	IP00386732 IP00470483 IP00479587	Mitogen-activated protein kinase kinase 2 R3400L_1 IMP dehydrogenase/GMP reductase family protein WDR62 protein	RISR[SI]sLGDSEGPVIALAQPLR] RHC[R]SLVVDLSR]W PQQR[RF]sLSPGQASR]E	Phospho (ST) Phospho (ST) 2 Phospho (ST)	1134.019 576.790 831.871	2 2 2	2266.030 1151.559 1661.733	-0.006 0.007 -0.006	48 50 34	0.0023 0.001 0.04
109	IP00736251	PREDICTED: similar to protein phosphatase 1H	SSKR[IR]SLPNEGQLQK]E	Phospho (ST)	739.877	2	1477.729	0.010	51	0.0011
110	IP00013384 IP00217124 IP00651657 IP00012856	Isoform 2 of Kinase suppressor of ras-1 Isoform 3 of Kinase suppressor of ras-1 Isoform 1 of Kinase suppressor of ras-1 Forkhead box protein O3A	LTRLR[IR]TEVPSDINPNVDR]A ADDS[PSQ]sK[WPGSP]sR] GGGR[AG]sAAAGCGGCGTLCQSLG[LE]DSARIV LRR[R]VQDLEVEKPDASPTSLQR]s NKNRR[SL]PVSK]s	Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST)	890.410 484.206 1229.564 816.744	2 2 3 3	1777.800 966.396 2457.121 2447.206	1.006 0.002 0.007 0.004	50 36 37 39	0.0012 0.01 0.028 0.017
115	IP00304817	SAM and SH3 domain-containing protein 1	KKNR[SL]PVSK]s AGH[R]R[TS]EADRWLEEVSK]s AGH[R]R[TS]EADRWLEEVSK]s	Phospho (ST) Phospho (ST) Phospho (ST)	1011.470 628.288 628.288	1 3 3	1010.462 1881.862 1881.862	0.001 -0.019 -0.019	25 35 37	0.31 0.43 0.028
116	IP00028059 IP00180634 IP00180920 IP00216241	Isoform 1 of Protein numb homolog Isoform 2 of Protein numb homolog Isoform 4 of Protein numb homolog Isoform 3 of Protein numb homolog	AGH[R]R[TS]EADRWLEEVSK]s AGH[R]R[TS]EADRWLEEVSK]s	Phospho (ST) Phospho (ST)	628.288 628.288	3 3	1881.862 1881.862	-0.019 -0.019	35 37	0.43 0.028
117	IP00337612 IP00550954	Discoidin, CUB and LCCL domain-containing protein 1 precursor Discoidin, CUB and LCCL domain containing 1	K[HSLSS]GFGSPVAGVGAQDGYQRPHSAQPADR]G	Phospho (ST)	833.628	4	3330.480	0.002	41	0.011
118	IP00295004 IP00295095	Isoform 1 of Alsin Isoform 2 of Alsin	EGGSR[RL]sLGLLsQVSPR]L	2 Phospho (ST)	841.923	2	1681.832	-0.001	45	0.0047
119	IP00025512	Heat-shock protein beta-1	RALSR[QL]sGVSEIR]H	Phospho (ST)	578.278	2	1154.533	0.008	44	0.0044
120	IP00014340	Myosin binding subunit 85	GLORISASSWLEGTSTQAK]E	Phospho (ST)	810.852	2	1618.688	1.001	36	0.024
121	IP00396279	CLIP-associating protein 1	NAMR[V]L[ST]DLEAAVADAL]K K[IECD]VSRIDGGAASPAEGR]G	Phospho (ST) Phospho (ST)	892.435 1015.426	2 2	1782.865 2026.842	-0.009 1.997	36 20	0.039 0.97
122	IP00216546 IP00328272	Isoform 2 of Probable palmitoyltransferase ZDHHC5 Isoform 1 of Probable palmitoyltransferase ZDHHC5	FKGPKD[L]K[R]G[Gs]PEP[AP]L[IG]R] K[L]L[RP]PLK[RE]E[EG]L[GDS]G[OST]P[CS]GHAPRIT	Phospho (ST) Phospho (ST)	817.881 868.928	2 4	1633.750 3471.690	-0.003 -0.006	23 35	0.65 0.045
123	IP00014414 IP00645146	Bromodomain-containing protein 2 88 kDa protein	PRPPQPKSK[KASGSGGGAALGPSGFGPSGGGK]L[P]K	Phospho (ST)	852.750	3	2553.222	2.006	41	0.011
124	IP00171636 IP00549914 IP00550839 IP00641075	Neuron navigator 1 CDNA FLJ12569 fs, clone NT2RM4000887. Neuron navigator 1 neuron navigator 1	VNGR[K]TSLDVSNAEPEGLAPGAR]S	Phospho (ST)	1049.006	2	2095.994	0.004	41	0.012
125	IP00464978	Insulin receptor substrate 2 insertion mutant (Fragment)	RSYR[RV]sGDAQDLDR]G	Phospho (ST)	691.812	2	1381.599	0.011	41	0.0078
127	IP00017801 IP00181703	mitogen-activated protein kinase kinase 3 isoform 2 mitogen-activated protein kinase kinase 3 isoform 1	R[ASOsAGDINTV]OPPEPR]S	Phospho (ST)	1012.459	2	2022.905	-0.002	40	0.013
132	IP00451401 IP00465028 IP00746832	Isoform 2 of Triosephosphate isomerase Triosephosphate isomerase 30 kDa protein	KMNGR[KQ]sLGLIGLTLNAAK]V	Phospho (ST)	811.930	2	1621.844	0.002	35	0.031
133	IP00021449 IP00645180	Isoform 1 of Inositol-trisphosphate 3-kinase B Isoform 1 of Inositol-trisphosphate 3-kinase B	K[V]GmFEAHQ]QSSAIAQPrsPR]L	Phospho (ST)	826.39745	3	2476.168213	0.002309	35.34	0.05
134	IP00025155	FAM83G	KDLDLAGFKR[KVAVYIVDEsNVK] VPIRR[RH]sEQVANGT]PPPR	Phospho (ST) Phospho (ST)	828.940 861.905	2 2	1655.854 1721.800	0.012 -0.005	26 35	0.25 0.042
137	IP00735239 IP00736702	PREDICTED: similar to Ataxin-1 PREDICTED: similar to Ataxin-1	K[APsATS]sPGLPHHS[TOPLD]LAPGR]M	Phospho (ST)	897.096	3	2688.266	0.002	34	0.064
138	IP00012442	Ras-GTPase-activating protein-binding protein 1	K[S]SS[PA]PADAQ]TVOED]RIT	Phospho (ST)	982.950	2	1963.889	-0.003	34	0.057
140	IP00303383	Isoform 3 of CREB-regulated transcription coactivator 1	TSWR[R]TNSD[AL]HQS]TmTPTQPESSFGSDQVHQK]R TSWR[R]TNSD[AL]HQS]TmTPTQPESSFGSDQVHQK]R	Phospho (ST) Phospho (ST)	1110.142 871.882	3 4	3327.399 3483.500	0.005 -0.001	36 35	0.039 0.051
141	IP00386763 IP00748386	Isoform 1 of ADAMTS-9 precursor 217 kDa protein	DIKSPDG[T]R[V]GKCGGYCGKCTPSSG[GL]EVR]	Phospho (ST)	837.033	3	2508.096	-0.018	33	0.06
142	IP00025155	TBC1 domain family member 22B	LHK[QO]LPLR]PIIP[V]ARI	Phospho (ST)	594.348	3	1780.012	0.010	33	0.011
143	IP00216633 IP00292290 IP00556409	Isoform Short of Dematin Isoform Long of Dematin Dematin variant	SLSPK[ST]sPPSPVWADSR]	Phospho (ST)	846.869	2	1691.719	0.005	33	0.055
144	IP00009319 IP00218563 IP00555978	Isoform 1 of SH3 adapter protein SPIN90 Isoform 2 of SH3 adapter protein SPIN90 NCK interacting protein with SH3 domain isoform 2	QPR[RAA]T]PPPPV]K	Phospho (ST)	656.349	2	1310.675	0.008	33	0.053
145	IP00301263	CAD protein	R[IHRA]sDPGLPAEPK] PDGR[FH]LPP[IHRA]sDPGLPAEPK]EK	Phospho (ST) Phospho (ST)	848.903 977.472	2 2	1695.798 1952.936	-0.007 -0.007	30 22	0.14 1.1
147	IP00031376 IP00006213	PCMI protein Pericentriolar material 1	R[V]TND]sPeSPGVGR]R R[V]TND]sPeSPGVGR]R	2 Phospho (ST) Phospho (ST)	837.840 941.384	2 2	1673.670 1880.757	-0.004 -0.004	21 32	0.61 0.053
148	IP00012469 IP00220229 IP00374060 IP00432877	Isoform 1 of Signaling lymphocytic activation molecule precursor Isoform 3 of Signaling lymphocytic activation molecule precursor Isoform 2 of Signaling lymphocytic activation molecule precursor SLAMF1 protein	K[S]MNSKSH[V]TMAKSLPENS]VENK]I	Phospho (ST)	880.435322	3	2638.285919	-0.001781	31.68	0.1



**Supplementary table 3** The phosphorylated peptides identified by their MS2 spectra (supplementary Fig 1) are assigned to proteins and listed with their protein assignment statistics in supplementary table 2. The peptides identified by MS are within the square brackets and they have been manually extended to reveal the preceding sequence within the protein. Here, the same phosphopeptides are linked to the literature on previously-studied 14-3-3-binding proteins, with different types of phosphorylated motif highlighted, including the 14 unique RxRxx(pS/T) motifs within 13 proteins whose phosphorylated residues are in **yellow**, Rxx(pS/T) in **red/orange**, (pS/T)P in **green**, and other motifs in **teal** (221 unique sites in total). Within peptides sequences lower case s and t indicate the positions of the phosphorylated residues. (SS), (SSS), (TLS), (ST) within a sequence means that the position of the phosphorylated residue could not be pinpointed precisely within these regions. Approved gene names linked to IPI numbers were found using Bioinformatic Harvester (<http://harvester.fzk.de/harvester/human/>). Gene names are shaded in **pink** for proteins that have already been reported to bind to 14-3-3s in response to insulin and/or PKB/Akt phosphorylation, or that were confirmed to bind to 14-3-3s in response to insulin/IGF1 in this study. **Turquoise** shading is for proteins that have been found to be phosphorylated and bind directly to 14-3-3s, but not in response to insulin (or in some cases it is not yet known whether they are regulated by insulin). YAP1, TSC2 and CRTC2 are in both colours because whether or not their 14-3-3 binding is regulated by insulin appears to be controversial. **Grey** shading is for proteins isolated in previous 14-3-3-binding proteomics screens, but whether they bind directly to 14-3-3s is not known. A \* beside the gene symbols indicates the phosphopeptides from proteins whose D0/D4 ratios were also identified (supplementary table 1) and this overlapping set of proteins is also listed in Table I within the main text.

<b>Phosphorylated residues in peptides [as identified by MS] with sequences extended to search for RxRxx(pS/T) and other motifs</b>	<b>Representative parent protein</b>	<b>Approved gene symbol</b>	<b>Notes [Protein ID in supplementary table 2]</b>
LPRPR[LN <sup>s</sup> SDFQK] QQYAK[ <sup>s</sup> LPVSVPVWGFK]	IPI00306195 CDNA FLJ30949 fis, clone HCASM1000021, weakly similar to Plasmodium berghei strain NYU2 merozoite surface protein-1 mRNA; proline-rich Akt substrate of 40 kDa	<b>AKT1S1</b> * <b>(PRAS40)</b>	D0/D4 (+/- insulin) score of 9.93 in <b>supplementary table 1</b> . Kovacina et al (2003) Identification of a proline-rich Akt substrate as a 14-3-3 binding partner. J. Biol. Chem 278, 10189-10194; also more recent papers). PRAS40 binds to 14-3-3 when phosphorylated by PKB/Akt and regulates/is regulated by mTORC1. <b>[49]</b>
PVRMR[RN <sup>s</sup> FTPLSSNTIR] SSSNTIRRP[ <sup>s</sup> NYSVGSRPLKPL <sup>s</sup> PLR]	IPI00305589 Isoform 1 of 6-phosphofructo-2-kinase/fructose-2,6-biphosphatase 2 (cardiac PFK-2)	<b>PFKFB2</b> *	D0/D4 (+/- insulin) score of 6.23 in <b>supplementary table 1</b> . Pozuelo Rubio et al (2003) 14-3-3s regulate fructose-2,6-bisphosphate levels by binding to PKB-phosphorylated cardiac fructose-2,6-bisphosphate kinase/phosphatase. EMBO J. 22, 3514-3523. <b>[41]</b>
IRRPR[SL <sup>s</sup> SPTVTLSPLEGAK]*	IPI00023287 Isoform 4 of E3 ubiquitin-protein ligase NEDD4-like protein	<b>NEDD4L</b>	14-3-3s bind to SGK-phosphorylated Nedd4-2 (Nagaki et al (2006) 14-3-3 Mediates phosphorylation-dependent inhibition of the interaction between the ubiquitin E3 ligase Nedd4-2 and

	(Nedd4-2)		epithelial Na <sup>+</sup> channels. <i>Biochemistry</i> . 45, 6733-6740.) [28]
K[NLALsRESLVV]- R[GPALTPIRDEEWGGHsPR]S RRPR[ARsVDALDDLTPSTAESGSR] SMRVLYYMEK[ELANFDPsRPGPPsGRVER] EDDWRSRPSR[GPALTPIRDEEWGGHsPRsPR] RARRPR[ARsVDALDDLTPSTAESGSRsPTsNGGR]S	IPI00328218 Isoform 2 of Lipolysis-stimulated lipoprotein receptor (LSR)/LISCH7	LSR*	D0/D4 (+/- insulin) score of 1.2 in <b>supplementary table 1</b> . Isolated by its affinity for 14-3-3s in Jin et al (2004) Proteomic, functional, and domain-based analysis of in vivo 14-3-3 binding proteins involved in cytoskeletal regulation and cellular organization. <i>Curr Biol</i> . 14, 1436-1450. [17]
SARKR[SASADNLTLP]W R[ASTIFLSKsQTDVR]E	IPI00336159 cyclin fold protein 1 isoform 2 CBCP1, CFP1, Cyclin-box protein 1, Cyclin fold protein 1, cyclin Y	CCNY	The RxRxxs phosphorylation site identified here was also reported in Olsen et al (2006) <i>Global, in vivo, and site-specific phosphorylation dynamics in signaling networks</i> . <i>Cell</i> . 127, 635-648, and Beausoleil et al (2004) <i>Large-scale characterization of HeLa cell nuclear phosphoproteins</i> . <i>Proc Natl Acad Sci U S A</i> . 101, 12130-12135. [64]
KSHSR[QAsTDAGTAGALTPQHVR] PPEPK[SHsRQASsDAGTAGALTPQHVR] IVHVR[GDSsETDLEALFNAVmNPK] QVRPQELALR[SQLPsLEQDGGTQNPVSSPGmSQELR] AGALTPQHVR[AHSSPAsLQLGAVSPGTLTPTGVVSG PAATPTAQHLR] AGALTPQHVR[AHSSPAsLQLGAVsPGTLTPTGVVSG PAATPTAQHLR]	IPI00009326 65 kDa Yes-associated protein (YAP1)	YAP1*	D0/D4 (+/- insulin) score of 8.45 in <b>supplementary table 1</b> . While PKB has been reported to phosphorylate the 14-3-3-binding site at Ser127 (Basu et al (2003) <i>Mol Cell</i> . 11, 11-23), this HxRxx(pS) site does not confirm to the PKB consensus, and more recent data indicate that this site is phosphorylated by LATS kinases (Zhao et al, 2007, <i>Genes and Development</i> , 21:2747-61, Hao et al., 2008, <i>J Biol Chem</i> . 283:5496-509, Lee et al., 2008 <i>Mol Cell Biol</i> . 28:2426-36.). For this reason, YAP1 is not highlighted in Fig 3D. Here, we did not identify phosphoSer127, but did detect two other HxRxx(pS) motifs namely HVRGD(pS <sub>61</sub> )ET and HSRQA(pS <sub>100</sub> )TD, neither of which appears to have been studied in any detail, though they have been reported in phosphoproteomics screens (Dephoure et al (2008) <i>PNAS</i> 105:10762-10767, Beausoleil (2004) <i>PNAS</i> 101:12130-12135). [1]
GAQHVR[SHsSPASLQLGTGAGAAGSPAQQHAHLR]Q*	IPI00180266 WW domain-containing transcription regulator protein 1 (Q9GZV5)	WWTR1 (TAZ)	Kanai F, Marignani PA, Sarbassova D, Yagi R, Hall RA, Donowitz M, Hisaminato A, Fujiwara T, Ito Y, Cantley LC, Yaffe MB. (2000) TAZ: a novel transcriptional co-activator regulated by interactions with 14-3-3 and PDZ domain proteins. <i>EMBO J</i> . 19, 6778-6791. This protein is related to YAP1 (row above in this table). [97]
RELRR[RmsDEFVDSFK]K RSR[HSsYPAGTEDDEmGEEPSPF]R]G	IPI00024291 Bcl2 antagonist of cell death	BAD	When Bad is phosphorylated at Ser112, Ser136 or Ser155 by PKA, PKB and/or Pim kinases, it binds to 14-3-3 protein in the cytosol thereby preventing binding to Bcl-2/Bcl-xL, promoting cell survival. Datta et al (1997) Akt phosphorylation of BAD couples survival signals to the cell-intrinsic death machinery, <i>Cell</i>

			91, 231–241. Madonald et al (2006) Pim kinases phosphorylate multiple sites on Bad and promote 14-3-3 binding and dissociation from Bcl-XL. BMC Cell Biol. 7,1. [70]
K[LDQPVSAPP]PR]D R[ILQEKLDPV]APPsPR]D	IPI00000634 Coiled-coil domain-containing protein 6	CCDC6*	D0/D4 (+/- insulin) score of 6.85 in <b>supplementary table 1</b> . Insulin-stimulated binding to 14-3-3s confirmed (other work in this study). [65]
RTR[AYsGSDLPSSSSGGANGTAGGGGAR]A R[FPAQVPSAHQP]ASGGAAAAAAPAAPAAPR]S	IPI00293427 zinc finger/RING finger 2 (E3 ubiquitin ligase)	ZNRF2*	D0/D4 (+/- insulin) score of 2.7 in <b>supplementary table 1</b> . Other work in this study. [40]
SCALR[RNEsLTATDGLR] RLAER[AAsQGSDSPLLPAQR] PPPAPPSKPK[EAEEGPTGASESOD]PR] EGSRR[(SS)DLITLPATTPPCPTKK] PIAKK[EIsLPILCNASNGSAVGVPR*]	IPI00456943 SH3 multiple domains 1 = Tks5/Fish (NP_055446)	SH3PXD2A	[35]
EVKAR[SQsGTLDGESAAWSASGEDSR]G PIER[VV(SS)EGGRPSVDLSFQPSQPLSK]S	IPI00028493 Isoform 1 of Tuberin (TSC2)	TSC2	14-3-3-binding to TSC2 at pSer1210, not a PKB site (Li Y, Inoki K, Yeung R, Guan KL. Regulation of TSC2 by 14-3-3 binding. J Biol Chem. 2002 Nov 22;277(47):44593-44596). 14-3-3-binding promoted by PKB/Akt (Nellist, M., Goedbloed, M. A., De, Winter, C., Verhaaf, B., Jankie, A., Reuser, A. J., Van Den Ouweland, A. M., Van Der Sluijs, P., and Halley, D. J. (2002) J. Biol. Chem. 277, 39417-39429). [78]
TSWRR[TNsDSALHQSTmTPTQPESFSSGSQDVHQB] TSWR[R]NSDSALHQSTmTPTQPESFSSGSQDVHQB]	IPI00303383 Isoform 3 of CREB-regulated transcription coactivator 1	CRTC1	[140]
R[RVPL]PLSLLAGPADAR]R K[QF]PTmSPTLSSITQGVPLDTSK]L THCSR[HGsGPNILTDSSPGFSK]E R[VPL]PLSLLAGPADAR]R	IPI00639850 Transducer of regulated cAMP response element-binding protein (TORC2)	CRTC2	14-3-3-binding reported via a novel PKB/SIK2 pathway (Dentin et al (2007) Insulin modulates gluconeogenesis by inhibition of the coactivator TORC2. Nature. 449, 366-369), but also by the LKB1/(AMPK/SIK) pathway Katoh et al (2006) Silencing the constitutive active transcription factor CREB by the LKB1-SIK signaling cascade. FEBS J. 273, 2730-2748). [7]
R[LFSL]NPSLSTTNLSGPSR]R R[RQPPV]PLTLSPGPEAHQGFSR]Q	IPI00431698 68 kDa protein	CRTC3	[21]
K[APSATSP]GQLPHHSSTQPLDLAPGR]M	IPI00735239 Similar to Ataxin-1	ATXN1L	Chen et al (2003) Interaction of Akt-phosphorylated ataxin-1 with 14-3-3 mediates neurodegeneration in spinocerebellar ataxia type 1. Cell. 113, 457-468. The protein identified here is NOT ataxin-1 itself, and does not have the Akt/PKB site described in Chen et al (2003). [137]

RSYR[RVsGDAAQDLDR]G	IPI00464978 Insulin receptor substrate 2	IRS2*	This study. D0/D4 (+/- insulin) score of 11.24 in <b>supplementary table 1. [125]</b>
TPTAR[SsPPLPPPAEER]T SAPPPK[AQsVpVQAPPPGSAQLLPK]V R[VPGQGLENRGEPPTPpPAPAPAVAPGGSSSESSGR]A	IPI00045360 Protein capicua homolog Q96RK0	CIC	In Olsen et al (2006) Global, in vivo, and site-specific phosphorylation dynamics in signaling networks. Cell. 127, 635-648 (pSer279 and pSer1462) <b>[92]</b>
ADDSPSQLSK[WPGSPsSR]G GGGR[AGsAmAIGGGGSGTLGSGLLLEDSAR]V	IPI00012856 Forkhead box protein O3A	FOXO3	<b>[114]</b>
KLSRK[AIsSANLLVRS]S SERPRQKLSR[KAIIsSANLLVR] AGPAPATPSR[TPsLSPASSLDV] GKDASIFQWR[VLGAGGAGPAPATPsSR] GKDASIFQWR[VLGAGGAGPAPAIpsRTPSLSPASSLDV]	IPI00167909 echinoderm microtubule associated protein like 3 (ELP95/ELM3)	EML3*	D0/D4 (+/- insulin) score of 1.7 in <b>supplementary table 1</b> . Binds to 14-3-3-Sepharose in extracts of serum-stimulated, but not unstimulated, HeLa cells (Pozuelo Rubio et al (2004) 14-3-3 affinity purification of over 200 human phosphoproteins reveals new links to regulation of cellular metabolism, proliferation and trafficking. Biochem J. 379, 395-408). Also identified in Jin et al (2004) Proteomic, functional, and domain-based analysis of in vivo 14-3-3 binding proteins involved in cytoskeletal regulation and cellular organization. Curr Biol. 14, 1436-1450. <b>[12]</b>
PLSR[TRsEPLPPSATAPPPGPmQPR] TPAR[tLPFTTGLIYDsVMLK] PLSR[AQsSPAAPASLSAPEPASQAR] AKPSEKPRLR[QIPsAEDLETDGGGPGQVVDDGLEHR]	IPI00386808 HDAC7A protein	HDAC7	Kao et al (2001) Mechanisms for nucleocytoplasmic shuttling of histone deacetylase 7. J. Biol. Chem 276, 47496-47507; Li et al (2004) Phosphorylation of the histone deacetylase 7 modulates its stability and association with 14-3-3 proteins. J. Biol. Chem. 279, 34201-34208. <b>[13]</b>
RLGLR[KTGsYGALAE] RLGLR[KIsGSYGALAEITASK] RSRQARQSR[SIQGVTLTDLQEAEK] LAYVAPTIPR[RLAsTSDIEEKENR] ARQSR[RSIQGVTLTD]	IPI00183002 Isoform 1 of Protein phosphatase 1 regulatory subunit 12A = PP1 smooth muscle regulatory subunit M110 (O14974) MYPT1	PPP1R12A	Koga Y, Ikebe M. (2008) A Novel Regulatory Mechanism of Myosin Light Chain Phosphorylation via Binding of 14-3-3 to Myosin Phosphatase. Mol Biol Cell. 19, 1062-1071. <b>[8]</b>
R[AAHTEDINACTLTTsPR]L RQR[STsTPNVHmVSTTLPVDSR]M SQRQR[SsTPNVHmVSTTLPVDSR]	IPI00021786 RAF proto-oncogene serine/threonine-protein kinase (c-Raf)	RAF1	Well-characterised 14-3-3-regulated protein, reviewed in Wilker E and Yaffe MB (2004) 14-3-3 proteins – a focus on cancer and human disease. J. Mol. Cell Cardiol. 37, 633-642. <b>[100]</b>
LTRLR[RTEsVPSDINNPVDR]A*	IPI00013384 Isoform 2 of Kinase suppressor of ras-1 (KSR)	KSR1	The phosphoserine residue identified here is one of the sites known to mediate 14-3-3-binding to KSR (Cacace et al (1999) Identification of constitutive and ras-inducible phosphorylation sites of KSR: implications for 14-3-3 binding, mitogen-activated protein kinase binding, and KSR overexpression. Mol Cell Biol. 19, 229-240).



			<b>[110]</b>
SSKR[RS <sub>1</sub> LPNGEGLQLK]E*	IPI00736251 PREDICTED: similar to protein phosphatase 1H	<b>PPM1H</b>	Zhang et al (1997) Serine phosphorylation-dependent association of the band 4.1-related protein-tyrosine phosphatase PTPH1 with 14-3-3beta protein. J Biol Chem. 272, 27281-27287. <b>[109]</b>
QEPPNPRMKR[AS <sub>1</sub> LNFLNK] NPRMK[RAS <sub>1</sub> LNFLN] LSDSR[TLSS(S)SMD]	IPI00021634 Kinesin light chain 2	<b>KLC2</b>	* Kinesin heavy chains (KIF5A and KIF5B) bind to KLCs and had D0/D4 (+/- insulin) scores of 2.16 and 1.99, respectively in <b>supplementary table 1</b> ). Direct binding to 14-3-3 involves phosphorylation at RASsLNFLN (Ichimura et al (2002) Phosphorylation-dependent interaction of kinesin light chain 2 and the 14-3-3 protein. Biochemistry. 41, 5566-5572; Pozuelo Rubio et al (2004) 14-3-3-affinity purification of over 200 human phosphoproteins reveals new links to regulation of cellular metabolism, proliferation and trafficking. Biochem J. 379, 395-408). <b>[42]</b>
QVSR[GLS <sub>1</sub> ASTMDLSS] NMKR[AA <sub>1</sub> LNFLNQP] EPRPSSSNMK[RAA <sub>1</sub> LNFLNQPAAAPLQVSR]	IPI00398812 Kinesin light chain 4	<b>KLC4</b>	See KLC2. <b>[9]</b>
AGMKR[AM <sub>1</sub> LNTLNVDAPR] EAAAGAAGMK[RAM <sub>1</sub> LNTLNVDAPR] SPPR[RD <sub>1</sub> LASLFPSEEEER]	IPI00465074 Isoform 3 of Kinesin light chain 3	<b>KLC3</b>	See KLC2. <b>[15]</b>
LADSR[ALSA <sub>1</sub> HTDLAH] EEMKR[A(SS)LNVLNVGGK] SGPDGGEEMK[RA(SS)LNVLNVGGK]	IPI00337465 Isoform P of Kinesin light chain 1	<b>KLC1</b>	See KLC2. Need not be isoform P. Could be a longer isoform. <b>[33]</b>
DIRR[RL <sub>1</sub> EQLAHTPTAFK]R NLKR[TA <sub>1</sub> SNPKVENEDPVR]L RSTR[ <sub>1</sub> VENLPECGITHEQR]A R[STR <sub>1</sub> VENLPECGITHEQR]A (same site as above)	IPI00165547 Isoform 2 of Phosphatidylinositol 4-kinase beta	<b>PI4KB</b>	The mammalian and S. cerevisiae (Pik1) versions bind to 14-3-3s. Hausser et al. (2006). Phospho-specific binding of 14-3-3 proteins to phosphatidylinositol 4-kinase III beta protects from dephosphorylation and stabilizes lipid kinase activity. J. Cell Sci 119, 3613–3621; Hausser et al. (2005). Protein kinase D regulates vesicular transport by phosphorylating and activating phosphatidylinositol-4 kinase IIIbeta at the Golgi complex. Nat. Cell Biol 7, 880–886; Demmel et al (2008) Nucleo-cytoplasmic Shuttling of the Golgi Phosphatidylinositol 4-Kinase Pik1 Is Regulated by 14-3-3 Proteins and Coordinates Golgi Function with Cell Growth. Mol Biol Cell. Mol Biol Cell. 19, 1046-1061. <b>[57]</b>

RPLSR[AQ(SS)PASATFPVSVQEPPTKPR]	IPI00010088 Histone deacetylase 4	HDAC4	Wang et al (2000) Regulation of histone deacetylase 4 by binding of 14-3-3 proteins. Mol Cell Biol. 20, 6904-6912; Grozinger CM, Schreiber SL. (2000) Regulation of histone deacetylase 4 and 5 and transcriptional activity by 14-3-3-dependent cellular localization. Proc Natl Acad Sci U S A. 97, 7835-7840). [37]
RQQGK[SLSPTDNLELSLR]S	IPI00384861 Isoform 1 of ARF GTPase-activating protein GIT1	GIT1	Angrand et al (2006) Transgenic mouse proteomics identifies new 14-3-3-associated proteins involved in cytoskeletal rearrangements and cell signaling. Mol Cell Proteomics. 5, 2211-2227. [60]
RIRR[RGDIDNPTLTVmDISPPSR]S	IPI00513803 Mitogen-activated protein kinase kinase kinase 2 (MEKK2; MAP3K2)	MAP3K2	Fanger et al (1998) 14-3-3 proteins interact with specific MEK kinases. J Biol Chem. 273, 3476-83. [107]
K[ASQAGDINTIYQPPEPR]S	IPI00017801 mitogen-activated protein kinase kinase kinase 3 isoform 2	MAP3K3	Fritz et al (2006) Phosphorylation of serine 526 is required for MEKK3 activity, and association with 14-3-3 blocks dephosphorylation. J Biol Chem. 281, 6236-6245; Chun et al (2003) Inhibition of mitogen-activated kinase kinase kinase 3 activity through phosphorylation by the serum- and glucocorticoid-induced kinase 1. J Biochem. 133, 103-108. (Ser166). [127]
R[VLDTSSLTQSAPASPTNK]G R[VLDTSSLTQAPASPTNK]G	IPI00166044 Isoform 1 of Regulatory-associated protein of mTOR	Raptor (No HGNC name)	Gwinn et al (2008) AMPK phosphorylation of raptor mediates a metabolic checkpoint. Mol Cell. 30, 214-226. [87]
GIMR[RGEsLDNLDSR]S RQR[SAsVNKEPVSLPGImR]R SASLPRSYRK[TDTVRLTmVVTPRPFGSQTR]	IPI00291802 Isoform 3 of LIM domain only protein 7	LMO7*	D0/D4 (+/- insulin) score of 3.51 in <b>supplementary table 1</b> . [20]
RLR[RVAALLLR]S R[LPARELAPAR]L	IPI00022240 Isoform 1 of NifU-like N-terminal domain-containing protein, mitochondrial precursor	ISCU	[85]
MIHR[STsQGSINSPVYSR]H SPR[(TLS)PTPSAEGYQDVR]D MKR[R(SS)GREEDDEELLR]R K[QHAALAAQSKsSEDIK]F MRMDR[GVsmPNmLEPK]*	IPI00329495 Isoform 1 of Actin-binding LIM protein 1 (abLIM-1)	ABLIM1	[25]
VRMR[NQsLGQSAPSLTAGLK]E	IPI00480046 Microtubule-	MAST2	[68]

	associated serine/threonine-protein kinase 2 (MAST2; MAST205)		
FPMAR[ <b>S</b> ISTSGPLDKEDTGR]Q RNR[NL <b>S</b> GGVLMGFmLNR]I RKR[HK <b>S</b> DNETNLQQVWGNR]N	IPI00396063 Similar to IRLB	DENND4A	[19]
RQR[NL <b>S</b> GSTLYPVSNIPR]S	IPI00640136 Regulatory factor X domain containing 2	RFX7	(At time of writing, the old gene name RFXDC2 is listed in the IPI database). [39]
VTEVR[IKTEP <b>S</b> SPLSDPSDIIR]V K[IQPLEPD <b>S</b> PTGLSENPTPATEK]L	IPI00008137 Zinc finger protein 295 Q9ULJ3 (Zinc finger and BTB domain-containing protein 21)	ZNF295	Also, pSer714 (Olsen et al 2006) Global, in vivo, and site-specific phosphorylation dynamics in signaling networks. Cell. 127, 635-648; Also, pSer411; pSer422; pSer435; pSer983 and pSer1003 in Beausoleil et al (2004) Large-scale characterization of HeLa cell nuclear phosphoproteins. Proc Natl Acad Sci U S A. 101, 12130-12135. [67]
DKPEKLYSPK[RIDFTPV <b>S</b> PAPSPTR] DKPEKLYSPK [RIDFTPV <b>S</b> PAP <b>S</b> PTR] DKPEKLYSPK [RIDFTPV <b>S</b> PAP <b>S</b> PTR] APSPTRGFGK[MFVSSSGLP <b>S</b> PVPSPR] DKPEKLYSPK[RIDFTPV <b>S</b> PAPSP <b>R</b> GFGK] DKPEKLYSPK[RIDFTPV <b>S</b> PAPSP <b>R</b> GFGK] RRNSTTIMSR[H <b>S</b> LEEGLDmVNR]E SGLSSDPLAK[GSATA <b>S</b> PVACSNSSCSFILmDDLSPK]	IPI00749302Hypothetical protein DKFZp686L20116	FAM122B*	D0/D4 (+/- insulin) score of 3.46 in <b>supplementary table 1</b> . Related to FAM122A (next in list). The serine residue marked in grey, is similar to the RSNpSAP site found by MS in FAM122A, but was not identified by MS data for FAM122B). 1MAQEKMELDLEPDTSYGGTLRRSS <b>S</b> APLIHGLSDLSQVF Q PYTLRTRRN(pS)TTIMSRHSLE60 [4]
RRNSTTFPSR[HGLLLPA <b>S</b> PVR] NDVEKSASP[RIDFIPV <b>S</b> PAPSPTR] NDVEKSASP[RIDFIPV <b>S</b> PAP <b>S</b> PTR] NDVEKSASP[RIDFIPV <b>S</b> PAP <b>S</b> PTR] GSGGGGGLRR[SN <b>S</b> APLIHGLSDTSPVFQAEAPSAR] GGGLR[RSN <b>S</b> APLIHGLSDTSPVFQAEAPSAR]	IPI00061087 Protein FAM122A	FAM122A	1MAQEKMELDLELPPGTGGSPAEGGGSGGGGGLRRSN(pS) APLIHGLSDTSPVFQAEAPSARRNSTTFPSRHGLLLPASPVR MHSSRLHQIKQEEGMDLINRETVHEREVQTAMQISHSWEE SFSLSDNDVEKSASPKRIDFIPVSPAPSPTR GIGKQCFSPS [14]
RSCNR[m <b>S</b> HTETSSFLQTLTGR]L K[AAPWGSNP <b>S</b> PSAESTQAmDR]S	IPI00183572 Isoform 2 of Dedicator of cytokinesis protein 7; (Q96N67)	DOCK7	Listed as KG358 in Pozuelo Rubio et al (2004) 14-3-3-affinity purification of over 200 human phosphoproteins reveals new links to regulation of cellular metabolism, proliferation and trafficking. Biochem J. 379, 395-408. [73]

RHCR[SLsVPVDLSR]W* PPQR[RFsLsPSLGPQASR]F	IPI00009900 Protein FAM53C (distantly related to a dorsal neural-tube nuclear protein) Q9NYF3	FAM53C	Beausoleil et al (2004) Large-scale characterization of HeLa cell nuclear phosphoproteins. Proc Natl Acad Sci U S A. 101, 12130-12135. <b>[102]</b>
SSRDK[RPLsGPDVGTQPAGLASGAK]L* QESSR[DKRPLsGPDVGTQPAGLASGAK]L	IPI00014068 Isoform 1 of Ser/thr-protein kinase PAK 4	PAK4	<b>[105]</b>
LRKR[RVsQDLEVEKPDASPTSLQLR]S NKNRR[SLPVSICR]S*	IPI00304817 SAM and SH3 domain-containing protein 1 (SASH1) (O94885)	<b>SASH1</b>	Rimkus et al. (2006) Prognostic significance of downregulated expression of the candidate tumour suppressor gene SASH1 in colon cancer. Br J Cancer. 95, 1419-1423. Benzinger A, Muster N, Koch HB, et al. (2005). Targeted proteomic analysis of 14-3-3 sigma, a p53 effector commonly silenced in cancer. Mol. Cell Proteomics 4, 785–795. Also found to be insulin-regulated in this study. <b>[115]</b>
EGGSR[RLsLPGLLSQVsPR]L*	IPI00295004 Isoform 1 of Alsin (Amyotrophic lateral sclerosis protein 2) (Q96Q42)	ALS2	<b>[118]</b>
KMNGR[KQsLGELIGTLNAAK]V	IPI00451401 Isoform 2 of triosephosphate isomerase (TIM), d-glyceraldehyde 3-phosphate and dihydroxyacetone phosphate during glycolysis	TPI1*	D0/D4 (+/- insulin) score of 1.7 in <b>supplementary table 1</b> . Knowles JR (1991) Enzyme catalysis: not different, just better. Nature 350, 121-124. <b>[132]</b>
DPSNR[SNsmLELAPK]V KYDNHVGTSK[QPAQSQNLsPLSGFSR] GAYWNGKLLR[SHSQASLAGPGVPDPSNR] SNSMLELAPK[VAsgPGSTIDTAPLSSVDSLK]	IPI00218136 137 kDa protein (part of something bigger) Cingulin	CGN	<b>[10]</b>
DGLRR[AQsTDSLGL] DNDMFKDGLR[RAQsTDSLGTSGSLQSK] DNDMFKDGLR[RAQsDsLGTSGSLQSK] NEEEHLDSTR[GsvHSLDAGLLLPSGDPFSK] NEEEHLDSTR[GsvHsLDAGLLLPSGDPFSK]	IPI00293009 Isoform 1 of Rab GTPase-binding effector protein 1 (Rabaptin-5) (Rabaptin-5alpha) (Rabaptin-4) (NY-REN-17)	RABEP1	<b>[5]</b>
RILVK[SLsLDPGQSLEPHPEGPQR] EGPQR[LRsDPGPPTETPSQRPSPLK]*	IPI00024312 FYVE, RhoGEF and PH domain-	FGD1	<b>[18]</b>

GASEPGLLAR[RG]GSALGGPLDPQFVGPSDTSLGAA PGHR]	containing protein 1 =Faciogenital dysplasia 1 protein (P98174) (Aarskog- Scott syndrome gene)		
FKK[RA]LQASTAAPEAR]G K[HFPLDLRT]mDGK]C RLER[Q]QDVKLEPDILLR]A	IPI00007722 Adenosine monophosphate deaminase	AMPD2	[27]
RRTKR[HR(ST)PHLDGAGGGAAGEDGDLGLGSAR*] A	IPI00022107 PREDICTED: similar to leucine rich repeat and fibronectin type III domain containing 1	LRFN1	[51]
PLKR[(SSS)ETILSSLAGSDIVK]G	IPI00009862 Cerebellar degeneration-related protein 2 Q01850(Paraneoplastic cerebellar degeneration- associated antigen) (Major Yo paraneoplastic antigen)	CDR2	[52]
R[LEAAEAAGGASPD]PPER]G R[GAGDDTEPPAAPARPR]PR]A R[LAEPVVATPALVAAAPT]PDHSPA	IPI00420019 Isoform 1 of Protein Dos	C19orf26	[76]
K[FATL]LHDR]K	IPI00290950 isoform 2 of WD repeat domain 20	WDR20*	D0/D4 (+/- insulin) ratio of 1.54 in <b>supplementary table 1</b> . [81]
YQISR[GN]DGYIIPINK]E R[DSLTY]mPNLR]	IPI00017562 Isoform 2 of Latrophilin-2 precursor O95490 Calcium- independent alpha- latrotoxin receptor 2 (Lectomedin-1)	LPHN2	[84]
ENFAR[AN]DIISLNR]S	IPI00478176 hypothetical protein LOC90362 NP_671722	FAM110B	[89]
PPPKVNPWTK[NALPPVLTTVNGQ]PPEHSAPAK] RKRKTR[HS]NPPLESHVGVVmDSR]E HKEGTGQQR[ESPRPLQLPGAEGPAIS]DGEEGGGEP GAGGGAAGAAGAGR]	IPI00185919 Isoform 1 of La-related protein 1	LARP1	[94]
K[ELLTSD]PPHNDImTPVDPGVAQPNSR]V	IPI00289866 Forkhead box protein O1A	FOXO1	[95]

RMNAR[YQ]QPVTLGEVEQVQSGK]L*	IPI00018370 Isoform 2 of Supervillin	SVIL	[99]
LSSVLR[RS]FSEGQTLTVTSGAK]K	IPI00060439 KIAA0226 protein (Fragment)	KIAA0226	[101]
RISR[S]LGDSEGPVATLAQPLR]	IPI00386732 R34001_1	WDR62	[108]
AGHR[RTP]EADRWLEEVSK]S AGHR[R]PSEADRWLEEVSK]S	IPI00028059 Isoform 1 of Protein numb homolog	NUMB	[116]
GLQR[SAS]SSWLEGTSTQAK]E	IPI00014340 Myosin binding subunit 85	PPP1R12C	[120]
VNGR[KT]LDVSNSEAPGFLAPGAR]S	IPI00171636 Neuron navigator 1 (NAV1)	NAV1	[124]
KIPGR[RN]RTEEPTVASESVENGHR]K TLLK[mTS]PVGPGTASAGPSLPGGALPTSVR]S R[ATPVQLPSPPC]SSPVVPSHPPVQVK]E	IPI00179071 Nuclear receptor coactivator 6	NCOA6	[38]
M[SRGP]SAVLPSALG]sR]K KLGPR[SL]CLSDLGGVALEPR]A	IPI00006682 Protein phosphatase 1 regulatory subunit 3D	PPP1R3D	[45]
R[AQTPISSLP]SPSDEVGR]R DPSSR[LS]SPPPPAIAVPLLEmGFSLR]Q QQR[RV]STDLPEGQDVYTAACNSVIHR]C	IPI00022479 guanine nucleotide exchange factor p532	HERC1	[47]
QPRRR[S]IQDLTVTGTEPGQVSSR]S R[RR]IQDLTVTGTEPGQVSSR]S (same site as above)	IPI00218566 Mitogen-activated protein kinase kinase kinase 7	MAP3K7	[50]
EFFR[AN]TSDSVFTETPSPVLK]N	IPI00294391 Cdc42 effector protein 3	CDC42EP3	[56]
R[APSLPAPPYAGAPG]PR]T R[QSQESLPGAV]PLSGR]R PLSR[RN]APEAQESGPPSGLR]Q	IPI00465409 ankyrin repeat domain 34	ANKRD34A	[62]
RALSR[QL]SGVSEIR]H	IPI00025512 Heat-shock protein beta-1	HSPB1*	D0/D4 (+/- insulin) score of 2.72 in <b>supplementary table 1</b> . [119]
NAMR[VL(ST)STDLEAAVADALK]K K[ECDIVSRDGGGAASPA]EGR]G	IPI00396279 CLIP-associating protein 1	CLASP1	[121]
PLSSR[S]APASPTHPHLmSPR]	IPI00556645 forkhead box K1	FO XK1*	D0/D4 (+/- insulin) score of 0.34 in <b>supplementary table 1</b> . [34]
R[RSPSV(SS)PEPAEK]S K[mALPPQEDATA]PPR]Q K[AGmSSNQSIS]PVLDAVPR]T	IPI00782992 Isoform 1 of Serine/arginine repetitive matrix protein 2	SRRM2	[53]

SPEHK[ELNSPLR]			
R[HTPPTIGGLPYR]R	IPI00299588 ArgBPIB protein (abl interactor 2)	ABI2	[75]
K[HSL(SS)GGFSPVAGVGAQGDYQRPHSAQPADR]G	IPI00337612 Discoidin, CUB and LCCL domain-containing protein 1 precursor	DCBLD1	[117]
FGKPDGLRGR[GVGPEPGPTAPYLGR]K[LLRQSPPLPGREEEPGLGDSGIQSTPGSGHAPR]T	IPI00216546 Isoform 2 of Probable palmitoyltransferase ZDHHC5	ZDHHC5	[122]
KDLLDAGFKR[KVAVYIIVDESNVK]VPLRR[RHSEQVANGPTPPPR]	IPI00419166 hypothetical protein LOC644815 (has a Phospholipase D domain)	FAM83G	[134]
LHK[QQSLPLRPIIPLVAR]I *	IPI00002515 TBC1 domain family member 22B EAX03940	TBC1D22B	[142]
SLSPK[STSPPSPEVWADSR]*	IPI00216633 Isoform Short of Dematin (Erythrocyte membrane protein band 4.9) (Q08495)	EPB49	[143]
QPR[RAAPTTPPPPVK]	IPI00009319 Isoform 1 of SH3 adapter protein SPIN90 (Q9NZQ3)	NCKIPSD	[144]
R[IHRASDPGLPAEEPK]PDGRFHLPPR[IHRASDPGLPAEEPKEK]	IPI00301263 CAD protein	CAD*	D0/D4 (+/- insulin) score of 2.7 (band 2) and 6.66 (band 1) in <b>supplementary table 1</b> . [145]
R[VTNDIPEsSPGVGR]R R[YmSQmVPEQAELEK]L	IPI00031376 PCM1 protein	PCM1	[147]
R[GLSDHVSLDGQELGTR]S QVPGGR[EIPQGELRPEVVEDEVPRSPVAEEPGGGSSSSEAK]L	IPI00028359 Hypothetical protein DKFZp761F0123	SH3BP5L	[22]
R[ALVHQLNESR]L R[IHAESLLLDPAVAK]S R[LH(SS)NPNLSTLDFGEEK]N K[QLmEQDASSPSAQVIGLK]N	IPI00169296 Isoform 2b of Oxysterol-binding protein-related protein 3	OSBPL3	[24]
R[GPVQHVVEAPDGAAAAASGSLDSFSR]G	IPI00552905 Isoform 1 of	PRRT3	[46]

GRCRSLSDVVR[VRGPVVPQHVVVEAPDGAAAAASG]SL DSFSR]	Proline-rich transmembrane protein 3		
R[QAGAPGGSSGSGG]PELSALR]L	IPI00032236 Isoform 2 of Angiomotin-like protein 2	AMOTL2	[63]
K[LQELASPPAGRP]PAPR]K R[VEQmPQA]PGLAPR]T	IPI00174962 Molecule interacting with Rab13	MICALL1*	MICALL1 had an off-scale D0/D4 score (L), meaning that it was only found in the preparation from insulin-stimulated cells in <b>supplementary table 1</b> . [83]
R[GGISVQVNSIKFD]E]-	IPI00216654 Isoform Beta of Nucleolar phosphoprotein p130	NOLC1	[88]
M[PCSEETPAI]PSKR]A	IPI00375015 Isoform DUT-N of Deoxyuridine 5'-triphosphate nucleotidohydrolase	DUT*	D0/D4 (+/- insulin) score of 1.44 in <b>supplementary table 1</b> . Phosphorylated site is in N-terminus of nuclear form (splice variant), and not in mitochondrial splice variant. [91]
AVTK[AS]FSGISVLTR]G	IPI00014214 R3H domain protein 1	R3HDM1	[93]
VRSMRPPVTK[AS]FSGISILTR]	IPI00007227 R3H domain containing 2	R3HDM2	[48]
R[RTDGGSTA]LGGEIK]G	IPI00747018 Sodium- and chloride-dependent creatine transporter 2	CT2 (no HGNC name)	This has been reported as a pseudogene. [96]
R[DFTNEAPPAPLPDASA]PLSPHR]R SEKRAFPRKR[DFTNEAPPAPLPDASA]PL]PHRR] R[mEVDR]PGLPmSDLK]T	IPI00295457 myosin phosphatase-Rho interacting protein isoform 1	M-RIP	[98]
K[VGmFEAHIQAQSSAIQAPR]PR]L	IPI00021449 Isoform 1 of Inositol-trisphosphate 3-kinase B	ITPKB	[133]
K[S(SS)PAPADIAQTVQEDLR]T	IPI00012442 Ras-GTPase-activating protein-binding protein 1	G3BP1	[138]
K[SMNKSIHIVVTMAKSLN]VENK]I	IPI00012469 Signaling lymphocytic activation molecule precursor	SLAMF1	[148]
R[QHEAPSNRPLNELLPQGP]PR]T	IPI00020578 ARAF protein	ARAF	[149]
K[QPEtAAALA]SGSVVSSvPKAQR]N	IPI00216664 Isoform 6 of CKLF-like MARVEL	CMTM1	[150]



	transmembrane domain-containing protein 1		
K[ATSEIFH <sub>s</sub> QSFLATGSNLR]K	IPI00153055 Isoform 2 of Septin-10	SEPT10	[103]
R[DQLSQNVHALV <sub>s</sub> FR]R	IPI00414743 SH2 domain containing 5	SH2D5	[104]
TLNFGPEWLR[ALSSGGSIT <sub>s</sub> PPLSPALPK] YAQVLAQQQK[AAL(SS)QQQQQLALLLQQFQTLK]	IPI00784233 Grb10 interacting GYF protein 2	GIGYF2	[26]
PPGFAPLAPR[LGPELSPSPTSP <sub>s</sub> ATSTTPSR]	IPI00000893 Zinc finger protein 36	ZFP36	[55]
LRLGAPEAR[RSATLSG <sub>s</sub> ATNLASLTAALAK] GLRLGAPEAR[RSATLSG <sub>s</sub> ATNLASLTAALAK]	IPI00021753 kinesin family member 13B	KIF13B	[61]
ESPSLDPGRR[LPIFSRL <sub>s</sub> ISDD] SEPSLDPGR[RLPIFSRL <sub>s</sub> ISDD]	IPI00026947 Zinc finger protein 36	ZFP36L2	[74]
FLQSLECLRR[S <sub>s</sub> QSLSLQR]E SPMEEEEKAKK[SFLQ <sub>s</sub> LECLR]R LQREQLSSCK[LRN <sub>s</sub> LDSSSDSAL].	IPI00398347 protein AG2 homolog	LOC387763	[86]
PRPPQPKKSK[KASGSGGG <sub>s</sub> AALGPSFGPSGGSGTK LPK]	IPI00014414 bromodomain containing 2	BRD2	[123]
DIKKSPDGTR[VVGKCGGYCGKCTPSSG <sub>s</sub> GLEVR]	IPI00386763 ADAM metalloproteinase with thrombospondin type 1 motif, 9	ADAMTS9	[141]
RSLLEGQDAK[MIGFPSSAGSV <sub>s</sub> PR]	IPI00009866 Isoform 1 of Keratin 13	KRT13	[59]

Band num	prot_hit	nu_prot	prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy		
1	1	1	IPI00289334	Isoform 1 of Filamin-B	477.290727	952.5669	2	3	2.15	0.24	952.572983	47.15	AGLAPLEVR							
1	1	1			477.290785	952.567	2					952.572983	50.58	AGLAPLEVR						
1	1	1			506.299693	1010.585	2					1010.589676	52.47	IAGPGLGSGVR						
1	1	1			510.750342	1019.486	2					1010.589676	69.88	IAGPGLGSGVR						
1	1	1			510.750649	1019.487	2					1019.494812	26.18	YADEEIPR						
1	1	1			532.288074	1062.562	2					1019.494812	35.41	YADEEIPR						
1	1	1			565.820028	1129.626	2					1062.562164	26.01	SPFEVSVDK						
1	1	1			565.820247	1129.626	2					1129.626816	48.65	VNQPASFAIR						
1	1	1			565.820247	1129.626	2					1129.626816	39.7	VNQPASFAIR						
1	1	1			574.788535	1147.563	2					1129.626816	49.34	VNQPASFAIR						
1	1	1			574.788662	1147.563	2					1147.564606	33.74	IFAQDGEGQR						
1	1	1			578.320374	1154.626	2					1147.564606	23.21	IFAQDGEGQR						
1	1	1			594.331053	1186.648	2					1154.624771	23.73	TYSVEYLPK						
1	1	1			616.309046	1230.604	2					1186.646942	27.15	NTVELLVEDK						
1	1	1			616.309046	1230.604	2					1230.605103	41.57	VAVTEGCQPSR						
1	1	1			616.309089	1230.604	2					1230.605103	45.91	VAVTEGCQPSR						
1	1	1			616.309197	1230.604	2					1230.605103	47.53	VAVTEGCQPSR						
1	1	1			619.835549	1237.657	2					1230.605103	29.51	VAVTEGCQPSR						
1	1	1			633.853122	1265.692	2					1237.657852	33.41	VLQSFVDSK						
1	1	1			639.833121	1277.652	2					1265.689163	29.25	VLQSFVDSK						
1	1	1			435.577257	1303.71	3					1277.652725	43.34	TGEEVGFVDAK						
1	1	1			435.57746	1303.711	3					1303.717331	41.37	AWGPGLHGGIVGR						
1	1	1			435.57746	1303.711	3					1303.717331	50.33	AWGPGLHGGIVGR						
1	1	1			663.388041	1324.762	2					1303.717331	42.5	AWGPGLHGGIVGR						
1	1	1			663.388041	1324.762	2					1324.756119	31.62	VVPCLVTPVTGR						
1	1	1			663.388041	1324.762	2					1324.756119	35.09	VVPCLVTPVTGR						
1	1	1			685.848128	1369.682	2					1324.756119	46.75	VVPCLVTPVTGR						
1	1	1			457.578774	1369.714	3					1369.678986	45.79	DGTAVTYIPDK						
1	1	1			457.578774	1369.714	3					1369.716675	39.66	YGGELVPHFPAR						
1	1	1			715.39137	1428.768	2					1369.716675	39.62	YGGELVPHFPAR						
1	1	1			715.39137	1428.768	2					1428.759689	60.25	IGNLQTDLSGDLR						
1	1	1			715.39137	1428.768	2					1428.759689	66.59	IGNLQTDLSGDLR						
1	1	1			721.402297	1440.79	2					1428.759689	73.61	IGNLQTDLSGDLR						
1	1	1			744.851908	1487.689	2					1440.784821	50.97	AGPGTSLVTIEGPSK						
1	1	1			744.851908	1487.689	2					1487.699066	48.32	TFEMSDFIVDTR						
1	1	1			744.851908	1487.689	2					1487.699066	51.99	TFEMSDFIVDTR						
1	1	1			502.626411	1504.857	3					1487.699066	46.12	TFEMSDFIVDTR						
1	1	1			502.626411	1504.857	3					1504.853851	27.84	LPNNHIGISFIPR						
1	1	1			529.613641	1585.819	3					1504.853851	29.18	LPNNHIGISFIPR						
1	1	1			825.884729	1649.755	2					1585.816467	33.9	FADEHVPGPSFTVK						
1	1	1			825.884729	1649.755	2					1649.747879	93.78	VDIQTEDLEDGTCK						
1	1	1			825.884729	1649.755	2					1649.747879	81.12	VDIQTEDLEDGTCK						
1	1	1			825.884729	1649.755	2					1649.747879	56.93	VDIQTEDLEDGTCK						
1	1	1			828.94694	1655.879	2					1649.828476	31.42	VEVGKDQEFVTDTR						
1	1	1			828.94694	1655.879	2					1655.875381	85.33	GAGIGGLGITVEGPSEK	825.925	827.9375	3.76	1.66	2.27	
1	1	1			828.94694	1655.879	2					1655.875381	26.85	GAGIGGLGITVEGPSEK	828.9469	830.9595	1.04	0.45	2.31	
1	1	1			839.898496	1677.782	2					1655.875381	85.53	GAGIGGLGITVEGPSEK						
1	1	1			851.430588	1700.847	2					1677.77919	45.2	VDIQTEDLEDGTCK						
1	1	1			851.430588	1700.847	2					1700.842712	46.45	GAGTGGGLTVEGPCEAK	851.4306	853.4431	1.01	0.54	1.87	
1	1	1			851.430588	1700.847	2					1700.842712	93.94	GAGTGGGLTVEGPCEAK						
1	1	1			851.430588	1700.847	2					1700.842712	40.83	GAGTGGGLTVEGPCEAK						
1	1	1			966.960488	1931.906	2					1700.842712	93.82	GAGTGGGLTVEGPCEAK						
1	1	1			966.960488	1931.906	2					1931.900604	66.68	SPFVVQVGEACNPACR						
1	1	1			671.663503	2011.969	3					1931.900604	54.94	SPFVVQVGEACNPACR						
1	1	1			671.663503	2011.969	3					2011.965729	22.06	IPEINSSDMSAHVTSPSGR						
1	1	1			671.663503	2011.969	3					2011.965729	30.17	IPEINSSDMSAHVTSPSGR						
1	1	1			676.995797	2027.966	3					2011.965729	34.46	IPEINSSDMSAHVTSPSGR						
1	1	1			477.290727	952.5669	2	3	2.15	0.24		2027.960648	21.86	IPEINSSDMSAHVTSPSGR						
1	1	1	IPI00382696		Isoform 2 of Filamin-B	477.290727	952.5669	2				952.572983	47.15	AGLAPLEVR						
1	1	1				477.290785	952.567	2					952.572983	50.58	AGLAPLEVR					
1	1	1				506.299693	1010.585	2					1010.589676	52.47	IAGPGLGSGVR					
1	1	1				510.750342	1019.486	2					1010.589676	69.88	IAGPGLGSGVR					
1	1	1				510.750649	1019.487	2					1019.494812	26.18	YADEEIPR					
1	1	1				532.288074	1062.562	2					1019.494812	35.41	YADEEIPR					

Band num	prot_hit	nu_prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy
1	1			510.750649	1019.487	2				1019.494812	35.41	YADEEIPR					
1	1			532.288074	1062.562	2				1062.562164	26.01	SPFEVSVDK					
1	1			565.820028	1129.626	2				1129.626816	48.65	VNQPASFAIR					
1	1			565.820247	1129.626	2				1129.626816	39.7	VNQPASFAIR					
1	1			565.820247	1129.626	2				1129.626816	49.34	VNQPASFAIR					
1	1			574.788535	1147.563	2				1147.564606	33.74	IFAQDGGGQR					
1	1			574.788662	1147.563	2				1147.564606	23.21	IFAQDGGGQR					
1	1			578.320374	1154.626	2				1154.624771	23.73	TYSVEYLPK					
1	1			594.331053	1186.648	2				1186.646942	27.15	NTVELLVEDK					
1	1			616.309046	1230.604	2				1230.605103	41.57	VAVTEGCQPSR					
1	1			616.309046	1230.604	2				1230.605103	45.91	VAVTEGCQPSR					
1	1			616.309089	1230.604	2				1230.605103	47.53	VAVTEGCQPSR					
1	1			616.309197	1230.604	2				1230.605103	29.51	VAVTEGCQPSR					
1	1			619.835549	1237.657	2				1237.657852	33.41	VLQSFTVDSSK					
1	1			633.853122	1265.692	2				1265.689163	29.25	VLQSFTVDSSK					
1	1			639.833121	1277.652	2				1277.652725	43.34	TGEEVGFVVDK					
1	1			435.577257	1303.71	3				1303.717331	41.37	AWGPGHLGGIVGR					
1	1			435.57746	1303.711	3				1303.717331	50.33	AWGPGHLGGIVGR					
1	1			435.57746	1303.711	3				1303.717331	42.5	AWGPGHLGGIVGR					
1	1			663.388041	1324.762	2				1324.756119	31.62	VVPCLVTPVTGR					
1	1			663.388041	1324.762	2				1324.756119	35.09	VVPCLVTPVTGR					
1	1			663.388041	1324.762	2				1324.756119	46.75	VVPCLVTPVTGR					
1	1			685.848128	1369.682	2				1369.678986	45.79	DGTYAVTYIPDK					
1	1			457.578774	1369.714	3				1369.716675	39.66	YGGELVPHFPAR					
1	1			457.578774	1369.714	3				1369.716675	39.62	YGGELVPHFPAR					
1	1			715.39137	1428.768	2				1428.759689	60.25	IGNLQTDLSGDLR					
1	1			715.39137	1428.768	2				1428.759689	66.59	IGNLQTDLSGDLR					
1	1			715.39137	1428.768	2				1428.759689	73.61	IGNLQTDLSGDLR					
1	1			721.402297	1440.79	2				1440.784821	50.97	AGPGTSLVTIEGPSK					
1	1			744.851908	1487.689	2				1487.699066	48.32	TFEMSDFIVDTR					
1	1			744.851908	1487.689	2				1487.699066	51.99	TFEMSDFIVDTR					
1	1			744.851908	1487.689	2				1487.699066	46.12	TFEMSDFIVDTR					
1	1			502.626411	1504.857	3				1504.853851	27.84	LPNNHIGISFIPR					
1	1			502.626411	1504.857	3				1504.853851	29.18	LPNNHIGISFIPR					
1	1			529.613641	1585.819	3				1585.816467	33.9	FADEHVPSPFTVK					
1	1			825.884729	1649.755	2				1649.747879	93.78	VDIQTEDLEDGTCK					
1	1			825.884729	1649.755	2				1649.747879	81.12	VDIQTEDLEDGTCK					
1	1			825.884729	1649.755	2				1649.747879	56.93	VDIQTEDLEDGTCK					
1	1			825.924968	1649.835	2				1649.828476	31.42	VEVGKQEFVVDTR					
1	1			828.94694	1655.879	2				1655.875381	85.33	GAGIGGLGITVEGPSEK					
1	1			828.94694	1655.879	2				1655.875381	85.53	GAGIGGLGITVEGPSEK					
1	1			828.94694	1655.879	2				1655.875381	26.85	GAGIGGLGITVEGPSEK					
1	1			839.898496	1677.782	2				1677.77919	45.2	VDIQTEDLEDGTCK					
1	1			851.430588	1700.847	2				1700.842712	46.45	GAGTGGGLTVEGPCEAK					
1	1			851.430588	1700.847	2				1700.842712	93.94	GAGTGGGLTVEGPCEAK					
1	1			851.430588	1700.847	2				1700.842712	40.83	GAGTGGGLTVEGPCEAK					
1	1			851.430588	1700.847	2				1700.842712	93.82	GAGTGGGLTVEGPCEAK					
1	1			966.960488	1931.906	2				1931.900604	66.68	SPFVVQVGEACPNACR					
1	1			966.960488	1931.906	2				1931.900604	54.94	SPFVVQVGEACPNACR					
1	1			671.663503	2011.969	3				2011.965729	22.06	IPEINSSDMSAHVTSPSGR					
1	1			671.663503	2011.969	3				2011.965729	30.17	IPEINSSDMSAHVTSPSGR					
1	1			671.663503	2011.969	3				2011.965729	34.46	IPEINSSDMSAHVTSPSGR					
1	1			676.995797	2027.966	3				2027.960648	21.86	IPEINSSDMSAHVTSPSGR					
1	1	IPI00477536	Filamin B	477.290727	952.5669	2	3	2.15	0.24	952.572983	47.15	AGLAPLEVR					
1	1			477.290785	952.567	2				952.572983	50.58	AGLAPLEVR					
1	1			506.299693	1010.585	2				1010.589676	52.47	IAGPGLGSGVR					
1	1			506.30049	1010.586	2				1010.589676	69.88	IAGPGLGSGVR					
1	1			510.750342	1019.486	2				1019.494812	26.18	YADEEIPR					
1	1			510.750649	1019.487	2				1019.494812	35.41	YADEEIPR					
1	1			532.288074	1062.562	2				1062.562164	26.01	SPFEVSVDK					
1	1			565.820028	1129.626	2				1129.626816	48.65	VNQPASFAIR					
1	1			565.820247	1129.626	2				1129.626816	39.7	VNQPASFAIR					
1	1			565.820247	1129.626	2				1129.626816	49.34	VNQPASFAIR					

Band num	prot_hit	nu_prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy
1	1			574.788535	1147.563	2				1147.564606	33.74	IFAQDGEQQR					
1	1			574.788662	1147.563	2				1147.564606	23.21	IFAQDGEQQR					
1	1			578.320374	1154.626	2				1154.624771	23.73	TVSVEYLPK					
1	1			594.331053	1186.648	2				1186.646942	27.15	NTVELLVEDK					
1	1			616.309046	1230.604	2				1230.605103	41.57	VAVTEGCQPSR					
1	1			616.309046	1230.604	2				1230.605103	45.91	VAVTEGCQPSR					
1	1			616.309089	1230.604	2				1230.605103	47.53	VAVTEGCQPSR					
1	1			616.309197	1230.604	2				1230.605103	29.51	VAVTEGCQPSR					
1	1			619.835549	1237.657	2				1237.657852	33.41	VLQSFVDSK					
1	1			633.853122	1265.692	2				1265.689163	29.25	VLQSFVDSK					
1	1			639.833121	1277.652	2				1277.652725	43.34	TGEEVGFVDAK					
1	1			435.577257	1303.71	3				1303.717331	41.37	AWGPGLHGGIVGR					
1	1			435.57746	1303.711	3				1303.717331	50.33	AWGPGLHGGIVGR					
1	1			435.57746	1303.711	3				1303.717331	42.5	AWGPGLHGGIVGR					
1	1			663.388041	1324.762	2				1324.756119	31.62	VVPCLVTPVTGR					
1	1			663.388041	1324.762	2				1324.756119	35.09	VVPCLVTPVTGR					
1	1			663.388041	1324.762	2				1324.756119	46.75	VVPCLVTPVTGR					
1	1			685.848128	1369.682	2				1369.678986	45.79	DGTAVTYIPDK					
1	1			457.578774	1369.714	3				1369.716675	39.66	YGGELVPHFPAR					
1	1			457.578774	1369.714	3				1369.716675	39.62	YGGELVPHFPAR					
1	1			715.39137	1428.768	2				1428.759689	60.25	IGNLQTDLSDGLR					
1	1			715.39137	1428.768	2				1428.759689	66.59	IGNLQTDLSDGLR					
1	1			715.39137	1428.768	2				1428.759689	73.61	IGNLQTDLSDGLR					
1	1			721.402297	1440.79	2				1440.784821	50.97	AGPGLTSLVIEGPK					
1	1			744.851908	1487.689	2				1487.699066	48.32	TFEMSDFVDR					
1	1			744.851908	1487.689	2				1487.699066	51.99	TFEMSDFVDR					
1	1			744.851908	1487.689	2				1487.699066	46.12	TFEMSDFVDR					
1	1			502.626411	1504.857	3				1504.853851	27.84	LPNNHIGISFIPR					
1	1			502.626411	1504.857	3				1504.853851	29.18	LPNNHIGISFIPR					
1	1			529.613641	1585.819	3				1585.816467	33.9	FADEHVGPSPFTVK					
1	1			825.884729	1649.755	2				1649.747879	93.78	VDIQTEDLEDGCK					
1	1			825.884729	1649.755	2				1649.747879	81.12	VDIQTEDLEDGCK					
1	1			825.884729	1649.755	2				1649.747879	56.93	VDIQTEDLEDGCK					
1	1			825.924968	1649.835	2				1649.828476	31.42	VEVGDKQEFVDR					
1	1			828.94694	1655.879	2				1655.875381	85.33	GAGIGGLGITVEGPSEK					
1	1			828.94694	1655.879	2				1655.875381	85.53	GAGIGGLGITVEGPSEK					
1	1			828.94694	1655.879	2				1655.875381	26.85	GAGIGGLGITVEGPSEK					
1	1			839.898496	1677.782	2				1677.77919	45.2	VDIQTEDLEDGCK					
1	1			851.430588	1700.847	2				1700.842712	46.45	GAGTGGGLTVEGPCEAK					
1	1			851.430588	1700.847	2				1700.842712	93.94	GAGTGGGLTVEGPCEAK					
1	1			851.430588	1700.847	2				1700.842712	40.83	GAGTGGGLTVEGPCEAK					
1	1			851.430588	1700.847	2				1700.842712	93.82	GAGTGGGLTVEGPCEAK					
1	1			966.960488	1931.906	2				1931.900604	66.68	SPFVVQVGEACNPACR					
1	1			966.960488	1931.906	2				1931.900604	54.94	SPFVVQVGEACNPACR					
1	1			671.663503	2011.969	3				2011.965729	22.06	IPEINSSDMSAHVTSPSGR					
1	1			671.663503	2011.969	3				2011.965729	30.17	IPEINSSDMSAHVTSPSGR					
1	1			671.663503	2011.969	3				2011.965729	34.46	IPEINSSDMSAHVTSPSGR					
1	1			676.995797	2027.966	3				2027.960648	21.86	IPEINSSDMSAHVTSPSGR					
1	2	IPI00302592	Filamin A, alpha	490.756302	979.4981	2	3	2.32	0.48	979.499893	29.3	AFTVETR					
1	2			497.74589	993.4772	2				993.479156	28.6	AEISFEDR					
1	2			564.30388	1126.593	2				1126.600662	43.78	GTVEPQLR					
1	2			564.30388	1126.593	2				1126.600662	46.52	GTVEPQLR					
1	2			670.864767	1339.715	2				1339.711975	40.75	VEPGLGADNSVVR					
1	2			670.864767	1339.715	2				1339.711975	42.9	VEPGLGADNSVVR					
1	2			670.864767	1339.715	2				1339.711975	41.53	VEPGLGADNSVVR					
1	2			722.397721	1442.781	2				1442.775345	65.83	IANLQTDLSDGLR	722.3977	724.4103	2.98	1.05	2.84
1	2			722.397721	1442.781	2				1442.775345	69.68	IANLQTDLSDGLR					
1	2			722.397721	1442.781	2				1442.775345	52.53	IANLQTDLSDGLR					
1	2			544.929698	1631.767	3				1631.763779	28.67	YAPSEAGLHMDIR					
1	2			840.955513	1679.896	2				1679.886642	28.69	VTAQGPGLPSGNIANK					
1	2			896.451274	1790.888	2				1790.882309	79	VANPSGNLTETYVQDR	896.4514	898.464	2.57	1.15	2.23
1	2			896.451412	1790.888	2				1790.882309	81.32	VANPSGNLTETYVQDR					
1	2			896.451412	1790.888	2				1790.882309	88.78	VANPSGNLTETYVQDR					

Band num	prot_hit_nu	prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy	
1	2			906.964532	1811.915	2				1811.911148	46.76	VQVQDNEGCPVEALVK						
1	2			920.980946	1839.947	2				1839.942459	31.33	VQVQDNEGCPVEALVK						
1	2			920.980946	1839.947	2				1839.942459	53.16	VQVQDNEGCPVEALVK						
1	2			948.443722	1894.873	2				1894.869003	61.69	SPYTVTIVGQACNPSACR	948.4437	950.4563	0.83	0.44	1.89	
1	2			948.443722	1894.873	2				1894.869003	64.43	SPYTVTIVGQACNPSACR						
1	2			948.443722	1894.873	2				1894.869003	93.81	SPYTVTIVGQACNPSACR						
1	2	IPI00333541	Filamin-A	490.756302	979.4981	2				979.499893	29.3	AFTVETR						
1	2			497.74589	993.4772	2				993.479156	28.6	AEISFEDR						
1	2			564.30388	1126.593	2				1126.600662	43.78	GTVEPQLEAR						
1	2			564.30388	1126.593	2				1126.600662	46.52	GTVEPQLEAR						
1	2			670.864767	1339.715	2				1339.711975	40.75	VEPGLGADNSVVR						
1	2			670.864767	1339.715	2				1339.711975	42.9	VEPGLGADNSVVR						
1	2			670.864767	1339.715	2				1339.711975	41.53	VEPGLGADNSVVR						
1	2			722.397721	1442.781	2				1442.775345	65.83	IANLQTDLSDGRL						
1	2			722.397721	1442.781	2				1442.775345	69.68	IANLQTDLSDGRL						
1	2			722.397721	1442.781	2				1442.775345	52.53	IANLQTDLSDGRL						
1	2			544.929698	1631.767	3				1631.763779	28.67	YAPSEAGLHEMIDR						
1	2			840.955513	1679.896	2				1679.886642	28.69	VTAQGPGLPSGNIANK						
1	2			896.451274	1790.888	2				1790.882309	79	VANPSGNLTETYVQDR						
1	2			896.451412	1790.888	2				1790.882309	81.32	VANPSGNLTETYVQDR						
1	2			896.451412	1790.888	2				1790.882309	88.78	VANPSGNLTETYVQDR						
1	2			906.964532	1811.915	2				1811.911148	46.76	VQVQDNEGCPVEALVK						
1	2			920.980946	1839.947	2				1839.942459	31.33	VQVQDNEGCPVEALVK						
1	2			920.980946	1839.947	2				1839.942459	53.16	VQVQDNEGCPVEALVK						
1	2			948.443722	1894.873	2				1894.869003	61.69	SPYTVTIVGQACNPSACR						
1	2			948.443722	1894.873	2				1894.869003	64.43	SPYTVTIVGQACNPSACR						
1	2			948.443722	1894.873	2				1894.869003	93.81	SPYTVTIVGQACNPSACR						
1	2	IPI00644576	Filamin A, alpha	490.756302	979.4981	2				979.499893	29.3	AFTVETR						
1	2			497.74589	993.4772	2				993.479156	28.6	AEISFEDR						
1	2			564.30388	1126.593	2				1126.600662	43.78	GTVEPQLEAR						
1	2			564.30388	1126.593	2				1126.600662	46.52	GTVEPQLEAR						
1	2			670.864767	1339.715	2				1339.711975	40.75	VEPGLGADNSVVR						
1	2			670.864767	1339.715	2				1339.711975	42.9	VEPGLGADNSVVR						
1	2			670.864767	1339.715	2				1339.711975	41.53	VEPGLGADNSVVR						
1	2			722.397721	1442.781	2				1442.775345	65.83	IANLQTDLSDGRL						
1	2			722.397721	1442.781	2				1442.775345	69.68	IANLQTDLSDGRL						
1	2			722.397721	1442.781	2				1442.775345	52.53	IANLQTDLSDGRL						
1	2			544.929698	1631.767	3				1631.763779	28.67	YAPSEAGLHEMIDR						
1	2			840.955513	1679.896	2				1679.886642	28.69	VTAQGPGLPSGNIANK						
1	2			896.451274	1790.888	2				1790.882309	79	VANPSGNLTETYVQDR						
1	2			896.451412	1790.888	2				1790.882309	81.32	VANPSGNLTETYVQDR						
1	2			896.451412	1790.888	2				1790.882309	88.78	VANPSGNLTETYVQDR						
1	2			906.964532	1811.915	2				1811.911148	46.76	VQVQDNEGCPVEALVK						
1	2			920.980946	1839.947	2				1839.942459	31.33	VQVQDNEGCPVEALVK						
1	2			920.980946	1839.947	2				1839.942459	53.16	VQVQDNEGCPVEALVK						
1	2			948.443722	1894.873	2				1894.869003	61.69	SPYTVTIVGQACNPSACR						
1	2			948.443722	1894.873	2				1894.869003	64.43	SPYTVTIVGQACNPSACR						
1	2			948.443722	1894.873	2				1894.869003	93.81	SPYTVTIVGQACNPSACR						
1	3	IPI00019502	Myosin-9	476.766544	951.5185	2	3	5.21	1.44	951.520218	20.25	VVFQEFR						
1	3			611.327496	1220.64	2				1220.642532	34.51	ALELDSNLYR	611.3276	613.3402	9	1.36	6.62	
1	3			611.327496	1220.64	2				1220.642532	36.36	ALELDSNLYR						
1	3			611.32762	1220.641	2				1220.642532	51.48	ALELDSNLYR						
1	3			616.818119	1231.622	2				1231.614258	26.24	ALEQQVEEMK						
1	3			626.33903	1250.664	2				1250.664307	45.36	AGVLAHLEEER						
1	3			626.339536	1250.665	2				1250.664307	50.73	AGVLAHLEEER						
1	3			841.415103	1680.816	2				1680.811829	87.77	IAEFTTNLTETEEEK	841.4151	843.4277	19	3.61	5.26	
1	3			841.415103	1680.816	2				1680.811829	71.05	IAEFTTNLTETEEEK						
1	3			855.431774	1708.849	2				1708.84314	84.55	IAEFTTNLTETEEEK						
1	3			855.431774	1708.849	2				1708.84314	34.77	IAEFTTNLTETEEEK						
1	3			987.527539	1973.041	2				1973.034119	78.77	LQVELDNVTGLLSQSDSK						
1	3			987.527539	1973.041	2				1973.034119	53.16	LQVELDNVTGLLSQSDSK						
1	3			660.014927	1977.023	3				1977.019165	53.28	LQQLDLDLVDLDHQR	660.015	661.3567	2.69	0.72	3.74	
1	3			660.014991	1977.023	3				1977.019165	54.52	LQQLDLDLVDLDHQR						

Band num	prot_hit	nu_prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy
1	3			660.014991	1977.023	3				1977.019165	70.24	LQQLDLDLVDLDHQR					
1	3			660.015506	1977.025	3				1977.019165	47.04	LQQLDLDLVDLDHQR					
1	3			660.015506	1977.025	3				1977.019165	55.16	LQQLDLDLVDLDHQR					
1	3			989.522332	1977.03	2				1977.019165	28.84	LQQLDLDLVDLDHQR					
1	3			989.522332	1977.03	2				1977.019165	41.83	LQQLDLDLVDLDHQR					
1	3			989.522332	1977.03	2				1977.019165	30.1	LQQLDLDLVDLDHQR					
1	4	IPI00021812	Neuroblast differentiation-a	421.218108	840.4217	2	3	2.66	0.46	840.422821	22.34	FSMPGFK					
1	4			465.250396	928.4862	2				928.488998	24.66	ADIDVSGPK					
1	4			471.274856	940.5352	2				940.536606	51.26	GGVDVTLPR	471.2749	473.2874	1.18	0.37	3.19
1	4			472.257027	942.4995	2				942.504654	24.79	ADVDVSGPK					
1	4			479.265006	956.5155	2				956.520309	31.64	ADIDVSGPK					
1	4			479.265192	956.5158	2				956.520309	45.49	ADVDISGPK					
1	4			591.848109	1181.682	2				1181.679245	33.9	LNVGAPDVTLR					
1	4			591.848325	1181.682	2				1181.679245	21.91	LNVGAPDVTLR					
1	4			591.848325	1181.682	2				1181.679245	31.61	LNVGAPDVTLR					
1	4			634.331137	1266.648	2				1266.647995	56.41	GEGPDVDVNLPK	634.333	636.3455	1.54	0.63	2.44
1	4			634.332973	1266.651	2				1266.647995	77.07	GEGPDVDVNLPK					
1	4			641.340304	1280.666	2				1280.663635	50.83	GEGPEVDVNLPK	641.3403	643.3529	1.83	0.78	2.35
1	4			641.340304	1280.666	2				1280.663635	76.79	GEGPEVDVNLPK					
1	4			641.340304	1280.666	2				1280.663635	68.11	GEGPEVDVNLPK					
1	4			642.372082	1282.73	2				1282.740875	22.68	ISIPVDLDLK					
1	4			642.372082	1282.73	2				1282.740875	23.74	ISIPVDLDLK					
1	4			648.345828	1294.677	2				1294.679306	70.53	GEGPDVDVNLPK					
1	4			651.855334	1301.696	2				1301.692535	33.77	ISMPDIDLNLK					
1	4			651.855334	1301.696	2				1301.692535	30.69	ISMPDIDLNLK					
1	4			655.354936	1308.695	2				1308.694946	71.08	GEGPEVDVNLPK					
1	4			655.354936	1308.695	2				1308.694946	71.46	GEGPEVDVNLPK					
1	4			655.355191	1308.696	2				1308.694946	62.24	GEGPEVDVNLPK					
1	4			662.361912	1322.709	2				1322.710602	34.84	AEGPEVDVNLPK					
1	4			662.361912	1322.709	2				1322.710602	40.92	AEGPEVDVNLPK					
1	4			662.362674	1322.711	2				1322.710602	61.44	AEGPEVDVNLPK					
1	4	IPI00555610	313 kDa protein	421.218108	840.4217	2	3	2.66	0.46	840.422821	22.34	FSMPGFK					
1	4			465.250396	928.4862	2				928.488998	24.66	ADIDVSGPK					
1	4			471.274856	940.5352	2				940.536606	51.26	GGVDVTLPR					
1	4			472.257027	942.4995	2				942.504654	24.79	ADVDVSGPK					
1	4			479.265006	956.5155	2				956.520309	31.64	ADIDVSGPK					
1	4			479.265192	956.5158	2				956.520309	45.49	ADVDISGPK					
1	4			591.848109	1181.682	2				1181.679245	33.9	LNVGAPDVTLR					
1	4			591.848325	1181.682	2				1181.679245	21.91	LNVGAPDVTLR					
1	4			591.848325	1181.682	2				1181.679245	31.61	LNVGAPDVTLR					
1	4			634.331137	1266.648	2				1266.647995	56.41	GEGPDVDVNLPK					
1	4			634.332973	1266.651	2				1266.647995	77.07	GEGPDVDVNLPK					
1	4			641.340304	1280.666	2				1280.663635	50.83	GEGPEVDVNLPK					
1	4			641.340304	1280.666	2				1280.663635	76.79	GEGPEVDVNLPK					
1	4			641.340304	1280.666	2				1280.663635	68.11	GEGPEVDVNLPK					
1	4			642.372082	1282.73	2				1282.740875	22.68	ISIPVDLDLK					
1	4			642.372082	1282.73	2				1282.740875	23.74	ISIPVDLDLK					
1	4			648.345828	1294.677	2				1294.679306	70.53	GEGPDVDVNLPK					
1	4			651.855334	1301.696	2				1301.692535	33.77	ISMPDIDLNLK					
1	4			651.855334	1301.696	2				1301.692535	30.69	ISMPDIDLNLK					
1	4			655.354936	1308.695	2				1308.694946	71.08	GEGPEVDVNLPK					
1	4			655.354936	1308.695	2				1308.694946	71.46	GEGPEVDVNLPK					
1	4			655.355191	1308.696	2				1308.694946	62.24	GEGPEVDVNLPK					
1	4			662.361912	1322.709	2				1322.710602	34.84	AEGPEVDVNLPK					
1	4			662.361912	1322.709	2				1322.710602	40.92	AEGPEVDVNLPK					
1	4			662.362674	1322.711	2				1322.710602	61.44	AEGPEVDVNLPK					
1	5	IPI00026781	Fatty acid synthase	475.259163	948.5038	2	4	2.66	0.70	948.50528	33.75	GYAVLGGER					
1	5			495.285514	988.5565	2				988.557739	39.52	TGTVSLEVR	495.2855	497.2981	13	6.07	2.14
1	5			536.313008	1070.611	2				1070.610825	43.74	AQVADVVSRR	536.313	538.3256	17	5.1	3.33
1	5			425.897946	1274.672	3				1274.675552	23.88	VSVHIEGDHR					
1	5			319.676397	1274.676	4				1274.675552	24.9	VSVHIEGDHR					
1	5			646.39179	1290.769	2				1290.768402	48.68	LQVDDQLPVR	646.3918	648.4044	29.9	9.35	3.20
1	5			665.858609	1329.703	2				1329.698669	31.66	AALQEELQLCK					

Band num	prot_hit	nu_prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy
1	5			453.58996	1357.748	3				1357.749084	34.11	VTAIHDPATHR					
1	5			340.444759	1357.75	4				1357.749084	27.72	VTAIHDPATHR					
1	5			391.972527	1563.861	4				1563.854553	43.52	VVEVLAGHGHLYSR					
1	5			821.43429	1640.854	2				1640.850632	80.7	EDGLAQQQTQLNLR	821.4329	823.4469	9.91	4.99	1.99
1	5			821.43429	1640.854	2				1640.850632	85.02	EDGLAQQQTQLNLR					
1	5			821.43429	1640.854	2				1640.850632	41.75	EDGLAQQQTQLNLR					
1	5			832.900503	1663.786	2				1663.78009	29.85	CTVFHGAQVEDAFR					
1	5	IPI00645907	fatty acid synthase	475.259163	948.5038	2	4	2.66	0.70	948.50528	33.75	GYAVLGGER					
1	5			495.285514	988.5565	2				988.557739	39.52	TGTVSLEVR					
1	5			536.313008	1070.611	2				1070.610825	43.74	AQVADVVSRS					
1	5			425.897946	1274.672	3				1274.675552	23.88	VSVHVIEGDHR					
1	5			319.676397	1274.676	4				1274.675552	24.9	VSVHVIEGDHR					
1	5			646.39179	1290.769	2				1290.768402	48.68	LQVVDQPLPVR					
1	5			665.858609	1329.703	2				1329.698669	31.66	AALQEELQLCK					
1	5			453.58996	1357.748	3				1357.749084	34.11	VTAIHDPATHR					
1	5			340.444759	1357.75	4				1357.749084	27.72	VTAIHDPATHR					
1	5			391.972527	1563.861	4				1563.854553	43.52	VVEVLAGHGHLYSR					
1	5			821.43429	1640.854	2				1640.850632	80.7	EDGLAQQQTQLNLR					
1	5			821.43429	1640.854	2				1640.850632	85.02	EDGLAQQQTQLNLR					
1	5			821.43429	1640.854	2				1640.850632	41.75	EDGLAQQQTQLNLR					
1	5			832.900503	1663.786	2				1663.78009	29.85	CTVFHGAQVEDAFR					
1	6	IPI00296337	Isoform 1 of DNA-depende	497.272277	992.53	2	4	3.36	1.78	992.531525	28.9	SLNSIEFR	497.2723	499.2848	4.19	1.89	2.22
1	6			602.333737	1202.653	2				1202.653107	36.27	VTELALTASDR	602.3337	604.3463	11.4	3.77	3.02
1	6			602.801598	1203.589	2				1203.594223	21.87	LACDQVQVTR	602.8016	604.8142	7.51	3.37	2.23
1	6			664.883176	1327.752	2				1327.748398	51.82	QITQSALLAEAR					
1	6			801.92458	1601.835	2				1601.828476	50.86	NLSSNEAISLEEIR					
1	6			801.92458	1601.835	2				1601.828476	31.65	NLSSNEAISLEEIR					
1	6			692.324192	2073.951	3				2073.941879	40.87	SLGTIQCCDAIDHLCR	692.3242	693.6659	12.4	2.08	5.96
1	6	IPI00376215	Isoform 2 of DNA-depende	497.272277	992.53	2	4	3.36	1.78	992.531525	28.9	SLNSIEFR					
1	6			602.333737	1202.653	2				1202.653107	36.27	VTELALTASDR					
1	6			602.801598	1203.589	2				1203.594223	21.87	LACDQVQVTR					
1	6			664.883176	1327.752	2				1327.748398	51.82	QITQSALLAEAR					
1	6			801.92458	1601.835	2				1601.828476	50.86	NLSSNEAISLEEIR					
1	6			801.92458	1601.835	2				1601.828476	31.65	NLSSNEAISLEEIR					
1	6			692.324192	2073.951	3				2073.941879	40.87	SLGTIQCCDAIDHLCR					
1	6	IPI00786995	PREDICTED: similar to prc	497.272277	992.53	2	4	3.36	1.78	992.531525	28.9	SLNSIEFR					
1	6			602.333737	1202.653	2				1202.653107	36.27	VTELALTASDR					
1	6			602.801598	1203.589	2				1203.594223	21.87	LACDQVQVTR					
1	6			664.883176	1327.752	2				1327.748398	51.82	QITQSALLAEAR					
1	6			801.92458	1601.835	2				1601.828476	50.86	NLSSNEAISLEEIR					
1	6			801.92458	1601.835	2				1601.828476	31.65	NLSSNEAISLEEIR					
1	6			692.324192	2073.951	3				2073.941879	40.87	SLGTIQCCDAIDHLCR					
1	7	IPI00301263	CAD protein	486.283614	1455.829	3	1	2.35	0.00	1455.833466	59.03	IIAHAQLLEQHR	486.2836	487.6253	9.69	4.12	2.35
1	7			486.283614	1455.829	3				1455.833466	35.14	IIAHAQLLEQHR					
1	7			486.283614	1455.829	3				1455.833466	44.1	IIAHAQLLEQHR					
1	8	IPI00291607	Inositol 1,4,5-trisphosphate	452.727757	903.441	2	2	6.22	3.32	903.432236	21.11	QNNTENK					
1	8			642.810749	1283.607	2				1283.602676	26.28	TTCFCGLER	642.8108	6444.823	72.9	8.51	8.57
1	8			491.255565	1470.745	3				1470.742599	31.47	FLQLLCENHNR	491.2556	492.5973	4.91	1.27	3.87
1	8			945.949578	1889.885	2				1889.881287	29.9	AMSLVSNEGEGEQNEIR					
1	9	IPI00456969	Dynein heavy chain, cytos	489.765453	977.5164	2	2	1.74	0.49	977.520615	26.15	AELGEYIR	489.7655	491.778	2.11	1.01	2.09
1	9			664.863039	1327.712	2				1327.71199	36.48	GNEIVLSAGSTPR	664.863	666.8756	3.54	2.53	1.40
1	9			828.916117	1655.818	2				1655.811401	20.98	IQFVGACNPPTDPR					
1	9	IPI00477531	532 kDa protein	489.765453	977.5164	2	2	1.74	0.49	977.520615	26.15	AELGEYIR					
1	9			664.863039	1327.712	2				1327.71199	36.48	GNEIVLSAGSTPR					
1	9			828.916117	1655.818	2				1655.811401	20.98	IQFVGACNPPTDPR					
1	10	IPI00176345	Isoform 3 of Netrin recepto	566.303666	1130.593	2	1	L	0.00	1130.599609	35.05	NFEQEPLAK	566.3037	570.3288	4		0 L
1	10	IPI00418573	Isoform 2 of Netrin recepto	566.303666	1130.593	2	1	L	0.00	1130.599609	35.05	NFEQEPLAK					
1	10	IPI00470692	Isoform 1 of Netrin recepto	566.303666	1130.593	2	1	L	0.00	1130.599609	35.05	NFEQEPLAK					
1	11	IPI00174962	Molecule interacting with R	564.343829	1126.673	2	1	L	0.00	1126.662216	30.39	EAEPEGKKK	564.3438	572.3941	5.45		0 L
1	12	IPI00442351	FLJ00288 protein (Fragme	572.787492	1143.56	2	1	4.52	0.00	1143.550629	30.03	ELDMSPGDPK	572.7875	576.8126	10.4	2.3	4.52
2	1	IPI00420004	myosin IG	322.211667	642.4088	2	13	6.65	2.18	642.408905	23.21	DLVLR					
2	1			419.729138	837.4437	2				837.440918	33.65	EPFYVR	419.7291	421.7417	19	3.61	5.26
2	1			448.257806	894.5011	2				894.502151	31.3	AIYTIMR					

Band num	prot_hit_nu	prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy	
2	1			456.255578	910.4966	2				910.49707	24.93	AIYTIMR						
2	1			483.280234	964.5459	2				964.547852	35.45	AHLAELQR	483.2803	485.2929	66	8.73	7.56	
2	1			483.280283	964.546	2				964.547852	34.23	AHLAELQR						
2	1			483.280296	964.546	2				964.547852	39.79	AHLAELQR						
2	1			322.523229	964.5479	3				964.547852	24.3	AHLAELQR						
2	1			322.523243	964.5479	3				964.547852	21.83	AHLAELQR						
2	1			487.260982	972.5074	2				972.508682	23.75	INSVMEPR						
2	1			487.260984	972.5074	2				972.508682	22.57	INSVMEPR						
2	1			495.258768	988.503	2				988.503601	34.29	INSVMEPR	495.2588	497.2713	11.2	2.02	5.54	
2	1			537.812243	1073.61	2				1073.610519	48.55	TLVTLEQSR	537.8122	539.8248	43.1	7.21	5.98	
2	1			537.812243	1073.61	2				1073.610519	60.86	TLVTLEQSR						
2	1			537.812248	1073.61	2				1073.610519	53.13	TLVTLEQSR						
2	1			557.824629	1113.635	2				1113.635254	52.49	VAAMGALQGLR	557.8245	559.8372	31.1	7	4.44	
2	1			557.824629	1113.635	2				1113.635254	60.11	VAAMGALQGLR						
2	1			557.824629	1113.635	2				1113.635254	67.98	VAAMGALQGLR						
2	1			565.822683	1129.631	2				1129.630173	56.52	VAAMGALQGLR						
2	1			565.822683	1129.631	2				1129.630173	47.98	VAAMGALQGLR						
2	1			565.822687	1129.631	2				1129.630173	63.84	VAAMGALQGLR						
2	1			401.560396	1201.659	3				1201.659195	36.87	QLHELHLER						
2	1			606.314718	1210.615	2				1210.615295	54.65	VSDCIPLSHR	606.3147	608.3273	13.1	1.95	6.72	
2	1			606.314718	1210.615	2				1210.615295	56.01	VSDCIPLSHR						
2	1			606.314718	1210.615	2				1210.615295	50.04	VSDCIPLSHR						
2	1			660.863912	1319.713	2				1319.710968	56.07	LLYNSTDPTLR	660.8639	662.8765	40.9	5.24	7.81	
2	1			660.863912	1319.713	2				1319.710968	41.76	LLYNSTDPTLR						
2	1			660.863912	1319.713	2				1319.710968	45.81	LLYNSTDPTLR						
2	1			660.86393	1319.713	2				1319.710968	36.63	LLYNSTDPTLR						
2	1			447.231839	1338.674	3				1338.673859	37.37	GQDDLIVVCLHR						
2	1			447.231839	1338.674	3				1338.673859	34.59	GQDDLIVVCLHR						
2	1			447.231839	1338.674	3				1338.673859	44.07	GQDDLIVVCLHR						
2	1			670.345608	1338.677	2				1338.673859	80.04	GQDDLIVVCLHR	670.3456	672.3582	88.8	7.71	11.52	
2	1			670.345608	1338.677	2				1338.673859	70.79	GQDDLIVVCLHR						
2	1			448.263028	1341.767	3				1341.768082	54.76	ALLLTDQHLYK						
2	1			676.838134	1351.662	2				1351.657852	75.5	STCVLEAFGNAR	676.8331	678.8507	15.9	1.78	8.93	
2	1			676.838134	1351.662	2				1351.657852	78.48	STCVLEAFGNAR						
2	1			676.838134	1351.662	2				1351.657852	73.88	STCVLEAFGNAR						
2	1			676.838134	1351.662	2				1351.657852	72.01	STCVLEAFGNAR						
2	1			457.606787	1369.799	3				1369.799393	41.26	ALLLTDQHLYK						
2	1			457.606798	1369.799	3				1369.799393	52.85	ALLLTDQHLYK						
2	1			457.606805	1369.799	3				1369.799393	25.79	ALLLTDQHLYK						
2	1			470.262206	1407.765	3				1407.76474	33.07	IFLQTLDTHHR						
2	1			470.262206	1407.765	3				1407.76474	34.87	IFLQTLDTHHR						
2	1			470.262206	1407.765	3				1407.76474	45.23	IFLQTLDTHHR						
2	1			704.891679	1407.769	2				1407.76474	70.95	IFLQTLDTHHR	704.8917	706.9042	19.2	4.95	3.88	
2	1			704.891679	1407.769	2				1407.76474	71.57	IFLQTLDTHHR						
2	1			538.283344	1611.828	3				1611.828064	42.75	VIGFSPEEVESVHR						
2	1			538.283391	1611.828	3				1611.828064	54.22	VIGFSPEEVESVHR						
2	1			538.28342	1611.828	3				1611.828064	75.65	VIGFSPEEVESVHR						
2	1			538.283421	1611.828	3				1611.828064	66.54	VIGFSPEEVESVHR						
2	1			806.923604	1611.833	2				1611.828064	69.7	VIGFSPEEVESVHR	806.9236	808.9362	9.43	1.16	8.13	
2	1			806.923604	1611.833	2				1611.828064	87.87	VIGFSPEEVESVHR						
2	1			806.923604	1611.833	2				1611.828064	30.43	VIGFSPEEVESVHR						
2	1			806.923611	1611.833	2				1611.828064	77.56	VIGFSPEEVESVHR						
2	1			806.923611	1611.833	2				1611.828064	94.76	VIGFSPEEVESVHR						
2	1			873.925954	1745.837	2				1745.831879	44.43	AMWPDGQQDITEVTK						
2	1			873.925954	1745.837	2				1745.831879	58.55	AMWPDGQQDITEVTK						
2	1			873.925954	1745.837	2				1745.831879	36.18	AMWPDGQQDITEVTK						
2	1			881.922794	1761.831	2				1761.826797	64.28	AMWPDGQQDITEVTK						
2	1			881.922794	1761.831	2				1761.826797	55.85	AMWPDGQQDITEVTK						
2	1			881.922794	1761.831	2				1761.826797	59.44	AMWPDGQQDITEVTK						
2	1			881.922794	1761.831	2				1761.826797	24.5	AMWPDGQQDITEVTK						
2	1			886.9631	1771.912	2				1771.906372	41.17	HIMQYIAAVTNPSQR						
2	1			886.9631	1771.912	2				1771.906372	42.58	HIMQYIAAVTNPSQR						
2	1			886.9631	1771.912	2				1771.906372	50.45	HIMQYIAAVTNPSQR						



Band num	prot_hit_nu	prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy
2	1			593.977619	1778.911	3				1778.912125	59.72	VGELVGVLAAHCCQGEGR					
2	1			593.977619	1778.911	3				1778.912125	52.36	VGELVGVLAAHCCQGEGR					
2	1			593.977621	1778.911	3				1778.912125	62.63	VGELVGVLAAHCCQGEGR					
2	1			593.977621	1778.911	3				1778.912125	63.9	VGELVGVLAAHCCQGEGR					
2	1			890.465878	1778.917	2				1778.912125	98.52	VGELVGVLAAHCCQGEGR	890.4659	892.4784	37	5.39	6.86
2	1			890.465878	1778.917	2				1778.912125	94.22	VGELVGVLAAHCCQGEGR					
2	1			890.465878	1778.917	2				1778.912125	100.1	VGELVGVLAAHCCQGEGR					
2	1			895.939186	1789.864	2				1789.858109	68.65	AMWPDGQQDITEVTK					
2	1			895.939186	1789.864	2				1789.858109	69.96	AMWPDGQQDITEVTK	895.9392	899.9643	27.1	6.99	3.88
2	1			895.939186	1789.864	2				1789.858109	59.99	AMWPDGQQDITEVTK					
2	1			895.939186	1789.864	2				1789.858109	66.57	AMWPDGQQDITEVTK					
2	1			646.344582	1936.012	3				1936.007843	25.93	LISVEPRPEQPEPDFR					
2	1			646.344582	1936.012	3				1936.007843	35.21	LISVEPRPEQPEPDFR					
2	1			646.344597	1936.012	3				1936.007843	30.76	LISVEPRPEQPEPDFR					
2	1			969.014352	1936.014	2				1936.007843	25.53	LISVEPRPEQPEPDFR					
2	1			969.014352	1936.014	2				1936.007843	35.15	LISVEPRPEQPEPDFR					
2	2	IPI00186290	Elongation factor 2	459.774951	917.5354	2	7	3.68	1.32	917.535873	30.61	FSVSPVVR	459.7749	461.7875	20.6	6.59	3.13
2	2			459.774951	917.5354	2				917.535873	25.47	FSVSPVVR					
2	2			459.774951	917.5354	2				917.535873	24.32	FSVSPVVR					
2	2			475.751445	949.4883	2				949.489334	32.31	SDPVVSYR	475.7515	477.764	5.92	1.79	3.31
2	2			499.293437	996.5723	2				996.574051	53.89	GGQIIPAR	499.2935	501.306	13.2	2.35	5.62
2	2			499.293453	996.5724	2				996.574051	56.59	GGQIIPAR					
2	2			560.310046	1118.606	2				1118.61084	38.74	VNFTVDQIR	560.3101	562.3226	27	7.83	3.45
2	2			560.311002	1118.607	2				1118.61084	31.9	VNFTVDQIR					
2	2			560.311002	1118.607	2				1118.61084	35.55	VNFTVDQIR					
2	2			576.301288	1150.588	2				1150.592834	31.26	STLTDLSLVCK					
2	2			582.357136	1162.7	2				1162.698578	52	VFSLVSTGLK	582.3571	586.3823	52.7	9.78	5.39
2	2			582.357136	1162.7	2				1162.698578	54.54	VFSLVSTGLK					
2	2			583.779842	1165.545	2				1165.542816	43.03	YEWVDAEAR					
2	2			583.779842	1165.545	2				1165.542816	39.13	YEWVDAEAR					
2	2			590.320236	1178.626	2				1178.624146	30.96	STLTDLSLVCK					
2	2			703.880825	1405.747	2				1405.741211	65.62	CLYASVLTAAQPR	703.8808	705.8934	15.8	7.25	2.18
2	2			703.880825	1405.747	2				1405.741211	68.99	CLYASVLTAAQPR					
2	2			811.904583	1621.795	2				1621.789322	93.15	ETVSEESNVLCLSK					
2	2			811.904583	1621.795	2				1621.789322	72.73	ETVSEESNVLCLSK					
2	2			811.904583	1621.795	2				1621.789322	91.88	ETVSEESNVLCLSK					
2	2			548.605186	1642.794	3				1642.791016	49.25	TGTTTFEHAHNMNR	548.6052	549.9469	11.2	4.18	2.68
2	2			825.920103	1649.826	2				1649.820633	104.71	ETVSEESNVLCLSK					
2	2			825.920103	1649.826	2				1649.820633	77.34	ETVSEESNVLCLSK					
2	2			825.920103	1649.826	2				1649.820633	90.41	ETVSEESNVLCLSK					
2	2			825.920103	1649.826	2				1649.820633	58.52	ETVSEESNVLCLSK					
2	2			825.920103	1649.826	2				1649.820633	79.8	ETVSEESNVLCLSK					
2	2			415.703702	1658.786	4				1658.785934	30.11	TGTTTFEHAHNMNR					
2	2			553.936188	1658.787	3				1658.785934	27.14	TGTTTFEHAHNMNR					
2	2			724.381616	2170.123	3				2170.104233	51.1	ARPPFDGLAEDIDKGEVSAR					
2	3	IPI00006482	Isoform Long of Sodium/pc	386.240621	770.4667	2	3	3.11	2.17	770.467468	30.27	AAEILAR					
2	3			337.526909	1009.559	3				1009.55809	49.31	LSDLHLR	630.3469	634.372	2.17	0.39	5.56
2	3			558.316931	1114.619	2				1114.619293	25.92	LIIVEGCQR					
2	3			558.316931	1114.619	2				1114.619293	37.1	LIIVEGCQR					
2	3			630.348021	1258.681	2				1258.679291	58.08	AVAGDASESALLK					
2	3			632.874668	1263.735	2				1263.732346	49.19	LNIPVQVNPQR					
2	3			632.874668	1263.735	2				1263.732346	51.01	LNIPVQVNPQR					
2	3			632.874777	1263.735	2				1263.732346	38.42	LNIPVQVNPQR					
2	3			656.876988	1311.739	2				1311.735718	29.09	NMVPQQALVIR					
2	3			659.379362	1316.744	2				1316.736435	26.75	IVEIPFNSTNK					
2	3			774.372094	1546.73	2				1546.72879	39.75	SPDFTNENPLETR					
2	3			774.372803	1546.731	2				1546.72879	70.89	SPDFTNENPLETR	774.3717	776.3842	2.33	1.01	2.31
2	3			824.399133	1646.784	2				1646.777191	56.15	VDNSSLTGESEPOTR					
2	3			824.399133	1646.784	2				1646.777191	83.22	VDNSSLTGESEPOTR					
2	3			824.399133	1646.784	2				1646.777191	74.26	VDNSSLTGESEPOTR					
2	3			824.399133	1646.784	2				1646.777191	91.98	VDNSSLTGESEPOTR	824.3959	826.4084	2.45	1.68	1.46
2	3			824.399133	1646.784	2				1646.777191	81.96	VDNSSLTGESEPOTR					
2	4	IPI00011062	Isoform 1 of Carbamoyl-ph	447.241019	892.4675	2	3	2.33	1.91	892.467865	24.15	FLEEATR					

Band num	prot_hit	nu	prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy
2	4				494.779362	987.5442	2				987.544724	21.75	VVAVDCGIK					
2	4				531.784738	1061.555	2				1061.556335	49.98	SVGEVMAIGR					
2	4				531.784738	1061.555	2				1061.556335	60.14	SVGEVMAIGR					
2	4				532.785932	1063.557	2				1063.557388	30.19	EIEYEVVR					
2	4				532.785932	1063.557	2				1063.557388	24.5	EIEYEVVR					
2	4				532.785932	1063.557	2				1063.557388	40.03	EIEYEVVR					
2	4				559.814873	1117.615	2				1117.615585	33.01	VPAIYVDTR					
2	4				559.814886	1117.615	2				1117.615585	21.64	VPAIYVDTR					
2	4				588.807294	1175.6	2				1175.599304	37.87	CLGLTEAQR					
2	4				588.807294	1175.6	2				1175.599304	43.14	CLGLTEAQR	588.8069	590.8195	1.3	2.55	0.51
2	4				397.549669	1189.627	3				1189.626816	33.72	FVHDNYVIR					
2	4				397.549695	1189.627	3				1189.626816	29.71	FVHDNYVIR					
2	4				595.821903	1189.629	2				1189.626816	25.29	FVHDNYVIR					
2	4				595.821903	1189.629	2				1189.626816	20.2	FVHDNYVIR					
2	4				629.847244	1257.68	2				1257.677551	35.96	IMGTSPLQIDR					
2	4				637.844415	1273.674	2				1273.67247	30.89	IMGTSPLQIDR					
2	4				810.91515	1619.816	2				1619.811371	76.66	SAYALGGLGSGICPNR	810.913	812.9255	4.06	0.94	4.32
2	4				810.91515	1619.816	2				1619.811371	31.81	SAYALGGLGSGICPNR					
2	4				810.91515	1619.816	2				1619.811371	54.48	SAYALGGLGSGICPNR					
2	4				826.417518	1650.82	2				1650.815872	83.34	VLGTSVESIMATEDR					
2	4				826.417518	1650.82	2				1650.815872	77.5	VLGTSVESIMATEDR					
2	4				826.417518	1650.82	2				1650.815872	82.43	VLGTSVESIMATEDR					
2	4				826.417518	1650.82	2				1650.815872	89.87	VLGTSVESIMATEDR	826.4152	828.4278	2.64	1.22	2.16
2	5	IPI00027230		Endoplasmic precursor	496.313588	990.6126	2	6	2.88	0.52	990.6138	22.15	LIINSLYK	496.3136	498.3261	23	9.07	2.54
2	5				555.291318	1108.568	2				1108.568954	29.21	FAFQAEVNR	555.2913	557.3039	12.8	4.66	2.75
2	5				555.291318	1108.568	2				1108.568954	35.31	FAFQAEVNR					
2	5				555.291341	1108.568	2				1108.568954	43.34	FAFQAEVNR					
2	5				584.310773	1166.607	2				1166.606812	43.6	LGVIEDHSNR					
2	5				584.310773	1166.607	2				1166.606812	24.08	LGVIEDHSNR					
2	5				389.876573	1166.608	3				1166.606812	44.28	LGVIEDHSNR	389.8766	391.2183	3.27	1.15	2.84
2	5				589.790164	1177.566	2				1177.563934	23.51	EAESSPFVER	589.5192	591.8027	14.7	4.48	3.28
2	5				652.342734	1302.671	2				1302.669144	64.31	ELISNASDALDK					
2	5				652.342734	1302.671	2				1302.669144	61.41	ELISNASDALDK					
2	5				666.359674	1330.705	2				1330.700455	37.47	ELISNASDALDK					
2	5				757.400067	1512.786	2				1512.780807	124.96	GVVDSDDLPLNVSR	757.4001	759.4126	10.1	2.75	3.67
2	5				757.400067	1512.786	2				1512.780807	106.23	GVVDSDDLPLNVSR					
2	5				519.940468	1556.8	3				1556.800507	46.15	LLLVHTDTGVGMTR					
2	5				763.373347	2287.098	3				2287.089371	51.71	FQSSHHTDITSLDQYVER	763.3734	764.7151	3.01	1.36	2.21
2	5				763.373347	2287.098	3				2287.089371	52.99	FQSSHHTDITSLDQYVER					
2	6	IPI00291802		Isoform 3 of LIM domain or	522.78376	1043.553	2	3	2.09	0.61	1043.553665	20.5	LREEWQR	522.7838	524.7963	11.2	7.74	1.45
2	6				522.78376	1043.553	2				1043.553665	21.82	LREEWQR					
2	6				621.821086	1241.628	2				1241.627594	27.64	EQVPSGAELER					
2	6				621.821086	1241.628	2				1241.627594	34.07	EQVPSGAELER					
2	6				652.801772	1303.589	2				1303.585754	50.08	WVWDQEEER	652.8018	654.8143	3.84	1.44	2.67
2	6				652.801772	1303.589	2				1303.585754	40.48	WVWDQEEER					
2	6				461.907434	1382.7	3				1382.700058	35.49	AQETGHLVMDVR					
2	6				461.907434	1382.7	3				1382.700058	24.15	AQETGHLVMDVR					
2	6				692.36007	1382.706	2				1382.700058	52.12	AQETGHLVMDVR					
2	6				692.36007	1382.706	2				1382.700058	55.34	AQETGHLVMDVR					
2	6				697.337711	1392.661	2				1392.654541	46.27	TEEASSGFLPGDR	697.3377	699.3503	17.3	7.97	2.17
2	6				697.337711	1392.661	2				1392.654541	72.09	TEEASSGFLPGDR					
2	6				467.238847	1398.695	3				1398.694977	28.41	AQETGHLVMDVR					
2	6				467.23887	1398.695	3				1398.694977	23.46	AQETGHLVMDVR					
2	6				700.357387	1398.7	2				1398.694977	70.17	AQETGHLVMDVR					
2	6				700.357387	1398.7	2				1398.694977	54.23	AQETGHLVMDVR					
2	6				766.894753	1531.775	2				1531.786667	78.77	TSTTGVAATQSPTPR					
2	6				766.894753	1531.775	2				1531.786667	63.77	TSTTGVAATQSPTPR					
2	6				622.976636	1865.908	3				1865.896591	39.3	RPPTMTVSEASYQSER					
2	6				628.306019	1881.896	3				1881.89151	43.5	RPPTMTVSEASYQSER					
2	6				628.306019	1881.896	3				1881.89151	27.25	RPPTMTVSEASYQSER					
2	6	IPI00409590		Isoform 1 of LIM domain or	522.78376	1043.553	2	3	2.09	0.61	1043.553665	20.5	LREEWQR					
2	6				522.78376	1043.553	2				1043.553665	21.82	LREEWQR					
2	6				621.821086	1241.628	2				1241.627594	27.64	EQVPSGAELER					

Band num	prot_hit_nu	prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy
2	6			621.821086	1241.628	2				1241.627594	34.07	EQVPSGAELER					
2	6			652.801772	1303.589	2				1303.585754	50.08	WVWDQEEER					
2	6			652.801772	1303.589	2				1303.585754	40.48	WVWDQEEER					
2	6			461.907434	1382.7	3				1382.700058	35.49	AQETGHLVMDVR					
2	6			461.907434	1382.7	3				1382.700058	24.15	AQETGHLVMDVR					
2	6			692.36007	1382.706	2				1382.700058	52.12	AQETGHLVMDVR					
2	6			692.36007	1382.706	2				1382.700058	55.34	AQETGHLVMDVR					
2	6			697.337711	1392.661	2				1392.654541	46.27	TEEASSGFLPGDR					
2	6			697.337711	1392.661	2				1392.654541	72.09	TEEASSGFLPGDR					
2	6			467.238847	1398.695	3				1398.694977	28.41	AQETGHLVMDVR					
2	6			467.23887	1398.695	3				1398.694977	23.46	AQETGHLVMDVR					
2	6			700.357387	1398.7	2				1398.694977	70.17	AQETGHLVMDVR					
2	6			700.357387	1398.7	2				1398.694977	54.23	AQETGHLVMDVR					
2	6			766.894753	1531.775	2				1531.786667	78.77	TSTTGVATTQSPTPR					
2	6			766.894753	1531.775	2				1531.786667	63.77	TSTTGVATTQSPTPR					
2	6			622.976636	1865.908	3				1865.896591	39.3	RPPTMTVSEASYQSER					
2	6			628.306019	1881.896	3				1881.89151	43.5	RPPTMTVSEASYQSER					
2	6			628.306019	1881.896	3				1881.89151	27.25	RPPTMTVSEASYQSER					
2	6	IPI00409591	Isoform 2 of LIM domain or	522.78376	1043.553	2	3	2.09	0.61	1043.553665	20.5	LREEWQR					
2	6			522.78376	1043.553	2				1043.553665	21.82	LREEWQR					
2	6			621.821086	1241.628	2				1241.627594	27.64	EQVPSGAELER					
2	6			621.821086	1241.628	2				1241.627594	34.07	EQVPSGAELER					
2	6			652.801772	1303.589	2				1303.585754	50.08	WVWDQEEER					
2	6			652.801772	1303.589	2				1303.585754	40.48	WVWDQEEER					
2	6			461.907434	1382.7	3				1382.700058	35.49	AQETGHLVMDVR					
2	6			461.907434	1382.7	3				1382.700058	24.15	AQETGHLVMDVR					
2	6			692.36007	1382.706	2				1382.700058	52.12	AQETGHLVMDVR					
2	6			692.36007	1382.706	2				1382.700058	55.34	AQETGHLVMDVR					
2	6			697.337711	1392.661	2				1392.654541	46.27	TEEASSGFLPGDR					
2	6			697.337711	1392.661	2				1392.654541	72.09	TEEASSGFLPGDR					
2	6			467.238847	1398.695	3				1398.694977	28.41	AQETGHLVMDVR					
2	6			467.23887	1398.695	3				1398.694977	23.46	AQETGHLVMDVR					
2	6			700.357387	1398.7	2				1398.694977	70.17	AQETGHLVMDVR					
2	6			700.357387	1398.7	2				1398.694977	54.23	AQETGHLVMDVR					
2	6			766.894753	1531.775	2				1531.786667	78.77	TSTTGVATTQSPTPR					
2	6			766.894753	1531.775	2				1531.786667	63.77	TSTTGVATTQSPTPR					
2	6			622.976636	1865.908	3				1865.896591	39.3	RPPTMTVSEASYQSER					
2	6			628.306019	1881.896	3				1881.89151	43.5	RPPTMTVSEASYQSER					
2	6			628.306019	1881.896	3				1881.89151	27.25	RPPTMTVSEASYQSER					
2	6	IPI00409593	Isoform 4 of LIM domain or	522.78376	1043.553	2	3	2.09	0.61	1043.553665	20.5	LREEWQR					
2	6			522.78376	1043.553	2				1043.553665	21.82	LREEWQR					
2	6			621.821086	1241.628	2				1241.627594	27.64	EQVPSGAELER					
2	6			621.821086	1241.628	2				1241.627594	34.07	EQVPSGAELER					
2	6			652.801772	1303.589	2				1303.585754	50.08	WVWDQEEER					
2	6			652.801772	1303.589	2				1303.585754	40.48	WVWDQEEER					
2	6			461.907434	1382.7	3				1382.700058	35.49	AQETGHLVMDVR					
2	6			461.907434	1382.7	3				1382.700058	24.15	AQETGHLVMDVR					
2	6			692.36007	1382.706	2				1382.700058	52.12	AQETGHLVMDVR					
2	6			692.36007	1382.706	2				1382.700058	55.34	AQETGHLVMDVR					
2	6			697.337711	1392.661	2				1392.654541	46.27	TEEASSGFLPGDR					
2	6			697.337711	1392.661	2				1392.654541	72.09	TEEASSGFLPGDR					
2	6			467.238847	1398.695	3				1398.694977	28.41	AQETGHLVMDVR					
2	6			467.23887	1398.695	3				1398.694977	23.46	AQETGHLVMDVR					
2	6			700.357387	1398.7	2				1398.694977	70.17	AQETGHLVMDVR					
2	6			700.357387	1398.7	2				1398.694977	54.23	AQETGHLVMDVR					
2	6			766.894753	1531.775	2				1531.786667	78.77	TSTTGVATTQSPTPR					
2	6			766.894753	1531.775	2				1531.786667	63.77	TSTTGVATTQSPTPR					
2	6			622.976636	1865.908	3				1865.896591	39.3	RPPTMTVSEASYQSER					
2	6			628.306019	1881.896	3				1881.89151	43.5	RPPTMTVSEASYQSER					
2	6			628.306019	1881.896	3				1881.89151	27.25	RPPTMTVSEASYQSER					
2	7	IPI00028931	Desmoglein 2	551.809829	1101.605	2	5	4.03	1.74	1101.605423	29.7	VTQEIVTER	551.8099	553.8224	7.12	1.93	3.69
2	7			551.809845	1101.605	2				1101.605423	31.17	VTQEIVTER					
2	7			573.814903	1145.615	2				1145.613876	28.27	TAAEVLGQK	573.8149	575.8275	9.63	5.09	1.89

Band num	prot_hit_nu	prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy
2	7			595.825552	1189.637	2				1189.636719	44.58	IWAISEDYPR	595.8256	597.8381	10.4	1.77	5.88
2	7			595.825552	1189.637	2				1189.636719	58.89	IWAISEDYPR					
2	7			595.825583	1189.637	2				1189.636719	56.12	IWAISEDYPR					
2	7			641.848346	1281.682	2				1281.677551	21.01	VATPLPDPMASR	641.8484	643.8609	26.1	8.8	2.97
2	7			805.445276	1608.876	2				1608.874695	40.13	ILDVNDNIPVVENK					
2	7			805.445276	1608.876	2				1608.874695	84.82	ILDVNDNIPVVENK					
2	7			805.445276	1608.876	2				1608.874695	50.05	ILDVNDNIPVVENK					
2	7			819.462025	1636.909	2				1636.906006	35.74	ILDVNDNIPVVENK	819.462	823.4871	16.7	2.91	5.74
2	7			819.462025	1636.909	2				1636.906006	85.79	ILDVNDNIPVVENK					
2	7			995.005005	1987.995	2				1987.990829	87.69	VLEGMVEENQVNVVTR					
2	7			995.005005	1987.995	2				1987.990829	48.02	VLEGMVEENQVNVVTR					
2	8	IPI00167909	echinoderm microtubule as	438.769333	875.5241	2	4	1.62	0.17	875.525314	40.72	SNLFVLR	438.7693	440.7819	6.61	4.02	1.64
2	8			530.294787	1058.575	2				1058.574463	52.71	EALQSLSOR	530.2948	532.3073	6.27	4.48	1.40
2	8			576.293931	1150.573	2				1150.571671	42.28	VVAVADDFCK	576.2939	578.3065	2.24	1.39	1.61
2	8			576.304338	1150.594	2				1150.594147	47.73	CLAVHPDGVR					
2	8			576.304338	1150.594	2				1150.594147	50.68	CLAVHPDGVR					
2	8			590.309294	1178.604	2				1178.602982	37.15	VVAVADDFCK					
2	8			703.893855	1405.773	2				1405.770157	84.79	VLGAGGAGPAPATPSR	703.8939	705.9064	14.6	8	1.83
2	8			703.894025	1405.773	2				1405.770157	84.72	VLGAGGAGPAPATPSR					
2	8			354.676619	1414.677	4				1414.679977	27.68	MYGGHSHVTSVR					
2	8			472.566983	1414.679	3				1414.679977	25.23	MYGGHSHVTSVR					
2	8			752.897548	1503.781	2				1503.770569	74.58	STNDSVLAVGFNPR					
2	9	IPI00012837	Kinesin heavy chain	475.277551	948.5406	2	4	2.09	0.74	948.541702	44.42	STLLFGQR	475.2776	477.2901	3.04	1.83	1.66
2	9			475.277551	948.5406	2				948.541702	36.18	STLLFGQR					
2	9			384.557083	1150.649	3				1150.6483	30.42	ELQTLHNL					
2	9			384.557083	1150.649	3				1150.6483	27.94	ELQTLHNL					
2	9			630.823644	1259.633	2				1259.631653	25.33	ILQDSLGGNCR	630.8236	632.8362	3.18	2.48	1.28
2	9			630.823644	1259.633	2				1259.631653	40.01	ILQDSLGGNCR					
2	9			687.882066	1373.75	2				1373.742645	38.64	SATLASIDAELQK					
2	9			503.908557	1508.704	3				1508.717834	54.98	HVAVTNMNEHSSR					
2	9			503.908557	1508.704	3				1508.717834	59.73	HVAVTNMNEHSSR					
2	9			839.923219	1677.832	2				1677.826797	42.28	TQMLDQEELLA	839.9232	841.9358	9.26	3.62	2.56
2	9			839.923219	1677.832	2				1677.826797	67.89	TQMLDQEELLA					
2	9			839.923219	1677.832	2				1677.826797	79.93	TQMLDQEELLA					
2	9			912.42993	1822.845	2				1822.84314	37.85	QPEGTGMIDEEFTVAR	912.4299	814.4425	9.3	3.25	2.86
2	9			912.42993	1822.845	2				1822.84314	26.99	QPEGTGMIDEEFTVAR					
2	9	IPI00472558	110 kDa protein	475.277551	948.5406	2	4	2.09	0.74	948.541702	44.42	STLLFGQR					
2	9			475.277551	948.5406	2				948.541702	36.18	STLLFGQR					
2	9			384.557083	1150.649	3				1150.6483	30.42	ELQTLHNL					
2	9			384.557083	1150.649	3				1150.6483	27.94	ELQTLHNL					
2	9			630.823644	1259.633	2				1259.631653	25.33	ILQDSLGGNCR					
2	9			630.823644	1259.633	2				1259.631653	40.01	ILQDSLGGNCR					
2	9			687.882066	1373.75	2				1373.742645	38.64	SATLASIDAELQK					
2	9			503.908557	1508.704	3				1508.717834	54.98	HVAVTNMNEHSSR					
2	9			503.908557	1508.704	3				1508.717834	59.73	HVAVTNMNEHSSR					
2	9			839.923219	1677.832	2				1677.826797	42.28	TQMLDQEELLA					
2	9			839.923219	1677.832	2				1677.826797	67.89	TQMLDQEELLA					
2	9			839.923219	1677.832	2				1677.826797	79.93	TQMLDQEELLA					
2	9			912.42993	1822.845	2				1822.84314	37.85	QPEGTGMIDEEFTVAR					
2	9			912.42993	1822.845	2				1822.84314	26.99	QPEGTGMIDEEFTVAR					
2	10	IPI00383581	Isoform 1 of Neutral alpha-	364.227594	726.4406	2	5	3.49	1.36	726.441254	33.44	GGTIVPR	364.2277	366.2402	8.28	1.38	6.00
2	10			364.227686	726.4408	2				726.441254	46.55	GGTIVPR					
2	10			417.248376	832.4822	2				832.483124	26.66	QEFLLR	417.2484	419.2609	18.7	5.57	3.36
2	10			417.248376	832.4822	2				832.483124	30.02	QEFLLR					
2	10			451.253697	900.4928	2				900.494095	37.17	LDLLEDR	451.2537	453.2663	2.48	1.13	2.19
2	10			451.253697	900.4928	2				900.494095	43.39	LDLLEDR					
2	10			456.241088	910.4676	2				910.468521	38.85	AFFAGSQR					
2	10			456.241088	910.4676	2				910.468521	29.75	AFFAGSQR					
2	10			456.241088	910.4676	2				910.468521	41.57	AFFAGSQR					
2	10			500.811172	999.6078	2				999.610107	43.55	SLLLSVNR	500.8112	502.8237	12.9	5.08	2.54
2	10			500.811172	999.6078	2				999.610107	39.37	SLLLSVNR					
2	10			547.814191	1093.614	2				1093.615585	23.81	NPEPELLVR	547.8142	549.8268	21.6	5.69	3.80
2	10			550.26493	1098.515	2				1098.5159	28.5	YFTWDPSR					

Band num	prot_hit	nu_prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy	
2	10		107 kDa protein	578.80967	1155.605	2				1155.606079	62.29	GLLEFEHQR						
2	10			578.80967	1155.605	2				1155.606079	61.94	GLLEFEHQR						
2	10				578.810111	1155.606	2				1155.606079	46.8	GLLEFEHQR					
2	10				386.209485	1155.607	3				1155.606079	26.63	GLLEFEHQR					
2	10				386.209486	1155.607	3				1155.606079	27.33	GLLEFEHQR					
2	10				391.897555	1172.671	3				1172.669022	32.38	SIRPGLSPYR	391.8976	393.2393	20.6	6.8	3.03
2	10				391.897555	1172.671	3				1172.669022	35.63	SIRPGLSPYR					
2	10				391.897564	1172.671	3				1172.669022	28.97	SIRPGLSPYR					
2	10				728.347826	2182.022	3				2182.01622	27.38	VSQGSKDPAEAGDGAQPEETPR					
2	10				737.695969	2210.066	3				2210.047531	48.92	VSQGSKDPAEAGDGAQPEETPR					
2	10				737.695969	2210.066	3				2210.047531	33.78	VSQGSKDPAEAGDGAQPEETPR					
2	10	IPI00472068			364.227594	726.4406	2	5	3.49	1.36	726.441254	33.44	GGTIVPR					
2	10				364.227686	726.4408	2				726.441254	46.55	GGTIVPR					
2	10				417.248376	832.4822	2				832.483124	26.66	QEFLLR					
2	10				417.248376	832.4822	2				832.483124	30.02	QEFLLR					
2	10				451.253697	900.4928	2				900.494095	37.17	LDLLEDR					
2	10				451.253697	900.4928	2				900.494095	43.39	LDLLEDR					
2	10				456.241088	910.4676	2				910.468521	38.85	AFFAGSQR					
2	10				456.241088	910.4676	2				910.468521	29.75	AFFAGSQR					
2	10				456.241088	910.4676	2				910.468521	41.57	AFFAGSQR					
2	10			500.811172	999.6078	2				999.610107	43.55	SLLLSVNR						
2	10			500.811172	999.6078	2				999.610107	39.37	SLLLSVNR						
2	10			547.814191	1093.614	2				1093.615585	23.81	NPEPELLVR						
2	10			550.26493	1098.515	2				1098.5159	28.5	YFTWDPSR						
2	10			578.80967	1155.605	2				1155.606079	62.29	GLLEFEHQR						
2	10			578.80967	1155.605	2				1155.606079	61.94	GLLEFEHQR						
2	10			578.810111	1155.606	2				1155.606079	46.8	GLLEFEHQR						
2	10			386.209485	1155.607	3				1155.606079	26.63	GLLEFEHQR						
2	10			386.209486	1155.607	3				1155.606079	27.33	GLLEFEHQR						
2	10			391.897555	1172.671	3				1172.669022	32.38	SIRPGLSPYR						
2	10			391.897555	1172.671	3				1172.669022	35.63	SIRPGLSPYR						
2	10			391.897564	1172.671	3				1172.669022	28.97	SIRPGLSPYR						
2	10			728.347826	2182.022	3				2182.01622	27.38	VSQGSKDPAEAGDGAQPEETPR						
2	10			737.695969	2210.066	3				2210.047531	48.92	VSQGSKDPAEAGDGAQPEETPR						
2	10			737.695969	2210.066	3				2210.047531	33.78	VSQGSKDPAEAGDGAQPEETPR						
2	11	IPI00645078	Ubiquitin-activating enzyme	639.803168	1277.592	2	4	2.68	1.04	1277.591232	32.64	AENYDIPSADR	639.8032	641.8157	3.2	1.02	3.14	
2	11				639.803168	1277.592	2				1277.591232	43.81	AENYDIPSADR					
2	11				644.387009	1286.759	2				1286.758224	45.14	LQTSSVLVSGLR	644.387	646.3996	13.6	3.99	3.41
2	11				644.387009	1286.759	2				1286.758224	58.82	LQTSSVLVSGLR					
2	11				644.387105	1286.76	2				1286.758224	50.38	LQTSSVLVSGLR					
2	11				658.852429	1315.69	2				1315.683029	45.16	LDQPMTEIVSR					
2	11				658.852429	1315.69	2				1315.683029	48.72	LDQPMTEIVSR					
2	11				666.849397	1331.684	2				1331.677948	34.53	LDQPMTEIVSR					
2	11				737.358208	1472.702	2				1472.695374	54.7	DNPGVVTCLEAR	737.2582	739.3708	20.3	13.6	1.49
2	11				822.918325	1643.822	2				1643.817932	34.18	QPAENVNQYLTPDK					
2	11				822.918325	1643.822	2				1643.817932	32.2	QPAENVNQYLTPDK					
2	11				822.918325	1643.822	2				1643.817932	65.22	QPAENVNQYLTPDK					
2	11				836.934633	1671.855	2				1671.849243	33.1	QPAENVNQYLTPDK					
2	11				700.337994	2097.992	3				2097.995117	34.37	IHVSDQELQSANASVDDSR					
2	12	IPI00022744	Isoform 1 of Exportin-2	509.307546	1016.601	2	1	4.11	0.00	1016.604294	23.84	LLQAFLE						
2	12				958.419316	1914.824	2				1914.814331	91.61	AADEEAFEDNSEEYIR	958.4193	960.4319	12.2	2.97	4.11
2	12				958.419316	1914.824	2				1914.814331	81.25	AADEEAFEDNSEEYIR					
2	12				958.419316	1914.824	2				1914.814331	92.35	AADEEAFEDNSEEYIR					
2	12	IPI00219994	Isoform 3 of Exportin-2	509.307546	1016.601	2	1	4.11	0.00	1016.604294	23.84	LLQAFLE						
2	12				958.419316	1914.824	2				1914.814331	91.61	AADEEAFEDNSEEYIR					
2	12				958.419316	1914.824	2				1914.814331	81.25	AADEEAFEDNSEEYIR					
2	12				958.419316	1914.824	2				1914.814331	92.35	AADEEAFEDNSEEYIR					
2	13	IPI00024067	clathrin heavy chain 1	577.814614	1153.615	2	3	4.03	0.10	1153.61557	34.12	VANVELYYR						
2	13				577.814614	1153.615	2				1153.61557	36.63	VANVELYYR					
2	13				662.853749	1323.693	2				1323.695938	33.29	LLYNNVSNFGR	662.8538	664.8666	4.63	1.12	4.13
2	13				681.838817	1361.663	2				1361.659973	38.62	IYDSNNNPER	681.839	683.8515	29.6	7.34	4.03
2	13				681.838988	1361.663	2				1361.659973	40.76	IYDSNNNPER					
2	13				683.366445	1364.718	2				1364.71463	52.05	VVGAMQLYSVDR					

Band num	prot_hit	nu	prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy
2	13				683.366445	1364.718	2				1364.71463	49.43	VVGAMQLYSVDR					
2	13				691.36457	1380.715	2				1380.709549	58.51	VVGAMQLYSVDR	691.3646	693.3771	31.9	8.11	3.93
2	13				691.36457	1380.715	2				1380.709549	60.18	VVGAMQLYSVDR					
2	13				481.924933	1442.753	3				1442.754196	36.75	IVLDNSVFSEHR					
2	13				481.924933	1442.753	3				1442.754196	24.67	IVLDNSVFSEHR					
2	13	IPI00455383		Isoform 2 of Clathrin heavy	577.814614	1153.615	2	3	4.03	0.10	1153.61557	34.12	VANVELYYR					
2	13				577.814614	1153.615	2				1153.61557	36.63	VANVELYYR					
2	13				662.853749	1323.693	2				1323.695938	33.29	LLYNNVSNFGR					
2	13				681.838817	1361.663	2				1361.659973	38.62	IYIDSNNNPER					
2	13				681.838817	1361.663	2				1361.659973	40.76	IYIDSNNNPER					
2	13				683.366445	1364.718	2				1364.71463	52.05	VVGAMQLYSVDR					
2	13				683.366445	1364.718	2				1364.71463	49.43	VVGAMQLYSVDR					
2	13				691.36457	1380.715	2				1380.709549	58.51	VVGAMQLYSVDR					
2	13				691.36457	1380.715	2				1380.709549	60.18	VVGAMQLYSVDR					
2	13				481.924933	1442.753	3				1442.754196	36.75	IVLDNSVFSEHR					
2	13				481.924933	1442.753	3				1442.754196	24.67	IVLDNSVFSEHR					
2	14	IPI00022462		Transferrin receptor prot	616.836996	1231.659	2	3	2.60	1.03	1231.658508	45.79	LLNENSVVPR	616.837	618.8496	6.91	1.93	3.58
2	14				616.836996	1231.659	2				1231.658508	44.96	LLNENSVVPR					
2	14				548.94657	1643.818	3				1643.817932	38.98	LTHDVELNLDYER					
2	14				548.946838	1643.819	3				1643.817932	27.85	LTHDVELNLDYER					
2	14				822.918965	1643.823	2				1643.817932	45.27	LTHDVELNLDYER	822.919	824.9315	10.6	6.97	1.52
2	14				822.918965	1643.823	2				1643.817932	57.32	LTHDVELNLDYER					
2	14				567.63125	1699.872	3				1699.87059	54.07	GFVEPDHYVVVGAQR	567.6313	568.973	5.72	2.13	2.69
2	14				567.63125	1699.872	3				1699.87059	58.28	GFVEPDHYVVVGAQR					
2	15	IPI00027442		Alanyl-tRNA synthetase, c	555.291341	1108.568	2	4	2.49	0.50	1108.562027	20.13	KCLSVMEAK					
2	15				718.859829	1435.705	2				1435.700775	42.88	AVFDETYDPVPR	718.8598	720.8724	23.2	7.67	3.02
2	15				755.851042	1509.688	2				1509.679367	27.01	VGAEDADGIDMAYR	755.851	757.8636	12	5.05	2.57
2	15				836.921589	1671.829	2				1671.820938	65.73	ITCLCQVPQNAANR	836.9216	838.9341	13.4	6.83	1.82
2	15				836.921589	1671.829	2				1671.820938	71.44	ITCLCQVPQNAANR					
2	15				581.312557	1740.916	3				1740.914276	34.24	TITVALADGGRPDNTGR	581.3126	582.6543	3.25	1.28	2.54
2	15				581.312557	1740.916	3				1740.914276	33.7	TITVALADGGRPDNTGR					
2	15	IPI00784131		107 kDa protein	555.291341	1108.568	2	4	2.49	0.50	1108.562027	20.13	KCLSVMEAK					
2	15				718.859829	1435.705	2				1435.700775	42.88	AVFDETYDPVPR					
2	15				755.851042	1509.688	2				1509.679367	27.01	VGAEDADGIDMAYR					
2	15				836.921589	1671.829	2				1671.820938	65.73	ITCLCQVPQNAANR					
2	15				836.921589	1671.829	2				1671.820938	71.44	ITCLCQVPQNAANR					
2	15				581.312557	1740.916	3				1740.914276	34.24	TITVALADGGRPDNTGR					
2	15				581.312557	1740.916	3				1740.914276	33.7	TITVALADGGRPDNTGR					
2	16	IPI00002966		Heat shock 70 kDa protein	675.377693	1348.741	2	1	2.12	0.00	1348.737488	56.06	VLATAFDITLGGGR	675.3777	677.3903	3.96	1.87	2.12
2	16				675.377693	1348.741	2				1348.737488	80.48	VLATAFDITLGGGR					
2	17	IPI00291175		Isoform 1 of Vinculin	544.308623	1086.603	2	2	9.10	3.41	1086.603271	32.63	EAEAASIKIR	544.3086	546.3212	16.8	1.46	11.51
2	17				599.845943	1197.677	2				1197.674164	24.77	ELTPQVSAAR					
2	17				803.754801	2408.243	3				2408.235977	65.6	LLAVAATAPPDAPNREEVFDER	803.7548	805.0965	18.6	2.78	6.69
2	17				803.754801	2408.243	3				2408.235977	34.91	LLAVAATAPPDAPNREEVFDER					
2	17	IPI00307162		vinculin isoform meta-VCL	544.308623	1086.603	2	2	9.10	3.41	1086.603271	32.63	EAEAASIKIR					
2	17				599.845943	1197.677	2				1197.674164	24.77	ELTPQVSAAR					
2	17				803.754801	2408.243	3				2408.235977	65.6	LLAVAATAPPDAPNREEVFDER					
2	17				803.754801	2408.243	3				2408.235977	34.91	LLAVAATAPPDAPNREEVFDER					
2	18	IPI00021290		ATP-citrate synthase	669.849137	1337.684	2	2	3.41	1.49	1337.678619	32.17	FICTTSAIQNR	669.8491	671.8617	8.42	3.57	2.36
2	18				669.849137	1337.684	2				1337.678619	47.82	FICTTSAIQNR					
2	18				837.970928	1673.927	2				1673.922394	46.29	DLVSSLTSGLLTIGDR	837.9709	839.9835	13.9	3.11	4.47
2	18				837.970928	1673.927	2				1673.922394	21.66	DLVSSLTSGLLTIGDR					
2	18				837.970928	1673.927	2				1673.922394	39.45	DLVSSLTSGLLTIGDR					
2	18	IPI00394838		ATP citrate lyase isoform 2	669.849137	1337.684	2	2	3.41	1.49	1337.678619	32.17	FICTTSAIQNR					
2	18				669.849137	1337.684	2				1337.678619	47.82	FICTTSAIQNR					
2	18				837.970928	1673.927	2				1673.922394	46.29	DLVSSLTSGLLTIGDR					
2	18				837.970928	1673.927	2				1673.922394	21.66	DLVSSLTSGLLTIGDR					
2	18				837.970928	1673.927	2				1673.922394	39.45	DLVSSLTSGLLTIGDR					
2	18	IPI00640847		ATP citrate lyase isoform 1	669.849137	1337.684	2	2	3.41	1.49	1337.678619	32.17	FICTTSAIQNR					
2	18				669.849137	1337.684	2				1337.678619	47.82	FICTTSAIQNR					
2	18				837.970928	1673.927	2				1673.922394	46.29	DLVSSLTSGLLTIGDR					
2	18				837.970928	1673.927	2				1673.922394	21.66	DLVSSLTSGLLTIGDR					
2	18				837.970928	1673.927	2				1673.922394	39.45	DLVSSLTSGLLTIGDR					

Band num	prot_hit	nu	prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy
2	19	IPI00013744		Integrin alpha-2 precursor	493.288334	984.5621	2	2	5.36	0.24	984.562836	38.57	AIASIPTEP	493.2883	495.3009	10.3	1.86	5.54
2	19				493.288334	984.5621	2				984.562836	36.62	AIASIPTEP					
2	19				532.605777	1594.796	3				1594.791016	36.08	AVIDQCNDNLR	532.6058	533.9475	40.6	7.82	5.19
2	19				532.605777	1594.796	3				1594.791016	34.01	AVIDQCNDNLR					
2	20	IPI00022774		Transitional endoplasmic r	635.839713	1269.665	2	2	0.34	0.00	1269.658905	44.12	EVDIGIPDATGR	635.8397	637.8523	4.59	13.6	0.34
2	20				817.936104	1633.858	2				1633.852203	44.85	AIANEQCANFISIK	817.9361	819.9487	4.59	13.6	0.34
2	20	IPI00478540		89 kDa protein	635.839713	1269.665	2	2	0.34	0.00	1269.658905	44.12	EVDIGIPDATGR					
2	20				817.936104	1633.858	2				1633.852203	44.85	AIANEQCANFISIK					
2	21	IPI00009342		Ras GTPase-activating-like	876.94494	1751.875	2	1	2.99	0.00	1751.871399	59.78	EIQSSISGVTAAYNR	876.9449	878.9575	8.08	2.7	2.99
2	22	IPI00007402		120 kDa protein	559.821373	1117.628	2	1	2.99	0.00	1117.626831	45.37	AIFQTIQNR	559.8214	561.8339	18.6	6.22	2.99
2	22				559.821373	1117.628	2				1117.626831	46.83	AIFQTIQNR					
2	22	IPI00784008		Importin-7	559.821373	1117.628	2	1	2.99	0.00	1117.626831	45.37	AIFQTIQNR					
2	22				559.821373	1117.628	2				1117.626831	46.83	AIFQTIQNR					
2	23	IPI00217561		Isoform Beta-1C of Integrin	655.811657	1309.609	2	1	6.11	0.00	1309.603058	44.65	SLGTDLMNEMR	655.8117	657.8242	18.1	2.96	6.11
2	23				663.810199	1325.606	2				1325.597977	29.94	SLGTDLMNEMR					
2	23	IPI00217562		Isoform Beta-1C-2 of Integ	655.811657	1309.609	2	1	6.11	0.00	1309.603058	44.65	SLGTDLMNEMR					
2	23				663.810199	1325.606	2				1325.597977	29.94	SLGTDLMNEMR					
2	23	IPI00217563		Isoform Beta-1A of Integrin	655.811657	1309.609	2	1	6.11	0.00	1309.603058	44.65	SLGTDLMNEMR					
2	23				663.810199	1325.606	2				1325.597977	29.94	SLGTDLMNEMR					
2	23	IPI00293305		Isoform Beta-1B of Integrin	655.811657	1309.609	2	1	6.11	0.00	1309.603058	44.65	SLGTDLMNEMR					
2	23				663.810199	1325.606	2				1325.597977	29.94	SLGTDLMNEMR					
2	23	IPI00549336		Isoform Beta-1D of Integrin	655.811657	1309.609	2	1	6.11	0.00	1309.603058	44.65	SLGTDLMNEMR					
2	23				663.810199	1325.606	2				1325.597977	29.94	SLGTDLMNEMR					
2	23	IPI00645194		integrin beta 1 isoform 1A	655.811657	1309.609	2	1	6.11	0.00	1309.603058	44.65	SLGTDLMNEMR					
2	23				663.810199	1325.606	2				1325.597977	29.94	SLGTDLMNEMR					
2	24	IPI00464978		Insulin receptor substrate 2	544.802682	1087.591	2	2	9.01	2.39	1087.589767	24.72	ALTDLVSEGR	544.8027	546.8152	10.7	1	10.70
2	24				473.280997	1416.821	3				1416.82254	32.78	VALLPAGGALQHSR	473.281	474.6227	32.6	4.45	7.33
2	24				473.280997	1416.821	3				1416.82254	48.9	VALLPAGGALQHSR					
2	25	IPI00004503		lysosomal-associated merr	531.296484	1060.578	2	1	3.85	0.00	1060.578888	29.62	TVESITDIR	531.2965	533.809	7.12	1.85	3.85
2	25				531.296484	1060.578	2				1060.578888	51.64	TVESITDIR					
2	25	IPI00556655		LAMP1 protein variant (Fra	531.296484	1060.578	2	1	3.85	0.00	1060.578888	29.62	TVESITDIR					
2	25				531.296484	1060.578	2				1060.578888	51.64	TVESITDIR					
2	26	IPI00010418		Myosin lc	317.208549	632.4025	2	1	6.10	1.26	632.403412	27.89	GFILR	317.2086	319.2211	38.3	5.48	6.99
2	26				551.828447	1101.642	2				1101.6418	30.29	LLSVEGSTLR	551.8285	553.841	45.6	8.75	5.21
2	26				551.828447	1101.642	2				1101.6418	44.76	LLSVEGSTLR					
2	27	IPI00220901		TBC1 domain family memt	870.910659	1739.807	2	1	12.94	0.00	1739.802658	40.53	ILEDSEGFDEQEFPR	870.9107	872.9232	14.2	1.03	13.79
2	28	IPI00013452		glutamyl-prolyl tRNA synth	485.788054	969.5616	2	1	2.97	1.90	969.563141	29.94	VAVQGDVVR	485.7881	487.8006	27	6.26	4.31
2	28				903.441429	2707.302	3				2707.289581	31.09	ERPTPSLNINCTTSEDLSLVLYNR	903.4414	904.7831	7.5	4.61	1.63
2	29	IPI00556645		forkhead box K1	481.770111	961.5257	2	1	0.34	0.00	961.525711	22.15	LASVPEYR	481.7743	483.7869	4.59	13.6	0.34
2	29				481.774332	961.5341	2				961.525711	37.96	LASVPEYR					
2	30	IPI00646294		RNA pseudouridylate synt	429.268921	856.5233	2	1	6.30	0.00	856.515472	35.7	VGTVLGQR	429.2689	431.2815	58.8	9.34	6.30
2	31	IPI00217240		WD repeat protein 75	639.346054	1276.678	2	1	2.58	0.00	1276.687378	34.2	SIFTGLMIDPR	639.3461	641.3586	15	5.82	2.58
2	32	IPI00297160		CD44 antigen isoform 4 pr	591.303082	1180.592	2	1	3.57	0.00	1180.593475	34.07	ALSIFGFCR	591.3031	593.3156	18.3	5.12	3.57
2	32	IPI00305064		Isoform CD44 of CD44 ant	591.303082	1180.592	2	1	3.57	0.00	1180.593475	34.07	ALSIFGFCR	591.3031	593.3156	18.3	5.12	3.57
2	32	IPI00418465		CD44 antigen isoform 2 pr	591.303082	1180.592	2	1	3.57	0.00	1180.593475	34.07	ALSIFGFCR	591.3031	593.3156	18.3	5.12	3.57
2	32	IPI00419219		CD44 antigen isoform 3 pr	591.303082	1180.592	2	1	3.57	0.00	1180.593475	34.07	ALSIFGFCR	591.3031	593.3156	18.3	5.12	3.57
2	33	IPI00027481		Multidrug resistance protei	451.253697	900.4928	2	1	L	0.00	900.49408	30.97	INEGIGDK					
2	33				451.253697	900.4928	2				900.49408	31.38	INEGIGDK					
2	33				553.969827	1658.888	3				1658.875107	23.87	LTDDVSKINEGIGDK	553.9698	556.6532	8.3	0	L
2	34	IPI00220465		Isoform Alpha of LIM doma	399.248342	796.4821	2	2	4.22	1.25	796.483139	25.53	TVSPPIR					
2	34				601.336686	1200.659	2				1200.648666	32.15	ISANENSLAVR	601.3367	603.8492	31.3	9.39	3.33
2	34				665.682869	1994.027	3				1994.020508	28.37	NENEIILRPAQLANAR	665.6829	667.0246	19	3.72	5.11
2	34	IPI00220466		Isoform 3 of LIM domain ar	399.248342	796.4821	2	2	4.22	1.25	796.483139	25.53	TVSPPIR					
2	34				601.336686	1200.659	2				1200.648666	32.15	ISANENSLAVR					
2	34				665.682869	1994.027	3				1994.020508	28.37	NENEIILRPAQLANAR					
2	34	IPI00008918		Isoform Beta of LIM domai	399.248342	796.4821	2	2	4.22	1.25	796.483139	25.53	TVSPPIR					
2	34				601.336686	1200.659	2				1200.648666	32.15	ISANENSLAVR					
2	34				665.682869	1994.027	3				1994.020508	28.37	NENEIILRPAQLANAR					
2	35	IPI00026216		Puromycin-sensitive amino	491.909391	1472.706	3	1	1.34	0.00	1472.707245	30.89	AFFESHAPSAER	491.9094	493.2511	10.3	7.71	1.34
2	36	IPI00024804		Isoform SERCA1B of Sarco	471.257096	940.4996	2	1	L	0.00	940.500214	30.32	GAPEGVIDR	471.2571	473.2697	1.26	0	L
2	36	IPI00177817		Isoform SERCA2A of Sarco	471.257096	940.4996	2	1	L	0.00	940.500214	30.32	GAPEGVIDR					
2	36	IPI00219078		Isoform SERCA2B of Sarco	471.257096	940.4996	2	1	L	0.00	940.500214	30.32	GAPEGVIDR					
2	36	IPI00396118		Isoform SERCA1A of Sarco	471.257096	940.4996	2	1	L	0.00	940.500214	30.32	GAPEGVIDR					

Band num	prot_hit	nu_prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy	
2	36	IPI00646947	95 kDa protein	471.257096	940.4996	2	1	L	0.00	940.500214	30.32	GAPEGVVIDR						
2	37	IPI00289649	Tyrosine-protein phosphatase	580.365085	1158.716	2	1	L	0.00	1158.705017	29.42	KKFFIHQR	580.3651	584.3902	1.26	0	L	
2	37	IPI00647108	Tyrosine phosphatase	580.365085	1158.716	2	1	L	0.00	1158.705017	29.42	KKFFIHQR						
3	1	IPI00007765	Stress-70 protein, mitochondrial	630.352304	1258.69	2	2		2.38	0.26	1258.690552	64.87	QAASSLQQASLK					
3	1			644.368967	1286.723	2					1286.721863	69.83	QAASSLQQASLK	644.369	648.3941	7.8	3.04	2.57
3	1			644.368967	1286.723	2					1286.721863	82.55	QAASSLQQASLK					
3	1			644.368967	1286.723	2					1286.721863	76.36	QAASSLQQASLK					
3	1			466.565106	1396.673	3					1396.675949	22.65	ASNGDAWVEAHGK	466.5651	469.2485	1.32	0.6	2.20
3	2	IPI00304925	Heat shock 70 kDa protein	358.220649	714.4267	2	2		1.27	0.28	714.430023	21.89	LIGDAAK					
3	2			390.237614	778.4607	2					778.461334	21.11	VQVSYK					
3	2			430.758349	859.5021	2					859.503952	25.61	ITITNDK					
3	2			430.758349	859.5021	2					859.503952	25.15	ITITNDK					
3	2			465.760363	929.5062	2					929.509399	38.15	STLEPVEK					
3	2			479.776119	957.5377	2					957.54071	31.47	STLEPVEK	479.7764	483.8015	1.7	1.16	1.47
3	2			479.776126	957.5377	2					957.54071	28.88	STLEPVEK					
3	2			479.776426	957.5383	2					957.54071	43.04	STLEPVEK					
3	2			502.268989	1002.523	2					1002.525772	64.51	SAVEDEGLK					
3	2			516.291857	1030.569	2					1030.568298	20.96	LSKEEIER					
3	2			597.314575	1192.615	2					1192.611237	25.98	YKAEDEVQR					
3	2			597.314575	1192.615	2					1192.611237	33.69	YKAEDEVQR					
3	2			628.836966	1255.659	2					1255.65448	68.14	VEIANDQGNR	628.8371	630.8496	113	105	1.08
3	2			628.837074	1255.66	2					1255.65448	45.22	VEIANDQGNR					
3	2			628.837074	1255.66	2					1255.65448	71.59	VEIANDQGNR					
3	2	IPI00514377	heat shock 70kDa protein	358.220649	714.4267	2	2		1.27	0.28	714.430023	21.89	LIGDAAK					
3	2			390.237614	778.4607	2					778.461334	21.11	VQVSYK					
3	2			430.758349	859.5021	2					859.503952	25.61	ITITNDK					
3	2			430.758349	859.5021	2					859.503952	25.15	ITITNDK					
3	2			465.760363	929.5062	2					929.509399	38.15	STLEPVEK					
3	2			479.776119	957.5377	2					957.54071	31.47	STLEPVEK					
3	2			479.776126	957.5377	2					957.54071	28.88	STLEPVEK					
3	2			479.776426	957.5383	2					957.54071	43.04	STLEPVEK					
3	2			502.268989	1002.523	2					1002.525772	64.51	SAVEDEGLK					
3	2			516.291857	1030.569	2					1030.568298	20.96	LSKEEIER					
3	2			597.314575	1192.615	2					1192.611237	25.98	YKAEDEVQR					
3	2			597.314575	1192.615	2					1192.611237	33.69	YKAEDEVQR					
3	2			628.836966	1255.659	2					1255.65448	68.14	VEIANDQGNR					
3	2			628.837074	1255.66	2					1255.65448	45.22	VEIANDQGNR					
3	2			628.837074	1255.66	2					1255.65448	71.59	VEIANDQGNR					
3	2	IPI00643932	heat shock 70kDa protein	358.220649	714.4267	2	2		1.27	0.28	714.430023	21.89	LIGDAAK					
3	2			390.237614	778.4607	2					778.461334	21.11	VQVSYK					
3	2			430.758349	859.5021	2					859.503952	25.61	ITITNDK					
3	2			430.758349	859.5021	2					859.503952	25.15	ITITNDK					
3	2			465.760363	929.5062	2					929.509399	38.15	STLEPVEK					
3	2			479.776119	957.5377	2					957.54071	31.47	STLEPVEK					
3	2			479.776126	957.5377	2					957.54071	28.88	STLEPVEK					
3	2			479.776426	957.5383	2					957.54071	43.04	STLEPVEK					
3	2			502.268989	1002.523	2					1002.525772	64.51	SAVEDEGLK					
3	2			516.291857	1030.569	2					1030.568298	20.96	LSKEEIER					
3	2			597.314575	1192.615	2					1192.611237	25.98	YKAEDEVQR					
3	2			597.314575	1192.615	2					1192.611237	33.69	YKAEDEVQR					
3	2			628.836966	1255.659	2					1255.65448	68.14	VEIANDQGNR					
3	2			628.837074	1255.66	2					1255.65448	45.22	VEIANDQGNR					
3	2			628.837074	1255.66	2					1255.65448	71.59	VEIANDQGNR					
3	3	IPI00003362	heat shock 70kDa protein	358.220649	714.4267	2					714.430023	21.89	LIGDAAK					
3	3			473.758559	945.5026	2					945.504318	22	VLESDLK					
3	3			473.758559	945.5026	2					945.504318	40.04	VLESDLK					
3	3			487.774431	973.5343	2					973.535629	28.88	VLESDLK					
3	3			487.774433	973.5343	2					973.535629	21.98	VLESDLK					
3	3			488.2706	974.5266	2					974.528366	21.36	VMEHFIK					
3	3			551.796696	1101.579	2					1101.580292	32.57	ITITNDQNR					
3	3			551.796696	1101.579	2					1101.580292	46.16	ITITNDQNR					
3	3			551.796701	1101.579	2					1101.580292	42.12	ITITNDQNR					
3	3			610.336073	1218.658	2					1218.663254	22.85	VYEGERPLTK					



Band num	prot_hit	nu prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy
3	3			407.226533	1218.658	3				1218.663254	24.3	VYEGERPLTK					
3	3			610.336342	1218.658	2				1218.663254	31.98	VYEGERPLTK					
3	3			624.354341	1246.694	2				1246.694565	34.29	VYEGERPLTK					
3	3			624.354684	1246.695	2				1246.694565	28.84	VYEGERPLTK	624.3546	628.3797	11.3	3.16	3.58
3	3			628.836966	1255.659	2				1255.65448	68.14	VEIANDQGNR					
3	3			628.837074	1255.66	2				1255.65448	45.22	VEIANDQGNR					
3	3			628.837074	1255.66	2				1255.65448	71.59	VEIANDQGNR					
3	4	IPI00554711	Junction plakoglobin	690.82799	1379.641	2	2	2.51	1.17	1379.637558	69.79	TMQNTSDDLDTAR	690.828	692.8406	9.72	5.78	1.68
3	4			698.838224	1395.662	2				1395.65892	22.06	HPEAEMAQNSVR					
3	4			814.415872	1626.817	2				1626.813843	39.96	HVAAGTQQPYTDGVR	814.4159	816.4284	1.37	0.41	3.34
3	4			814.415872	1626.817	2				1626.813843	63.47	HVAAGTQQPYTDGVR					
3	4			814.415872	1626.817	2				1626.813843	63.59	HVAAGTQQPYTDGVR					
3	5	IPI00003865	Isoform 1 of Heat shock co	358.220649	714.4267	2	1	1.31	0.00	714.430023	21.89	LIGDAAK					
3	5			430.758349	859.5021	2				859.503952	25.61	ITITNDK					
3	5			430.758349	859.5021	2				859.503952	25.15	ITITNDK					
3	5			443.74854	885.4825	2				885.483185	40.2	GLDLPVEK	443.7485	445.7611	7.85	5.99	1.31
3	5			443.74854	885.4825	2				885.483185	43.44	GLDLPVEK					
3	5			457.763438	913.5123	2				913.514496	33.53	GLDLPVEK					
3	5			457.76379	913.513	2				913.514496	33.99	GLDLPVEK					
3	5			457.76379	913.513	2				913.514496	33.99	GLDLPVEK					
3	5			628.836966	1255.659	2				1255.65448	68.14	VEIANDQGNR					
3	5			628.837074	1255.66	2				1255.65448	45.22	VEIANDQGNR					
3	5			628.837074	1255.66	2				1255.65448	71.59	VEIANDQGNR					
3	6	IPI00009326	65 kDa Yes-associated prc	629.338146	1256.662	2				1256.65715	36.97	TANVPQTVPMP					
3	6			603.648871	1807.925	3				1807.920105	56.71	QASTDAGTAGALTPQHVR					
3	6			603.648871	1807.925	3				1807.920105	37.85	QASTDAGTAGALTPQHVR					
3	6			603.648871	1807.925	3				1807.920105	61.3	QASTDAGTAGALTPQHVR					
3	6			904.969981	1807.925	2				1807.920105	55.49	QASTDAGTAGALTPQHVR					
3	6	IPI00216919	YAP1 protein	629.338146	1256.662	2				1256.65715	36.97	TANVPQTVPMP					
3	6			603.648871	1807.925	3				1807.920105	56.71	QASTDAGTAGALTPQHVR					
3	6			603.648871	1807.925	3				1807.920105	37.85	QASTDAGTAGALTPQHVR					
3	6			603.648871	1807.925	3				1807.920105	61.3	QASTDAGTAGALTPQHVR					
3	6			904.969981	1807.925	2				1807.920105	55.49	QASTDAGTAGALTPQHVR					
3	7	IPI00643920	Transketolase	389.216195	776.4178	2	3	2.97	0.38	776.420532	33.25	AFDQIR	389.2162	391.2288	20.5	7.92	2.59
3	7			389.216195	776.4178	2				776.420532	29	AFDQIR					
3	7			436.253713	870.4929	2				870.494751	31.66	DAIAQAVR	436.2537	438.2663	156	52.6	2.97
3	7			436.253713	870.4929	2				870.494751	46.59	DAIAQAVR					
3	7			472.773315	943.5321	2				943.53627	30.24	AVELAANTK					
3	7			486.789493	971.5644	2				971.567581	51.43	AVELAANTK					
3	7			486.789758	971.565	2				971.567581	32.86	AVELAANTK					
3	7			503.806468	1005.598	2				1005.599564	29.59	HQPTAIAK					
3	7			503.807	1005.599	2				1005.599564	26.52	HQPTAIAK					
3	7			431.56705	1291.679	3				1291.679657	47.89	ISSDLDGHPVPK	431.5671	432.9088	11.6	3.47	3.34
3	7			440.909704	1319.707	3				1319.710968	41.08	ISSDLDGHPVPK					
3	7			440.909704	1319.707	3				1319.710968	38.44	ISSDLDGHPVPK					
3	7			440.910464	1319.71	3				1319.710968	31.3	ISSDLDGHPVPK					
3	8	IPI00334775	Hypothetical protein DKFZ	343.74484	685.4751	2	2	3.67	0.94	685.476242	26.13	VVVITK					
3	8			534.267242	1066.52	2				1066.520706	20.88	YESLTDPSK					
3	8			548.282948	1094.551	2				1094.552017	29.89	YESLTDPSK	548.283	552.3081	3.69	0.85	4.34
3	8			585.30085	1168.587	2				1168.58609	40.65	LGIHEDSTNR					
3	8			585.301344	1168.588	2				1168.58609	52.44	LGIHEDSTNR					
3	8			590.298959	1178.583	2				1178.584351	42.93	YIDQEELNK	590.299	592.3115	9.95	3.31	3.01
3	8			590.298969	1178.583	2				1178.584351	32.21	YIDQEELNK					
3	8			604.315368	1206.616	2				1206.615662	35.38	YIDQEELNK					
3	8	IPI00414676	Heat shock protein HSP 9C	343.74484	685.4751	2	2	3.67	0.94	685.476242	26.13	VVVITK					
3	8			534.267242	1066.52	2				1066.520706	20.88	YESLTDPSK					
3	8			548.282948	1094.551	2				1094.552017	29.89	YESLTDPSK					
3	8			585.30085	1168.587	2				1168.58609	40.65	LGIHEDSTNR					
3	8			585.301344	1168.588	2				1168.58609	52.44	LGIHEDSTNR					
3	8			590.298959	1178.583	2				1178.584351	42.93	YIDQEELNK					
3	8			590.298969	1178.583	2				1178.584351	32.21	YIDQEELNK					
3	8			604.315368	1206.616	2				1206.615662	35.38	YIDQEELNK					
3	9	IPI00152418	Decay-accelerating factor 5	323.862788	968.5665	3	2	1.82	0.37	968.567932	25.12	REPSLSPK	323.8633	326.5467	1.6	0.77	2.08

Band num	prot_hit	nu	prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy
3	9				529.257654	1056.501	2				1056.504669	25.55	SCPNPGEIR	529.2596	531.2722	25.4	16.3	1.56
3	9				529.257654	1056.501	2				1056.504669	41.85	SCPNPGEIR					
3	9				529.257698	1056.501	2				1056.504669	32.26	SCPNPGEIR					
3	9	IPI00216550		Isoform 1 of Complement c	323.862788	968.5665	3	2	1.82	0.37	968.567932	25.12	REPSLSPK					
3	9				529.257654	1056.501	2				1056.504669	25.55	SCPNPGEIR					
3	9				529.257654	1056.501	2				1056.504669	41.85	SCPNPGEIR					
3	9				529.257698	1056.501	2				1056.504669	32.26	SCPNPGEIR					
3	9	IPI00292069		Isoform 2 of Complement c	323.862788	968.5665	3	2	1.82	0.37	968.567932	25.12	REPSLSPK					
3	9				529.257654	1056.501	2				1056.504669	25.55	SCPNPGEIR					
3	9				529.257654	1056.501	2				1056.504669	41.85	SCPNPGEIR					
3	9				529.257698	1056.501	2				1056.504669	32.26	SCPNPGEIR					
3	9	IPI00382926		Decay-accelerating factor s	323.862788	968.5665	3	2	1.82	0.37	968.567932	25.12	REPSLSPK					
3	9				529.257654	1056.501	2				1056.504669	25.55	SCPNPGEIR					
3	9				529.257654	1056.501	2				1056.504669	41.85	SCPNPGEIR					
3	9				529.257698	1056.501	2				1056.504669	32.26	SCPNPGEIR					
3	9	IPI00647119		Decay accelerating factor f	323.862788	968.5665	3	2	1.82	0.37	968.567932	25.12	REPSLSPK					
3	9				529.257654	1056.501	2				1056.504669	25.55	SCPNPGEIR					
3	9				529.257654	1056.501	2				1056.504669	41.85	SCPNPGEIR					
3	9				529.257698	1056.501	2				1056.504669	32.26	SCPNPGEIR					
3	9	IPI00783145		Decay-accelerating factor s	323.862788	968.5665	3	2	1.82	0.37	968.567932	25.12	REPSLSPK					
3	9				529.257654	1056.501	2				1056.504669	25.55	SCPNPGEIR					
3	9				529.257654	1056.501	2				1056.504669	41.85	SCPNPGEIR					
3	9				529.257698	1056.501	2				1056.504669	32.26	SCPNPGEIR					
3	9	IPI00784169		Decay-accelerating factor s	323.862788	968.5665	3	2	1.82	0.37	968.567932	25.12	REPSLSPK					
3	9				529.257654	1056.501	2				1056.504669	25.55	SCPNPGEIR					
3	9				529.257698	1056.501	2				1056.504669	41.85	SCPNPGEIR					
3	9				529.257698	1056.501	2				1056.504669	32.26	SCPNPGEIR					
3	10	IPI00012079		Eukaryotic translation initia	661.838492	1321.662	2	1	2.56	0.00	1321.665039	45.76	VAPAQPSEEGPGR	661.8385	663.8511	0.69	0.27	2.56
3	10	IPI00439415		eukaryotic translation initia	661.838492	1321.662	2	1	2.56	0.00	1321.665039	45.76	VAPAQPSEEGPGR					
3	11	IPI00306239		Katanin p80 WD40-contain	437.756976	873.4994	2	1	58.68	0.00	873.499359	25.06	MATPVVTK	437.7578	439.7704	710	12.1	58.68
3	11				437.756976	873.4994	2				873.499359	25.16	MATPVVTK					
3	11				437.756976	873.4994	2				873.499359	39.11	MATPVVTK					
3	11				437.757832	873.5011	2				873.499359	39.38	MATPVVTK					
3	11				437.757832	873.5011	2				873.499359	32.83	MATPVVTK					
3	11	IPI00746256		73 kDa protein	437.756976	873.4994	2	1	58.68	0.00	873.499359	25.06	MATPVVTK					
3	11				437.756976	873.4994	2				873.499359	25.16	MATPVVTK					
3	11				437.756976	873.4994	2				873.499359	39.11	MATPVVTK					
3	11				437.757832	873.5011	2				873.499359	39.38	MATPVVTK					
3	11				437.757832	873.5011	2				873.499359	32.83	MATPVVTK					
3	12	IPI00219365		Moesin	496.265102	990.5157	2	3	2.61	0.34	990.519257	20.87	ISQLEMAR	496.2651	498.2777	3.73	1.45	2.57
3	12				421.220015	1260.638	3				1260.638794	30.35	IQVWHEEHR	421.22	422.5617	12	5.24	2.29
3	12				421.220015	1260.638	3				1260.638794	33.19	IQVWHEEHR					
3	12				477.554316	1429.641	3				1429.646652	32.86	TANDMIHAENMR	477.5543	478.896	3.45	1.16	2.97
3	13	IPI00007219		Cytochrome P450 2C9	379.723999	757.4334	2	1	2.94	0.00	757.43338	24.03	LNENIK	379.724	381.7366	44.7	15.2	2.94
3	13				379.723999	757.4334	2				757.43338	35.15	LNENIK					
3	13	IPI00016066		PREDICTED: similar to Pu	379.723999	757.4334	2	1	2.94	0.00	757.43338	24.03	LNENIK					
3	13				379.723999	757.4334	2				757.43338	35.15	LNENIK					
3	13	IPI00396329		Brix domain-containing pro	379.723999	757.4334	2	1	2.94	0.00	757.43338	24.03	LNENIK					
3	13				379.723999	757.4334	2				757.43338	35.15	LNENIK					
3	14	IPI00025417		Zinc finger protein 45	531.280621	1060.547	2	1	4.96	0.00	1060.551254	34.39	DNSSGAKNLK	531.2806	533.2932	12	2.42	4.96
3	14				531.280652	1060.547	2				1060.551254	25.35	DNSSGAKNLK					
3	14	IPI00444117		CDNA FLJ45839 fis, clone	531.280621	1060.547	2	1	4.96	0.00	1060.551254	34.39	DNSSGAKNLK					
3	14				531.280652	1060.547	2				1060.551254	25.35	DNSSGAKNLK					
3	15	IPI00168421		F-box protein 15	629.901265	1257.788	2	1	1.51	0.00	1257.787323	32.48	IFGLGWAILK	629.9013	631.9138	1.8	1.19	1.51
3	15	IPI00643350		20 kDa protein	629.901265	1257.788	2	1	1.51	0.00	1257.787323	32.48	IFGLGWAILK					
3	16	IPI00164387		Isoform 5 of Calcium-activ	353.209442	704.4043	2	1	2.42	0.00	704.409317	32.4	TSNSIK	353.2094	855.222	60.1	24.8	2.42
3	16				353.209485	704.4044	2				704.409317	20.69	TSNSIK					
3	16	IPI00410168		Isoform 2 of Calcium-activ	353.209442	704.4043	2	1	2.42	0.00	704.409317	32.4	TSNSIK					
3	16				353.209485	704.4044	2				704.409317	20.69	TSNSIK					
3	16	IPI00410169		Isoform 3 of Calcium-activ	353.209442	704.4043	2	1	2.42	0.00	704.409317	32.4	TSNSIK					
3	16				353.209485	704.4044	2				704.409317	20.69	TSNSIK					
3	16	IPI00410170		Isoform 4 of Calcium-activ	353.209442	704.4043	2	1	2.42	0.00	704.409317	32.4	TSNSIK					
3	16				353.209485	704.4044	2				704.409317	20.69	TSNSIK					

Band num	prot_hit	nu_prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy
3	16	IPI00410173	Isoform 7 of Calcium-activ	353.209442	704.4043	2	1	2.42	0.00	704.409317	32.4	TSNSIK					
3	16			353.209485	704.4044	2				704.409317	20.69	TSNSIK					
3	16	IPI00426186	Potassium large conductar	353.209442	704.4043	2	1	2.42	0.00	704.409317	32.4	TSNSIK					
3	16			353.209485	704.4044	2				704.409317	20.69	TSNSIK					
3	16	IPI00478411	Isoform 1 of Calcium-activ	353.209442	704.4043	2	1	2.42	0.00	704.409317	32.4	TSNSIK					
3	16			353.209485	704.4044	2				704.409317	20.69	TSNSIK					
3	16	IPI00642051	Potassium large conductar	353.209442	704.4043	2	1	2.42	0.00	704.409317	32.4	TSNSIK					
3	16			353.209485	704.4044	2				704.409317	20.69	TSNSIK					
3	16	IPI00642598	Potassium large conductar	353.209442	704.4043	2	1	2.42	0.00	704.409317	32.4	TSNSIK					
3	16			353.209485	704.4044	2				704.409317	20.69	TSNSIK					
3	16	IPI00644663	Potassium large conductar	353.209442	704.4043	2	1	2.42	0.00	704.409317	32.4	TSNSIK					
3	16			353.209485	704.4044	2				704.409317	20.69	TSNSIK					
3	16	IPI00645064	Potassium large conductar	353.209442	704.4043	2	1	2.42	0.00	704.409317	32.4	TSNSIK					
3	16			353.209485	704.4044	2				704.409317	20.69	TSNSIK					
3	16	IPI00645602	Potassium large conductar	353.209442	704.4043	2	1	2.42	0.00	704.409317	32.4	TSNSIK					
3	16			353.209485	704.4044	2				704.409317	20.69	TSNSIK					
3	16	IPI00645778	Potassium large conductar	353.209442	704.4043	2	1	2.42	0.00	704.409317	32.4	TSNSIK					
3	16			353.209485	704.4044	2				704.409317	20.69	TSNSIK					
3	16	IPI00647276	Potassium large conductar	353.209442	704.4043	2	1	2.42	0.00	704.409317	32.4	TSNSIK					
3	16			353.209485	704.4044	2				704.409317	20.69	TSNSIK					
3	17	IPI00019088	Collagen alpha-2(I) chain	438.222814	874.4311	2	1	5.38	0.00	874.43306	31.92	MAAATASPR	438.2228	440.2354	15.6	2.9	5.38
3	17	IPI00647776	Collagen, type IX, alpha 2	438.222814	874.4311	2	1	5.38	0.00	874.43306	31.92	MAAATASPR					
3	18	IPI00016759	Synaptic vesicular amine tr	729.850197	1457.686	2	1	11.84	0.00	1457.682892	20.46	MAILMDHNCPIK					
3	18			743.867166	1485.72	2				1485.714203	20.29	MAILMDHNCPIK	743.8672	745.8797	4.5	0.38	11.84
3	18			743.867166	1485.72	2				1485.714203	31.86	MAILMDHNCPIK					
4	1	IPI00305589	Isoform 1 of 6-phosphofruc	407.251341	812.4881	2	4	6.16	0.89	812.489258	28.77	VINVGQR					
4	1			427.234921	852.4553	2				852.455215	21.06	TIYLGR					
4	1			427.234921	852.4553	2				852.455215	21.76	TIYLGR					
4	1			427.234958	852.4554	2				852.455215	23.6	TIYLGR					
4	1			431.250662	860.4868	2				860.489273	32.31	QFAQALR					
4	1			431.250662	860.4868	2				860.489273	35.54	QFAQALR					
4	1			431.709087	861.4036	2				861.404541	24.25	SYDFFR					
4	1			431.709087	861.4036	2				861.404541	29.24	SYDFFR					
4	1			459.276997	916.5394	2				916.540665	21.57	VWTSQLK					
4	1			459.276997	916.5394	2				916.540665	23.5	VWTSQLK					
4	1			459.276997	916.5394	2				916.540665	25.24	VWTSQLK					
4	1			494.775121	987.5357	2				987.537323	26.11	IGGDSGLSVR					
4	1			494.775121	987.5357	2				987.537323	64.04	IGGDSGLSVR					
4	1			498.288167	994.5618	2				994.562408	32.54	VFNLGVYR					
4	1			498.288167	994.5618	2				994.562408	35.79	VFNLGVYR					
4	1			498.288167	994.5618	2				994.562408	29.24	VFNLGVYR					
4	1			504.7727	1007.531	2				1007.531204	20.45	VQDYIQSK					
4	1			518.788287	1035.562	2				1035.562515	36.38	VQDYIQSK					
4	1			526.773486	1051.532	2				1051.53627	25.85	YPEEFALR					
4	1			526.773544	1051.533	2				1051.53627	34.67	YPEEFALR					
4	1			531.285668	1060.557	2				1060.557739	60.21	GADELPYLR	531.2857	533.2982	69.6	12.1	5.75
4	1			531.285668	1060.557	2				1060.557739	64.33	GADELPYLR					
4	1			531.285683	1060.557	2				1060.557739	64.24	GADELPYLR					
4	1			532.795103	1063.576	2				1063.57605	24.94	LTPVAYGCK					
4	1			532.795103	1063.576	2				1063.57605	44.1	LTPVAYGCK					
4	1			532.795103	1063.576	2				1063.57605	37.67	LTPVAYGCK					
4	1			536.305763	1070.597	2				1070.597137	29.52	CPLHTIFK					
4	1			357.873431	1070.598	3				1070.597137	29.17	CPLHTIFK					
4	1			357.873431	1070.598	3				1070.597137	27.62	CPLHTIFK					
4	1			539.264423	1076.514	2				1076.516281	32.88	VSSPDYPER					
4	1			539.264423	1076.514	2				1076.516281	39.99	VSSPDYPER					
4	1			539.264459	1076.514	2				1076.516281	35.9	VSSPDYPER					
4	1			590.824872	1179.635	2				1179.638443	69.82	LNVEAVNTHR	590.8249	592.8374	48.7	8.4	5.80
4	1			590.824872	1179.635	2				1179.638443	64.03	LNVEAVNTHR					
4	1			590.824872	1179.635	2				1179.638443	66.78	LNVEAVNTHR					
4	1			394.219674	1179.637	3				1179.638443	41.96	LNVEAVNTHR					
4	1			394.219674	1179.637	3				1179.638443	50.07	LNVEAVNTHR					
4	1			394.21968	1179.637	3				1179.638443	43.88	LNVEAVNTHR					

Band num	prot_hit_nu	prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy
4	1			604.825714	1207.637	2				1207.637375	30.6	RYPEEFALR					
4	1			604.825893	1207.637	2				1207.637375	21.66	RYPEEFALR					
4	1			629.826633	1257.639	2				1257.637756	36.69	HGESEFNLLGK					
4	1			636.848992	1271.683	2				1271.681946	21.71	LEPVIMELER					
4	1			637.3467	1272.679	2				1272.6772	46.03	QCALVALEDVK					
4	1			637.346941	1272.679	2				1272.6772	51.7	QCALVALEDVK					
4	1			643.842313	1285.67	2				1285.669067	57.53	HGESEFNLLGK	643.8424	645.8549	9.82	1.31	7.50
4	1			643.842384	1285.67	2				1285.669067	79.57	HGESEFNLLGK					
4	1			651.361517	1300.708	2				1300.708511	60.13	QCALVALEDVK					
4	1			651.362629	1300.711	2				1300.708511	58.56	QCALVALEDVK					
4	1			696.867813	1391.721	2				1391.72084	55.69	FLEEQEITDLK					
4	1			696.867813	1391.721	2				1391.72084	66.71	FLEEQEITDLK					
4	1			710.885015	1419.755	2				1419.752151	68.98	FLEEQEITDLK	710.885	714.9101	6.9	1.23	5.61
4	1			726.381325	1450.748	2				1450.744049	23.05	NSFTPLSSSNTIR					
4	1			770.376418	1538.738	2				1538.738937	64.98	YPGGESYQDLVQR					
4	1			770.376418	1538.738	2				1538.738937	60.94	YPGGESYQDLVQR					
4	1			770.376418	1538.738	2				1538.738937	67.33	YPGGESYQDLVQR					
4	1			527.296636	1578.868	3				1578.868835	55.43	QGNVLVISHQAVMR					
4	1			527.296636	1578.868	3				1578.868835	57.3	QGNVLVISHQAVMR					
4	1			527.296636	1578.868	3				1578.868835	42.57	QGNVLVISHQAVMR					
4	1			532.627749	1594.861	3				1594.863754	45.72	QGNVLVISHQAVMR					
4	1			532.627749	1594.861	3				1594.863754	50.46	QGNVLVISHQAVMR					
4	1			563.977375	1688.91	3				1688.909653	27.03	IVYYLMNIHVQPR					
4	1			563.977375	1688.91	3				1688.909653	58.55	IVYYLMNIHVQPR					
4	1			845.465749	1688.917	2				1688.909653	48.16	IVYYLMNIHVQPR					
4	1			845.465749	1688.917	2				1688.909653	58.45	IVYYLMNIHVQPR					
4	2	IPI00303476	ATP synthase subunit beta	533.81686	1065.619	2	3	2.29	0.61	1065.620667	33.23	IPVGPETLGR					
4	2			645.840499	1289.666	2				1289.667358	46.2	TIAMDGTGLVLR					
4	2			645.840933	1289.667	2				1289.667358	49.38	TIAMDGTGLVLR					
4	2			707.37846	1412.742	2				1412.735764	60.67	IMNVIGEPIDER	707.3785	709.391	5.58	1.93	2.89
4	2			707.37846	1412.742	2				1412.735764	61.43	IMNVIGEPIDER					
4	2			707.37846	1412.742	2				1412.735764	65.79	IMNVIGEPIDER					
4	2			815.427679	1628.841	2				1628.836853	62.21	VALVYQGMNEPPGAR	815.4277	817.4403	2.38	1.03	2.31
4	2			815.427722	1628.841	2				1628.836853	80.48	VALVYQGMNEPPGAR					
4	2			815.427722	1628.841	2				1628.836853	60.73	VALVYQGMNEPPGAR					
4	2			815.431668	1628.849	2				1628.836853	34.93	VALVYQGMNEPPGAR					
4	2			823.42569	1644.837	2				1644.831772	51.12	VALVYQGMNEPPGAR					
4	2			823.42569	1644.837	2				1644.831772	39.92	VALVYQGMNEPPGAR					
4	2			560.321908	1677.944	3				1677.943771	48.06	LVLEVAQHLGESTVR					
4	2			560.321908	1677.944	3				1677.943771	54.7	LVLEVAQHLGESTVR					
4	2			839.981625	1677.949	2				1677.943771	115.37	LVLEVAQHLGESTVR					
4	2			839.981625	1677.949	2				1677.943771	111.78	LVLEVAQHLGESTVR	839.9816	841.9942	5.57	3.32	1.68
4	2			839.981625	1677.949	2				1677.943771	121.77	LVLEVAQHLGESTVR					
4	2			615.307164	1842.9	3				1842.895844	53.97	IMDPNIVGSEHYDVAR					
4	2			615.307164	1842.9	3				1842.895844	57.25	IMDPNIVGSEHYDVAR					
4	2			615.307164	1842.9	3				1842.895844	50.46	IMDPNIVGSEHYDVAR					
4	2			922.459078	1842.904	2				1842.895844	36.83	IMDPNIVGSEHYDVAR					
4	3	IPI00007752	Tubulin beta-2C chain	528.779477	1055.544	2	3	2.67	0.08	1055.545822	39.87	TAVCDIPPR	528.7798	530.7923	4.1	1.57	2.61
4	3			528.779727	1055.545	2				1055.545822	55.42	TAVCDIPPR					
4	3			528.779766	1055.545	2				1055.545822	55.69	TAVCDIPPR					
4	3			369.192113	1104.555	3				1104.558807	28.92	IREEYPDR					
4	3			553.284533	1104.555	2				1104.558807	32.58	IREEYPDR					
4	3			553.284644	1104.555	2				1104.558807	24.44	IREEYPDR					
4	3			553.284864	1104.555	2				1104.558807	30.77	IREEYPDR					
4	3			579.817124	1157.62	2				1157.621735	26.65	FPGQLNADLR					
4	3			579.81725	1157.62	2				1157.621735	30.26	FPGQLNADLR					
4	3			579.817733	1157.621	2				1157.621735	28.4	FPGQLNADLR					
4	3			594.334372	1186.654	2				1186.65567	29.02	LAVNMVPPFR					
4	3			594.334372	1186.654	2				1186.65567	42.63	LAVNMVPPFR					
4	3			637.317871	1272.621	2				1272.61969	32.22	ISEQFTAMFR					
4	3			637.317871	1272.621	2				1272.61969	30.05	ISEQFTAMFR					
4	3			674.373728	1346.733	2				1346.729233	52.7	IMNTFSVVPSPK					
4	3			678.847274	1355.68	2				1355.67453	38.55	INVYNEATGGK					

Band num	prot_hit	nu	prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy
4	4	3			682.372904	1362.731	2		1362.724152		1362.724152	45.74	IMNTFSVVPSPK					
4	4	3			682.372904	1362.731	2		1362.724152		1362.724152	35.84	IMNTFSVVPSPK					
4	4	3			688.389528	1374.765	2		1374.760544		1374.760544	42.67	IMNTFSVVPSPK					
4	4	3			692.861577	1383.709	2		1383.705841		1383.705841	44.32	INVYNEATGGK					
4	4	3			692.861577	1383.709	2		1383.705841		1383.705841	47.8	INVYNEATGGK					
4	4	3			737.8687	1473.723	2		1473.715759		1473.715759	88.39	EVDEQMLNVQNK					
4	4	3			737.8687	1473.723	2		1473.715759		1473.715759	85.29	EVDEQMLNVQNK					
4	4	3			751.883369	1501.752	2		1501.74707		1501.74707	101.7	EVDEQMLNVQNK	751.8834	755.9085	2.34	0.86	2.72
4	4	3			751.883369	1501.752	2		1501.74707		1501.74707	87.88	EVDEQMLNVQNK					
4	4	3			823.430551	1644.847	2		1644.84169		1644.84169	71.77	AVLDLEPGTMDSVR					
4	4	3			823.430551	1644.847	2		1644.84169		1644.84169	74.12	AVLDLEPGTMDSVR					
4	4	3			823.430551	1644.847	2		1644.84169		1644.84169	28.7	AVLDLEPGTMDSVR					
4	4	3			617.657934	1849.952	3		1849.949265		1849.949265	42.11	EIVHLQAGQCGNQIGAK					
4	4	3			617.657934	1849.952	3		1849.949265		1849.949265	44.69	EIVHLQAGQCGNQIGAK					
4	4	4	IPI00011654	Tubulin beta-2 chain	528.779477	1055.544	2	3	2.67	0.08	1055.545822	39.87	TAVCDIPPR					
4	4	4			528.779727	1055.545	2		1055.545822		1055.545822	55.42	TAVCDIPPR					
4	4	4			528.779766	1055.545	2		1055.545822		1055.545822	55.69	TAVCDIPPR					
4	4	4			369.192113	1104.555	3		1104.558807		1104.558807	28.92	IREEYPDR					
4	4	4			553.284533	1104.555	2		1104.558807		1104.558807	32.58	IREEYPDR					
4	4	4			553.284644	1104.555	2		1104.558807		1104.558807	24.44	IREEYPDR					
4	4	4			553.284864	1104.555	2		1104.558807		1104.558807	30.77	IREEYPDR					
4	4	4			579.817124	1157.62	2		1157.621735		1157.621735	26.65	FPGQLNADLR					
4	4	4			579.81725	1157.62	2		1157.621735		1157.621735	30.26	FPGQLNADLR					
4	4	4			579.817733	1157.621	2		1157.621735		1157.621735	28.4	FPGQLNADLR					
4	4	4			594.334372	1186.654	2		1186.65567		1186.65567	29.02	LAVNMVPPFR					
4	4	4			594.334372	1186.654	2		1186.65567		1186.65567	42.63	LAVNMVPPFR					
4	4	4			637.317871	1272.621	2		1272.61969		1272.61969	32.22	ISEQFTAMFR					
4	4	4			637.317871	1272.621	2		1272.61969		1272.61969	30.05	ISEQFTAMFR					
4	4	4			665.341214	1328.668	2		1328.663635		1328.663635	40.31	ISVYNEATGGK					
4	4	4			665.341214	1328.668	2		1328.663635		1328.663635	34.84	ISVYNEATGGK					
4	4	4			674.373728	1346.733	2		1346.729233		1346.729233	52.7	IMNTFSVVPSPK					
4	4	4			682.372904	1362.731	2		1362.724152		1362.724152	45.74	IMNTFSVVPSPK					
4	4	4			682.372904	1362.731	2		1362.724152		1362.724152	35.84	IMNTFSVVPSPK					
4	4	4			688.389528	1374.765	2		1374.760544		1374.760544	42.67	IMNTFSVVPSPK					
4	4	4			737.8687	1473.723	2		1473.715759		1473.715759	88.39	EVDEQMLNVQNK					
4	4	4			737.8687	1473.723	2		1473.715759		1473.715759	85.29	EVDEQMLNVQNK					
4	4	4			751.883369	1501.752	2		1501.74707		1501.74707	101.7	EVDEQMLNVQNK					
4	4	4			751.883369	1501.752	2		1501.74707		1501.74707	87.88	EVDEQMLNVQNK					
4	4	4			617.657934	1849.952	3		1849.949265		1849.949265	42.11	EIVHIQAGQCGNQIGAK					
4	4	4			617.657934	1849.952	3		1849.949265		1849.949265	44.69	EIVHIQAGQCGNQIGAK					
4	4	5	IPI00025252	Protein disulfide-isomerase	377.266706	752.5189	2	2	2.38	0.06	752.518448	27.72	GIVPLAK					
4	4	5			453.263746	904.5129	2		904.515472		904.515472	38.78	LNFAVASR					
4	4	5			453.263746	904.5129	2		904.515472		904.515472	46.12	LNFAVASR					
4	4	5			453.264131	904.5137	2		904.515472		904.515472	45.48	LNFAVASR					
4	4	5			512.300503	1022.586	2		1022.589706		1022.589706	46.74	QAGPASVPLR					
4	4	5			512.300503	1022.586	2		1022.589706		1022.589706	53.36	QAGPASVPLR					
4	4	5			548.822494	1095.63	2		1095.631256		1095.631256	24.99	TADGIVSHLK					
4	4	5			570.818582	1139.623	2		1139.625092		1139.625092	35.04	YGVSGYPTLK					
4	4	5			570.818582	1139.623	2		1139.625092		1139.625092	29.01	YGVSGYPTLK					
4	4	5			600.788702	1199.563	2		1199.56691		1199.56691	30.53	FVMQEEFSR					
4	4	5			600.788711	1199.563	2		1199.56691		1199.56691	44.6	FVMQEEFSR					
4	4	5			600.789313	1199.564	2		1199.56691		1199.56691	35.39	FVMQEEFSR					
4	4	5			610.320461	1218.626	2		1218.626877		1218.626877	51.42	LAPEYEAATR	610.3205	612.333	52.9	21.9	2.42
4	4	5			610.320473	1218.626	2		1218.626877		1218.626877	39.21	LAPEYEAATR					
4	4	5			610.320473	1218.626	2		1218.626877		1218.626877	41.44	LAPEYEAATR					
4	4	5			698.855194	1395.696	2		1395.690598		1395.690598	41.69	SEPIPESNDGPVK					
4	4	5			712.871833	1423.729	2		1423.721909		1423.721909	47.83	SEPIPESNDGPVK	712.8718	716.8969	2.01	0.86	2.34
4	4	5			846.902468	1691.79	2		1691.784912		1691.784912	46.82	MDATANDVPSPEYR					
4	4	5			846.902468	1691.79	2		1691.784912		1691.784912	77.2	MDATANDVPSPEYR					
4	4	5			846.902468	1691.79	2		1691.784912		1691.784912	66.93	MDATANDVPSPEYR					
4	4	5			846.902468	1691.79	2		1691.784912		1691.784912	62.91	MDATANDVPSPEYR					
4	4	5			854.899866	1707.785	2		1707.779831		1707.779831	47.09	MDATANDVPSPEYR					
4	4	5			854.899866	1707.785	2		1707.779831		1707.779831	66.29	MDATANDVPSPEYR					

Band num	prot_hit	nu_prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy
4	5			854.899866	1707.785	2				1707.779831	27.25	MDATANDVPSPEYEV					
4	5	IPI00657680	55 kDa protein	377.266706	752.5189	2	2	2.38	0.06	752.518448	27.72	GIVPLAK					
4	5			453.263746	904.5129	2				904.515472	38.78	LNFVAVSR					
4	5			453.263746	904.5129	2				904.515472	46.12	LNFVAVSR					
4	5			453.264131	904.5137	2				904.515472	45.48	LNFVAVSR					
4	5			512.300503	1022.586	2				1022.589706	46.74	QAGPASVPLR					
4	5			512.300503	1022.586	2				1022.589706	53.36	QAGPASVPLR					
4	5			548.822494	1095.63	2				1095.631256	24.99	TADGIVSHLK					
4	5			570.818582	1139.623	2				1139.625092	35.04	YGVSGYPTLK					
4	5			570.818582	1139.623	2				1139.625092	29.01	YGVSGYPTLK					
4	5			600.788702	1199.563	2				1199.566691	30.53	FVMQEEFSR					
4	5			600.788711	1199.563	2				1199.566691	44.6	FVMQEEFSR					
4	5			600.789313	1199.564	2				1199.566691	35.39	FVMQEEFSR					
4	5			610.320461	1218.626	2				1218.626877	51.42	LAPEYEAATR					
4	5			610.320473	1218.626	2				1218.626877	39.21	LAPEYEAATR					
4	5			610.320473	1218.626	2				1218.626877	41.44	LAPEYEAATR					
4	5			698.855194	1395.696	2				1395.690598	41.69	SEPIPESNDGPVK					
4	5			712.871833	1423.729	2				1423.721909	47.83	SEPIPESNDGPVK					
4	5			846.902468	1691.79	2				1691.784912	46.82	MDATANDVPSPEYEV					
4	5			846.902468	1691.79	2				1691.784912	77.2	MDATANDVPSPEYEV					
4	5			846.902468	1691.79	2				1691.784912	66.93	MDATANDVPSPEYEV					
4	5			846.902468	1691.79	2				1691.784912	62.91	MDATANDVPSPEYEV					
4	5			854.899866	1707.785	2				1707.779831	47.09	MDATANDVPSPEYEV					
4	5			854.899866	1707.785	2				1707.779831	66.29	MDATANDVPSPEYEV					
4	5			854.899866	1707.785	2				1707.779831	27.25	MDATANDVPSPEYEV					
4	6	IPI00299024	Brain acid soluble protein 1	707.857579	1413.701	2	2	2.34	0.18	1413.701187	62.92	ETPAATEAPSSTPK	707.8576	709.8701	4.65	1.88	2.47
4	6			707.857579	1413.701	2				1413.701187	72.91	ETPAATEAPSSTPK					
4	6			707.857579	1413.701	2				1413.701187	73.88	ETPAATEAPSSTPK					
4	6			721.874295	1441.734	2				1441.732498	70.19	ETPAATEAPSSTPK					
4	6			721.874712	1441.735	2				1441.732498	48.47	ETPAATEAPSSTPK					
4	6			721.874721	1441.735	2				1441.732498	73.65	ETPAATEAPSSTPK					
4	6			490.271529	1467.793	3				1467.793289	36.14	KTEAAPAAPAAQETK					
4	6			490.271529	1467.793	3				1467.793289	27.72	KTEAAPAAPAAQETK					
4	6			742.366114	1482.718	2				1482.722626	62.67	ESEPQAAAPAEAK					
4	6			742.370593	1482.727	2				1482.722626	35.63	ESEPQAAAPAEAK					
4	6			499.615048	1495.823	3				1495.827057	20.05	KTEAAPAAPAAQETK	499.6151	503.6402	0.62	0.28	2.21
4	6			499.615048	1495.823	3				1495.827057	56.13	KTEAAPAAPAAQETK					
4	6			499.615048	1495.823	3				1495.827057	34.03	KTEAAPAAPAAQETK					
4	6			776.053473	2325.139	3				2325.160004	25.44	AEPKKAPEQEQAAPGPAAGGEAPK					
4	6			785.407288	2353.2	3				2353.193771	20.27	AEPKKAPEQEQAAPGPAAGGEAPK					
4	6			785.407288	2353.2	3				2353.193771	25.22	AEPKKAPEQEQAAPGPAAGGEAPK					
4	6			888.764522	2663.272	3				2663.258575	30.83	AAEAAAAPAESAAPAAGEEPSKEEGEPK					
4	6			888.764522	2663.272	3				2663.258575	49.78	AAEAAAAPAESAAPAAGEEPSKEEGEPK					
4	6			888.764522	2663.272	3				2663.258575	20.24	AAEAAAAPAESAAPAAGEEPSKEEGEPK					
4	6			898.107999	2691.302	3				2691.289886	44.92	AAEAAAAPAESAAPAAGEEPSKEEGEPK					
4	6			974.159932	2919.458	3				2919.448532	29.17	AQGPAASAEPEKPVPAANSQDQTVTVKE					
4	6			974.159932	2919.458	3				2919.448532	29.87	AQGPAASAEPEKPVPAANSQDQTVTVKE					
4	7	IPI00020599	Calreticulin precursor	397.245692	792.4768	2	2	3.73	0.57	792.476974	26.06	FVLSSGK					
4	7			397.245692	792.4768	2				792.476974	23.94	FVLSSGK					
4	7			524.769725	1047.525	2				1047.526138	33.91	QIDNPDYK					
4	7			524.76979	1047.525	2				1047.526138	24.27	QIDNPDYK					
4	7			524.76979	1047.525	2				1047.526138	31.01	QIDNPDYK					
4	7			719.836756	1437.659	2				1437.654892	65.13	EQFLDGDGWTSR	719.8368	721.8493	32.9	9.89	3.33
4	7			719.836756	1437.659	2				1437.654892	66.1	EQFLDGDGWTSR					
4	7			719.836756	1437.659	2				1437.654892	64.99	EQFLDGDGWTSR					
4	7			752.850297	1503.686	2				1503.680038	51.72	HEQNIDCGGGYVK					
4	7			752.850297	1503.686	2				1503.680038	54.28	HEQNIDCGGGYVK					
4	7			511.577538	1531.711	3				1531.711349	43.86	HEQNIDCGGGYVK					
4	7			766.863174	1531.712	2				1531.711349	49.11	HEQNIDCGGGYVK	766.8665	770.8916	0.95	0.23	4.13
4	7			766.863174	1531.712	2				1531.711349	57.15	HEQNIDCGGGYVK					
4	7			766.865229	1531.716	2				1531.711349	55.41	HEQNIDCGGGYVK					
4	7			766.866505	1531.718	2				1531.711349	49.11	HEQNIDCGGGYVK					
4	7			766.866505	1531.718	2				1531.711349	57.15	HEQNIDCGGGYVK					

Band num	prot_hit_nu	prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy
4	7			628.9844	1883.931	3				1883.92897	20.14	IKDPDASKPEDWDER					
4	8	IPI00220644	isoform M1 of Pyruvate kin	434.786248	867.5579	2	3	4.06	2.02	867.556625	40.47	APIIAVTR					
4	8			434.786248	867.5579	2				867.556625	32.72	APIIAVTR					
4	8			524.27777	1046.541	2				1046.542084	57.12	GDYPLEAVR	524.2778	526.2903	24.1	7.27	3.31
4	8			524.27777	1046.541	2				1046.542084	64.08	GDYPLEAVR					
4	8			585.325649	1168.637	2				1168.636368	77.93	GDLGIEIPAEK	585.3257	587.3382	5.77	2.3	2.51
4	8			585.325649	1168.637	2				1168.636368	78	GDLGIEIPAEK					
4	8			599.341957	1196.669	2				1196.667679	68.03	GDLGIEIPAEK					
4	8			613.312562	1224.611	2				1224.608459	21.19	ITLDNAYMEK					
4	8			613.344247	1224.674	2				1224.673859	40.64	LDIDSPITAR					
4	8			613.344247	1224.674	2				1224.673859	41.71	LDIDSPITAR					
4	8			613.344252	1224.674	2				1224.673859	40.21	LDIDSPITAR					
4	8			627.325181	1252.636	2				1252.639771	24.12	ITLDNAYMEK					
4	8			694.374163	1386.734	2				1386.731369	58.31	NTGIICTIGPASR	694.3742	696.3867	14.6	2.3	6.35
4	8			694.374163	1386.734	2				1386.731369	59.32	NTGIICTIGPASR					
4	8			694.374163	1386.734	2				1386.731369	58.6	NTGIICTIGPASR					
4	8	IPI00479186	pyruvate kinase 3 isoform	434.786248	867.5579	2	3	4.06	2.02	867.556625	40.47	APIIAVTR					
4	8			434.786248	867.5579	2				867.556625	32.72	APIIAVTR					
4	8			524.27777	1046.541	2				1046.542084	57.12	GDYPLEAVR					
4	8			524.27777	1046.541	2				1046.542084	64.08	GDYPLEAVR					
4	8			585.325649	1168.637	2				1168.636368	77.93	GDLGIEIPAEK					
4	8			585.325649	1168.637	2				1168.636368	78	GDLGIEIPAEK					
4	8			599.341957	1196.669	2				1196.667679	68.03	GDLGIEIPAEK					
4	8			613.312562	1224.611	2				1224.608459	21.19	ITLDNAYMEK					
4	8			613.344247	1224.674	2				1224.673859	40.64	LDIDSPITAR					
4	8			613.344247	1224.674	2				1224.673859	41.71	LDIDSPITAR					
4	8			613.344252	1224.674	2				1224.673859	40.21	LDIDSPITAR					
4	8			627.325181	1252.636	2				1252.639771	24.12	ITLDNAYMEK					
4	8			694.374163	1386.734	2				1386.731369	58.31	NTGIICTIGPASR					
4	8			694.374163	1386.734	2				1386.731369	59.32	NTGIICTIGPASR					
4	8			694.374163	1386.734	2				1386.731369	58.6	NTGIICTIGPASR					
4	8	IPI00783061	58 kDa protein	434.786248	867.5579	2	3	4.06	2.02	867.556625	40.47	APIIAVTR					
4	8			434.786248	867.5579	2				867.556625	32.72	APIIAVTR					
4	8			524.27777	1046.541	2				1046.542084	57.12	GDYPLEAVR					
4	8			524.27777	1046.541	2				1046.542084	64.08	GDYPLEAVR					
4	8			585.325649	1168.637	2				1168.636368	77.93	GDLGIEIPAEK					
4	8			585.325649	1168.637	2				1168.636368	78	GDLGIEIPAEK					
4	8			599.341957	1196.669	2				1196.667679	68.03	GDLGIEIPAEK					
4	8			613.312562	1224.611	2				1224.608459	21.19	ITLDNAYMEK					
4	8			613.344247	1224.674	2				1224.673859	40.64	LDIDSPITAR					
4	8			613.344247	1224.674	2				1224.673859	41.71	LDIDSPITAR					
4	8			613.344252	1224.674	2				1224.673859	40.21	LDIDSPITAR					
4	8			627.325181	1252.636	2				1252.639771	24.12	ITLDNAYMEK					
4	8			694.374163	1386.734	2				1386.731369	58.31	NTGIICTIGPASR					
4	8			694.374163	1386.734	2				1386.731369	59.32	NTGIICTIGPASR					
4	8			694.374163	1386.734	2				1386.731369	58.6	NTGIICTIGPASR					
4	8	IPI00784179	58 kDa protein	434.786248	867.5579	2	3	4.06	2.02	867.556625	40.47	APIIAVTR					
4	8			434.786248	867.5579	2				867.556625	32.72	APIIAVTR					
4	8			524.27777	1046.541	2				1046.542084	57.12	GDYPLEAVR					
4	8			524.27777	1046.541	2				1046.542084	64.08	GDYPLEAVR					
4	8			585.325649	1168.637	2				1168.636368	77.93	GDLGIEIPAEK					
4	8			585.325649	1168.637	2				1168.636368	78	GDLGIEIPAEK					
4	8			599.341957	1196.669	2				1196.667679	68.03	GDLGIEIPAEK					
4	8			613.312562	1224.611	2				1224.608459	21.19	ITLDNAYMEK					
4	8			613.344247	1224.674	2				1224.673859	40.64	LDIDSPITAR					
4	8			613.344247	1224.674	2				1224.673859	41.71	LDIDSPITAR					
4	8			613.344252	1224.674	2				1224.673859	40.21	LDIDSPITAR					
4	8			627.325181	1252.636	2				1252.639771	24.12	ITLDNAYMEK					
4	8			694.374163	1386.734	2				1386.731369	58.31	NTGIICTIGPASR					
4	8			694.374163	1386.734	2				1386.731369	59.32	NTGIICTIGPASR					
4	8			694.374163	1386.734	2				1386.731369	58.6	NTGIICTIGPASR					
4	9	IPI00011200	D-3-phosphoglycerate deh	564.325396	1126.636	2	2	3.03	0.21	1126.637024	72.74	GGIVDEGALLR	564.3254	566.338	7.82	2.71	2.89
4	9			564.325396	1126.636	2				1126.637024	67.4	GGIVDEGALLR					

Band num	prot_hit	nu	prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy
4	9				731.856661	1461.699	2				1461.698044	48.16	VLISDSLDPCCR					
4	9				731.856661	1461.699	2				1461.698044	34.38	VLISDSLDPCCR					
4	9				758.887184	1515.76	2				1515.75531	112.27	AGTGVNDVLEAAATR	758.8872	760.8997	4.07	1.28	3.18
4	9				758.887184	1515.76	2				1515.75531	119	AGTGVNDVLEAAATR					
4	9				526.775454	2103.073	4				2103.080704	38.3	ALVDHENVISCPhLGASTK					
4	9				526.775454	2103.073	4				2103.080704	20.35	ALVDHENVISCPhLGASTK					
4	10	IPI00465248		enolase 1	417.745823	833.4771	2	3	21.91	7.96	833.478378		20.23 YNQLLR					
4	10				478.3134	954.6122	2				954.613815	31.5	TIAPALVSK	478.3134	432.3385	5.3	0.41	12.93
4	10				478.3134	954.6122	2				954.613815	30.71	TIAPALVSK					
4	10				532.286472	1062.558	2				1062.559036	26.05	SCNCLLLK					
4	10				400.564848	1198.673	3				1198.673431	31.08	IGAEVYHNLK	400.5648	403.2483	9.55	0.34	28.09
4	10				831.434269	1660.854	2				1660.847839	100.57	VNQIGSVTESLQACK					
4	10				831.434269	1660.854	2				1660.847839	57.52	VNQIGSVTESLQACK					
4	10				845.449112	1688.884	2				1688.87915	84.28	VNQIGSVTESLQACK	845.4491	849.4742	2.47	0.1	24.70
4	10				845.449112	1688.884	2				1688.87915	110.9	VNQIGSVTESLQACK					
4	10				845.449112	1688.884	2				1688.87915	43.68	VNQIGSVTESLQACK					
4	11	IPI00010796		Protein disulfide-isomerase	547.777681	1093.541	2	3	2.59	0.45	1093.542816	35.55	TVIDYNGER	547.7777	549.7902	5.4	1.99	2.71
4	11				547.777681	1093.541	2				1093.542816	30.62	TVIDYNGER					
4	11				503.258884	1506.755	3				1506.759018	35.02	YKPESEELTAER	503.2589	505.9423	1.84	0.62	2.97
4	11				904.942145	1807.87	2				1807.861237	117.42	VDATEESDLAQYGVV	904.9422	906.9547	8.87	4.22	2.10
4	11				904.942145	1807.87	2				1807.861237	109.42	VDATEESDLAQYGVV					
4	11				904.942145	1807.87	2				1807.861237	113.31	VDATEESDLAQYGVV					
4	12	IPI00554648		Keratin, type II cytoskeletal	449.735026	897.4555	2	2	2.03	0.74	897.458038		20.45 ISSSFSR					
4	12				514.803962	1027.593	2				1027.593781	22.4	LQAEIEGLK					
4	12				528.819293	1055.624	2				1055.625092	25.2	LQAEIEGLK					
4	12				528.819293	1055.624	2				1055.625092	36.47	LQAEIEGLK					
4	12				531.285668	1060.557	2				1060.547211	27.43	QDMARQLR					
4	12				554.2763	1106.538	2				1106.538071	38.9	AQYEDIANR					
4	12				554.2763	1106.538	2				1106.538071	53.13	AQYEDIANR					
4	12				579.330888	1156.647	2				1156.647614	54.31	LSELEAALQR	579.3309	581.3434	43	28.4	1.51
4	12				579.330905	1156.647	2				1156.647614	52.83	LSELEAALQR					
4	12				583.310365	1164.606	2				1164.605072	31.85	YEELQSLAGK					
4	12				597.325604	1192.637	2				1192.636383	41.49	YEELQSLAGK					
4	12				597.325604	1192.637	2				1192.636383	46.07	YEELQSLAGK					
4	12				601.339666	1200.665	2				1200.662598	43.56	LVSESSDVLPK					
4	12				601.339666	1200.665	2				1200.662598	32.02	LVSESSDVLPK					
4	12				601.340649	1200.667	2				1200.662598	43.56	LVSESSDVLPK					
4	12				615.35569	1228.697	2				1228.693909	41.76	LVSESSDVLPK					
4	12				615.35569	1228.697	2				1228.693909	42.23	LVSESSDVLPK					
4	12				686.859751	1371.705	2				1371.701828	98.69	ASLEAAIADAEQR	686.8598	688.8723	16	6.26	2.56
4	12				686.859751	1371.705	2				1371.701828	80.17	ASLEAAIADAEQR					
4	13	IPI00440493		ATP synthase subunit alpha	514.809292	1027.604	2	2	5.38	1.14	1027.605011	42.4	VLSIGDGIAR	514.8094	516.822	29	4.69	6.18
4	13				514.809441	1027.604	2				1027.605011	48.67	VLSIGDGIAR					
4	13				527.81724	1053.62	2				1053.620667	60.66	AVDSLVPGR	527.8172	529.8298	12.9	2.82	4.57
4	13				802.416303	1602.818	2				1602.8125	87.39	ILGADTSVDLEETGR					
4	13				802.416303	1602.818	2				1602.8125	64.73	ILGADTSVDLEETGR					
4	13				802.416421	1602.818	2				1602.8125	93.95	ILGADTSVDLEETGR					
4	13	IPI00471928		18 kDa protein	514.809292	1027.604	2	2	5.38	1.14	1027.605011	42.4	VLSIGDGIAR					
4	13				514.809441	1027.604	2				1027.605011	48.67	VLSIGDGIAR					
4	13				527.81724	1053.62	2				1053.620667	60.66	AVDSLVPGR					
4	13				802.416303	1602.818	2				1602.8125	87.39	ILGADTSVDLEETGR					
4	13				802.416303	1602.818	2				1602.8125	64.73	ILGADTSVDLEETGR					
4	13				802.416421	1602.818	2				1602.8125	93.95	ILGADTSVDLEETGR					
4	13	IPI00549805		23 kDa protein	514.809292	1027.604	2	2	5.38	1.14	1027.605011	42.4	VLSIGDGIAR					
4	13				514.809441	1027.604	2				1027.605011	48.67	VLSIGDGIAR					
4	13				527.81724	1053.62	2				1053.620667	60.66	AVDSLVPGR					
4	13				802.416303	1602.818	2				1602.8125	87.39	ILGADTSVDLEETGR					
4	13				802.416303	1602.818	2				1602.8125	64.73	ILGADTSVDLEETGR					
4	13				802.416421	1602.818	2				1602.8125	93.95	ILGADTSVDLEETGR					
4	14	IPI00027497		Glucose-6-phosphate isom	842.428928	1682.843	2	1	1.65	1.00	1682.838745	86.76	TFTTQETITNAETAK	842.4289	844.4415	2.31	1.4	1.65
4	14				842.428928	1682.843	2				1682.838745	94.68	TFTTQETITNAETAK					
4	14				842.428928	1682.843	2				1682.838745	76.71	TFTTQETITNAETAK					
4	14				856.444419	1710.874	2				1710.870056	58.27	TFTTQETITNAETAK					



Band num	prot_hit_nu	prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy		
4	15	IPI00180675	Tubulin alpha-3 chain	419.240208	836.4659	2	2	5.38	1.23	836.466812	23.25	LSVDYGK							
4	15			419.240208	836.4659	2					836.466812	31.05	LSVDYGK						
4	15			472.251911	942.4893	2					942.490921	21.23	FDLMYAK						
4	15			522.309666	1042.605	2					1042.604691	44.37	DVNAAIATIK						
4	15			522.30971	1042.605	2					1042.604691	37.71	DVNAAIATIK						
4	15			536.322692	1070.631	2					1070.636002	55.79	DVNAAIATIK	536.3233	540.8484	7.07	1.13	6.26	
4	15			536.3233	1070.632	2					1070.636002	66.04	DVNAAIATIK						
4	15			639.297866	1276.581	2					1276.579102	46.61	YMACLLYR						
4	15			639.297877	1276.581	2					1276.579102	33.89	YMACLLYR	639.2979	641.3104	17.6	3.9	4.51	
4	15			639.297877	1276.581	2					1276.579102	22.41	YMACLLYR						
4	15			647.295492	1292.576	2					1292.57402	25.81	YMACLLYR						
4	15			480.273066	1437.797	3					1437.80043	35.4	QLFHPEQLITGK						
4	15			480.273066	1437.797	3					1437.80043	31.38	QLFHPEQLITGK						
4	15			489.617308	1465.83	3					1465.831741	31.9	QLFHPEQLITGK						
4	15			582.976561	1745.908	3					1745.908478	24.53	NLDIERPTYTNLNR						
4	15		873.964014	1745.913	2					1745.908478	42.28	NLDIERPTYTNLNR							
4	15	IPI00218343	Tubulin alpha-6 chain	419.240208	836.4659	2	2	5.38	1.23	836.466812	23.25	LSVDYGK							
4	15			419.240208	836.4659	2					836.466812	31.05	LSVDYGK						
4	15			472.251911	942.4893	2					942.490921	21.23	FDLMYAK						
4	15			522.309666	1042.605	2					1042.604691	44.37	DVNAAIATIK						
4	15			522.30971	1042.605	2					1042.604691	37.71	DVNAAIATIK						
4	15			536.322692	1070.631	2					1070.636002	55.79	DVNAAIATIK						
4	15			536.3233	1070.632	2					1070.636002	66.04	DVNAAIATIK						
4	15			639.297866	1276.581	2					1276.579102	46.61	YMACLLYR						
4	15			639.297877	1276.581	2					1276.579102	33.89	YMACLLYR						
4	15			639.297877	1276.581	2					1276.579102	22.41	YMACLLYR						
4	15			647.295492	1292.576	2					1292.57402	25.81	YMACLLYR						
4	15			480.273066	1437.797	3					1437.80043	35.4	QLFHPEQLITGK						
4	15			480.273066	1437.797	3					1437.80043	31.38	QLFHPEQLITGK						
4	15			489.617308	1465.83	3					1465.831741	31.9	QLFHPEQLITGK						
4	15			582.976561	1745.908	3					1745.908478	24.53	NLDIERPTYTNLNR						
4	15		873.964014	1745.913	2					1745.908478	42.28	NLDIERPTYTNLNR							
4	15	IPI00387144	Tubulin alpha-ubiquitous cl	419.240208	836.4659	2	2	5.38	1.23	836.466812	23.25	LSVDYGK							
4	15			419.240208	836.4659	2					836.466812	31.05	LSVDYGK						
4	15			472.251911	942.4893	2					942.490921	21.23	FDLMYAK						
4	15			522.309666	1042.605	2					1042.604691	44.37	DVNAAIATIK						
4	15			522.30971	1042.605	2					1042.604691	37.71	DVNAAIATIK						
4	15			536.322692	1070.631	2					1070.636002	55.79	DVNAAIATIK						
4	15			536.3233	1070.632	2					1070.636002	66.04	DVNAAIATIK						
4	15			639.297866	1276.581	2					1276.579102	46.61	YMACLLYR						
4	15			639.297877	1276.581	2					1276.579102	33.89	YMACLLYR						
4	15			639.297877	1276.581	2					1276.579102	22.41	YMACLLYR						
4	15			647.295492	1292.576	2					1292.57402	25.81	YMACLLYR						
4	15			480.273066	1437.797	3					1437.80043	35.4	QLFHPEQLITGK						
4	15			480.273066	1437.797	3					1437.80043	31.38	QLFHPEQLITGK						
4	15			489.617308	1465.83	3					1465.831741	31.9	QLFHPEQLITGK						
4	15			582.976561	1745.908	3					1745.908478	24.53	NLDIERPTYTNLNR						
4	15		873.964014	1745.913	2					1745.908478	42.28	NLDIERPTYTNLNR							
4	15	IPI00478908	50 kDa protein	419.240208	836.4659	2	2	5.38	1.23	836.466812	23.25	LSVDYGK							
4	15			419.240208	836.4659	2					836.466812	31.05	LSVDYGK						
4	15			472.251911	942.4893	2					942.490921	21.23	FDLMYAK						
4	15			522.309666	1042.605	2					1042.604691	44.37	DVNAAIATIK						
4	15			522.30971	1042.605	2					1042.604691	37.71	DVNAAIATIK						
4	15			536.322692	1070.631	2					1070.636002	55.79	DVNAAIATIK						
4	15			536.3233	1070.632	2					1070.636002	66.04	DVNAAIATIK						
4	15			639.297866	1276.581	2					1276.579102	46.61	YMACLLYR						
4	15			639.297877	1276.581	2					1276.579102	33.89	YMACLLYR						
4	15			639.297877	1276.581	2					1276.579102	22.41	YMACLLYR						
4	15			647.295492	1292.576	2					1292.57402	25.81	YMACLLYR						
4	15			480.273066	1437.797	3					1437.80043	35.4	QLFHPEQLITGK						
4	15			480.273066	1437.797	3					1437.80043	31.38	QLFHPEQLITGK						
4	15			489.617308	1465.83	3					1465.831741	31.9	QLFHPEQLITGK						
4	15			582.976561	1745.908	3					1745.908478	24.53	NLDIERPTYTNLNR						

Band num	prot_hit_nu	prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy
4	15			873.964014	1745.913	2				1745.908478	42.28	NLDIERPTYTNLNR					
4	16	IPI00472102	Heat shock protein 60	442.254275	882.494	2	2	2.60	0.22	882.494736	53.09	GANPVEIR	442.2543	444.2668	9.35	2.11	4.43
4	16			470.812576	939.6106	2				939.614105	21.67	VGLQVVAVK					
4	16			479.303259	956.592	2				956.593063	33.7	LSDGVAVLK					
4	16			484.828463	967.6424	2				967.645416	28.34	VGLQVVAVK					
4	16			494.775146	987.5357	2				987.537354	21.24	VTDALNATR					
4	16			645.334235	1288.654	2				1288.653473	41.9	VGGTSDVEVNEK					
4	16			645.334235	1288.654	2				1288.653473	28.15	VGGTSDVEVNEK					
4	16			686.88183	1371.749	2				1371.742249	58.86	TVIEQSWGSPK	686.8818	688.8944	1.98	0.81	2.44
4	16			863.436212	2587.287	3				2587.274948	66.63	LVQDVANNNTNEEAGDGTATVTLAR	863.4362	864.7779	7.31	2.65	2.76
4	16			863.436212	2587.287	3				2587.274948	53.33	LVQDVANNNTNEEAGDGTATVTLAR					
4	16	IPI00784154	60 kDa heat shock protein,	442.254275	882.494	2	2	2.60	0.22	882.494736	53.09	GANPVEIR					
4	16			470.812576	939.6106	2				939.614105	21.67	VGLQVVAVK					
4	16			479.303259	956.592	2				956.593063	33.7	LSDGVAVLK					
4	16			484.828463	967.6424	2				967.645416	28.34	VGLQVVAVK					
4	16			494.775146	987.5357	2				987.537354	21.24	VTDALNATR					
4	16			645.334235	1288.654	2				1288.653473	41.9	VGGTSDVEVNEK					
4	16			645.334235	1288.654	2				1288.653473	28.15	VGGTSDVEVNEK					
4	16			686.88183	1371.749	2				1371.742249	58.86	TVIEQSWGSPK					
4	16			863.436212	2587.287	3				2587.274948	66.63	LVQDVANNNTNEEAGDGTATVTLAR					
4	16			863.436212	2587.287	3				2587.274948	53.33	LVQDVANNNTNEEAGDGTATVTLAR					
4	17	IPI00000634	Coiled-coil domain-contain	476.274118	950.5337	2	3	7.10	2.73	950.534897	26.99	IELETYK					
4	17			530.811709	1059.609	2				1059.610092	56.76	SGIVISPFPR	530.8117	532.8243	19.2	3.1	6.19
4	17			598.787141	1195.56	2				1195.556747	31.41	MAQYLEEER	598.7871	600.7997	5.62	1.14	4.93
4	17			598.787141	1195.56	2				1195.556747	46.06	MAQYLEEER					
4	17			598.787141	1195.56	2				1195.556747	51.36	MAQYLEEER					
4	17			532.936825	1595.789	3				1595.790253	21.85	YFNEMSAQGLRPR					
4	17			538.268698	1611.784	3				1611.785172	21.17	YFNEMSAQGLRPR					
4	17			856.374695	1710.735	2				1710.728729	31.2	DISMEIDSPENMMR					
4	17			864.371508	1726.728	2				1726.723648	59.3	DISMEIDSPENMMR	864.3715	866.3841	1.22	0.12	10.17
4	17			864.371508	1726.728	2				1726.723648	33.53	DISMEIDSPENMMR					
4	17			891.894495	1781.774	2				1781.764969	21.87	QLSESESSLEMDDER					
4	18	IPI00216919	YAP1 protein	502.265115	1002.516	2	2	10.64	2.57	1002.515915	22.33	TTSWLDLPR					
4	18			621.338845	1240.663	2				1240.662231	35.31	TANVPQTVPMR	621.339	623.3515	70.5	5.66	12.46
4	18			621.338988	1240.663	2				1240.662231	41.97	TANVPQTVPMR					
4	18			923.416877	1844.819	2				1844.812256	67.68	DESTDSGLSMSSYSVPR	923.4169	925.4294	1.5	0.17	8.82
4	18			923.416877	1844.819	2				1844.812256	79.94	DESTDSGLSMSSYSVPR					
4	19	IPI00383751	CALRETICULIN=CALCIUM	455.258287	908.502	2	1	4.29	0.00	908.503189	27.19	EPAVYFK	455.2583	459.2834	21.1	4.92	4.29
4	19			524.769725	1047.525	2				1047.526138	33.91	QIDNPDYK					
4	19			524.76979	1047.525	2				1047.526138	24.27	QIDNPDYK					
4	19			524.76979	1047.525	2				1047.526138	31.01	QIDNPDYK					
4	19			719.836756	1437.659	2				1437.654892	65.13	EQFLDGDGWTSR					
4	19			719.836756	1437.659	2				1437.654892	66.1	EQFLDGDGWTSR					
4	19			719.836756	1437.659	2				1437.654892	64.99	EQFLDGDGWTSR					
4	20	IPI00152418	Decay-accelerating factor 5	477.734637	953.4547	2	3	3.98	0.46	953.455261	24.97	CEESFVK					
4	20			485.286554	968.5586	2				968.567932	20.59	REPSLSPK					
4	20			323.860614	968.56	3				968.567932	21.34	REPSLSPK					
4	20			509.292485	1016.57	2				1016.571304	20.74	LTCLQNLK					
4	20			523.308361	1044.602	2				1044.602615	36.86	LTCLQNLK	523.3084	527.3335	29.4	6.81	4.32
4	20			523.308366	1044.602	2				1044.602615	37.78	LTCLQNLK					
4	20			523.308366	1044.602	2				1044.602615	37.48	LTCLQNLK					
4	20			529.258514	1056.502	2				1056.504669	25.04	SCPNPGEIR					
4	20			529.258522	1056.502	2				1056.504669	28	SCPNPGEIR					
4	20			529.25865	1056.503	2				1056.504669	27.64	SCPNPGEIR					
4	20			529.25865	1056.503	2				1056.504669	32.59	SCPNPGEIR					
4	20			578.279773	1154.545	2				1154.545471	42.03	WSTAVEFCK	578.2798	580.2923	2.58	0.62	4.16
4	20			389.536897	1165.589	3				1165.590469	21.74	HFHETTPNK					
4	20			592.295719	1182.577	2				1182.576782	27.39	WSTAVEFCK					
4	20			592.295719	1182.577	2				1182.576782	25.12	WSTAVEFCK					
4	20			728.88461	1455.755	2				1455.752167	48.53	TSFPEDTVITYK	728.8846	732.9097	5.45	1.58	3.45
4	20			728.88461	1455.755	2				1455.752167	45.46	TSFPEDTVITYK					
4	20			728.88461	1455.755	2				1455.752167	57.65	TSFPEDTVITYK					
4	20	IPI00216550	Isoform 1 of Complement c	477.734637	953.4547	2	3	3.98	0.46	953.455261	24.97	CEESFVK					

Band num	prot_hit_nu	prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy
4	20			485.286554	968.5586	2				968.567932	20.59	REPSLSPK					
4	20			323.860614	968.56	3				968.567932	21.34	REPSLSPK					
4	20			509.292485	1016.57	2				1016.571304	20.74	LTCLQNLK					
4	20			523.308361	1044.602	2				1044.602615	36.66	LTCLQNLK					
4	20			523.308366	1044.602	2				1044.602615	37.78	LTCLQNLK					
4	20			523.308366	1044.602	2				1044.602615	37.48	LTCLQNLK					
4	20			529.258514	1056.502	2				1056.504669	25.04	SCPMPGEIR					
4	20			529.258522	1056.502	2				1056.504669	28	SCPMPGEIR					
4	20			529.25865	1056.503	2				1056.504669	27.64	SCPMPGEIR					
4	20			529.25865	1056.503	2				1056.504669	32.59	SCPMPGEIR					
4	20			578.279773	1154.545	2				1154.545471	42.03	WSTAVEFCK					
4	20			389.536897	1165.589	3				1165.590469	21.74	HFHETTPNK					
4	20			592.295719	1182.577	2				1182.576782	27.39	WSTAVEFCK					
4	20			592.295719	1182.577	2				1182.576782	25.12	WSTAVEFCK					
4	20			728.88461	1455.755	2				1455.752167	48.53	TSFPEDTVITYK					
4	20			728.88461	1455.755	2				1455.752167	45.46	TSFPEDTVITYK					
4	20			728.88461	1455.755	2				1455.752167	57.65	TSFPEDTVITYK					
4	20	IPI00292069	Isoform 2 of Complement c	477.734637	953.4547	2	3	3.98	0.46	953.455261	24.97	CEESFVK					
4	20			485.286554	968.5586	2				968.567932	20.59	REPSLSPK					
4	20			323.860614	968.56	3				968.567932	21.34	REPSLSPK					
4	20			509.292485	1016.57	2				1016.571304	20.74	LTCLQNLK					
4	20			523.308361	1044.602	2				1044.602615	36.66	LTCLQNLK					
4	20			523.308366	1044.602	2				1044.602615	37.78	LTCLQNLK					
4	20			523.308366	1044.602	2				1044.602615	37.48	LTCLQNLK					
4	20			529.258514	1056.502	2				1056.504669	25.04	SCPMPGEIR					
4	20			529.258522	1056.502	2				1056.504669	28	SCPMPGEIR					
4	20			529.25865	1056.503	2				1056.504669	27.64	SCPMPGEIR					
4	20			529.25865	1056.503	2				1056.504669	32.59	SCPMPGEIR					
4	20			578.279773	1154.545	2				1154.545471	42.03	WSTAVEFCK					
4	20			389.536897	1165.589	3				1165.590469	21.74	HFHETTPNK					
4	20			592.295719	1182.577	2				1182.576782	27.39	WSTAVEFCK					
4	20			592.295719	1182.577	2				1182.576782	25.12	WSTAVEFCK					
4	20			728.88461	1455.755	2				1455.752167	48.53	TSFPEDTVITYK					
4	20			728.88461	1455.755	2				1455.752167	45.46	TSFPEDTVITYK					
4	20			728.88461	1455.755	2				1455.752167	57.65	TSFPEDTVITYK					
4	20	IPI00382926	Decay-accelerating factor c	477.734637	953.4547	2	3	3.98	0.46	953.455261	24.97	CEESFVK					
4	20			485.286554	968.5586	2				968.567932	20.59	REPSLSPK					
4	20			323.860614	968.56	3				968.567932	21.34	REPSLSPK					
4	20			509.292485	1016.57	2				1016.571304	20.74	LTCLQNLK					
4	20			523.308361	1044.602	2				1044.602615	36.66	LTCLQNLK					
4	20			523.308366	1044.602	2				1044.602615	37.78	LTCLQNLK					
4	20			523.308366	1044.602	2				1044.602615	37.48	LTCLQNLK					
4	20			529.258514	1056.502	2				1056.504669	25.04	SCPMPGEIR					
4	20			529.258522	1056.502	2				1056.504669	28	SCPMPGEIR					
4	20			529.25865	1056.503	2				1056.504669	27.64	SCPMPGEIR					
4	20			529.25865	1056.503	2				1056.504669	32.59	SCPMPGEIR					
4	20			578.279773	1154.545	2				1154.545471	42.03	WSTAVEFCK					
4	20			389.536897	1165.589	3				1165.590469	21.74	HFHETTPNK					
4	20			592.295719	1182.577	2				1182.576782	27.39	WSTAVEFCK					
4	20			592.295719	1182.577	2				1182.576782	25.12	WSTAVEFCK					
4	20			728.88461	1455.755	2				1455.752167	48.53	TSFPEDTVITYK					
4	20			728.88461	1455.755	2				1455.752167	45.46	TSFPEDTVITYK					
4	20			728.88461	1455.755	2				1455.752167	57.65	TSFPEDTVITYK					
4	20	IPI00647119	Decay accelerating factor f	477.734637	953.4547	2	3	3.98	0.46	953.455261	24.97	CEESFVK					
4	20			485.286554	968.5586	2				968.567932	20.59	REPSLSPK					
4	20			323.860614	968.56	3				968.567932	21.34	REPSLSPK					
4	20			509.292485	1016.57	2				1016.571304	20.74	LTCLQNLK					
4	20			523.308361	1044.602	2				1044.602615	36.66	LTCLQNLK					
4	20			523.308366	1044.602	2				1044.602615	37.78	LTCLQNLK					
4	20			523.308366	1044.602	2				1044.602615	37.48	LTCLQNLK					
4	20			529.258514	1056.502	2				1056.504669	25.04	SCPMPGEIR					
4	20			529.258522	1056.502	2				1056.504669	28	SCPMPGEIR					
4	20			529.25865	1056.503	2				1056.504669	27.64	SCPMPGEIR					

Band num	prot_hit_nu	prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy
4	20			529.25865	1056.503	2				1056.504669	32.59	SCPNPGEIR					
4	20			578.279773	1154.545	2				1154.545471	42.03	WSTAVEFCK					
4	20			389.536897	1165.589	3				1165.590469	21.74	HFHETTPNK					
4	20			592.295719	1182.577	2				1182.576782	27.39	WSTAVEFCK					
4	20			592.295719	1182.577	2				1182.576782	25.12	WSTAVEFCK					
4	20			728.88461	1455.755	2				1455.752167	48.53	TSFPEDTVITYK					
4	20			728.88461	1455.755	2				1455.752167	45.46	TSFPEDTVITYK					
4	20			728.88461	1455.755	2				1455.752167	57.65	TSFPEDTVITYK					
4	20	IPI00783145	Decay-accelerating factor 5	477.734637	953.4547	2	3	3.98	0.46	953.455261	24.97	CEESFVK					
4	20			485.286554	968.5586	2				968.567932	20.59	REPSLSPK					
4	20			323.860614	968.56	3				968.567932	21.34	REPSLSPK					
4	20			509.292485	1016.57	2				1016.571304	20.74	LTCLQNLK					
4	20			523.308361	1044.602	2				1044.602615	36.66	LTCLQNLK					
4	20			523.308366	1044.602	2				1044.602615	37.78	LTCLQNLK					
4	20			523.308366	1044.602	2				1044.602615	37.48	LTCLQNLK					
4	20			529.258514	1056.502	2				1056.504669	25.04	SCPNPGEIR					
4	20			529.258522	1056.502	2				1056.504669	28	SCPNPGEIR					
4	20			529.25865	1056.503	2				1056.504669	27.64	SCPNPGEIR					
4	20			529.25865	1056.503	2				1056.504669	32.59	SCPNPGEIR					
4	20			578.279773	1154.545	2				1154.545471	42.03	WSTAVEFCK					
4	20			389.536897	1165.589	3				1165.590469	21.74	HFHETTPNK					
4	20			592.295719	1182.577	2				1182.576782	27.39	WSTAVEFCK					
4	20			592.295719	1182.577	2				1182.576782	25.12	WSTAVEFCK					
4	20			728.88461	1455.755	2				1455.752167	48.53	TSFPEDTVITYK					
4	20			728.88461	1455.755	2				1455.752167	45.46	TSFPEDTVITYK					
4	20			728.88461	1455.755	2				1455.752167	57.65	TSFPEDTVITYK					
4	20	IPI00784169	Decay-accelerating factor 5	477.734637	953.4547	2	3	3.98	0.46	953.455261	24.97	CEESFVK					
4	20			485.286554	968.5586	2				968.567932	20.59	REPSLSPK					
4	20			323.860614	968.56	3				968.567932	21.34	REPSLSPK					
4	20			509.292485	1016.57	2				1016.571304	20.74	LTCLQNLK					
4	20			523.308361	1044.602	2				1044.602615	36.66	LTCLQNLK					
4	20			523.308366	1044.602	2				1044.602615	37.78	LTCLQNLK					
4	20			523.308366	1044.602	2				1044.602615	37.48	LTCLQNLK					
4	20			529.258514	1056.502	2				1056.504669	25.04	SCPNPGEIR					
4	20			529.258522	1056.502	2				1056.504669	28	SCPNPGEIR					
4	20			529.25865	1056.503	2				1056.504669	27.64	SCPNPGEIR					
4	20			529.25865	1056.503	2				1056.504669	32.59	SCPNPGEIR					
4	20			578.279773	1154.545	2				1154.545471	42.03	WSTAVEFCK					
4	20			389.536897	1165.589	3				1165.590469	21.74	HFHETTPNK					
4	20			592.295719	1182.577	2				1182.576782	27.39	WSTAVEFCK					
4	20			592.295719	1182.577	2				1182.576782	25.12	WSTAVEFCK					
4	20			728.88461	1455.755	2				1455.752167	48.53	TSFPEDTVITYK					
4	20			728.88461	1455.755	2				1455.752167	45.46	TSFPEDTVITYK					
4	20			728.88461	1455.755	2				1455.752167	57.65	TSFPEDTVITYK					
4	21	IPI00297779	T-complex protein 1 subun	679.85239	1357.69	2	1	3.91	0.00	1357.686188	67.77	GATQQILDEAER	679.8524	681.865	8.1	2.07	3.91
4	21			679.85239	1357.69	2				1357.686188	59.92	GATQQILDEAER					
4	21			679.85239	1357.69	2				1357.686188	70.27	GATQQILDEAER					
4	22	IPI00306959	Keratin, type II cytoskeletal	531.285668	1060.557	2	3	3.06	0.72	1060.547211	27.43	QDMARQLR	531.2809	533.2934	69.6	18.1	3.85
4	22			566.811062	1131.608	2				1131.606049	41.24	SAYGGPVGAGIR	566.8103	568.8229	2.46	1.01	2.44
4	22			566.811062	1131.608	2				1131.606049	61.24	SAYGGPVGAGIR					
4	22			615.326133	1228.638	2				1228.632339	27.73	LEAIAIEAEEER					
4	22			635.84354	1269.673	2				1269.67012	63.1	GQLEALQVDGGR	635.8423	637.8549	2.56	0.88	2.91
4	22			635.84354	1269.673	2				1269.67012	54.78	GQLEALQVDGGR					
4	23	IPI00163187	Fascin	390.881126	1169.622	3	2	4.19	0.98	1169.621735	47.92	FLIVAHDDGR					
4	23			585.818825	1169.623	2				1169.621735	50.49	FLIVAHDDGR	585.8188	587.8314	3.37	0.69	4.88
4	23			423.612885	1267.817	3				1267.815277	23.78	LINRPIIVFR					
4	23			834.410031	1666.806	2				1666.800903	26.21	YLAADKDGNTTCER					
4	23			834.410031	1666.806	2				1666.800903	28.82	YLAADKDGNTTCER					
4	23			616.674122	1847.001	3				1846.996536	41.44	LVARPEPATGYTLFR	616.6741	618.0158	19.4	5.55	3.50
4	23			616.674122	1847.001	3				1846.996536	44.65	LVARPEPATGYTLFR					
4	23			924.509781	1847.005	2				1846.996536	28.23	LVARPEPATGYTLFR					
4	23			924.509781	1847.005	2				1846.996536	25.44	LVARPEPATGYTLFR					
4	23	IPI00747810	FSCN1 protein	390.881126	1169.622	3	2	4.19	0.98	1169.621735	47.92	FLIVAHDDGR					

Band num	prot_hit_nu	prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy
4	23			585.818825	1169.623	2				1169.621735	50.49	FLIVAHDDGR					
4	23			423.612885	1267.817	3				1267.815277	23.78	LINRPIIVFR					
4	23			834.410031	1666.806	2				1666.800903	26.21	YLAADKDGNTTCER					
4	23			834.410031	1666.806	2				1666.800903	28.82	YLAADKDGNTTCER					
4	23			616.674122	1847.001	3				1846.996536	41.44	LVARPEPATGYTLFR					
4	23			616.674122	1847.001	3				1846.996536	44.65	LVARPEPATGYTLFR					
4	23			924.509781	1847.005	2				1846.996536	28.23	LVARPEPATGYTLFR					
4	23			924.509781	1847.005	2				1846.996536	25.44	LVARPEPATGYTLFR					
4	24	IPI00002520	Serine hydroxymethyltrans	442.256283	882.498	2	3	3.07	0.50	882.498764	27.38	SGLIFYR					
4	24			450.269745	898.5249	2				898.526047	43.52	SAITPGGLR	450.2698	452.2823	11	3.9	2.82
4	24			450.269745	898.5249	2				898.526047	33.96	SAITPGGLR					
4	24			509.273741	1016.533	2				1016.534897	40.64	AMADALLER	509.2737	511.2863	4.05	1.48	2.74
4	24			582.343002	1162.671	2				1162.673431	56.06	LIIAGTSAYAR	582.343	584.3556	9.06	2.49	3.64
4	24			582.343002	1162.671	2				1162.673431	56.38	LIIAGTSAYAR					
4	24			599.294891	1196.575	2				1196.573792	36.4	EIPYTFEDR					
4	24			599.294891	1196.575	2				1196.573792	21.83	EIPYTFEDR					
4	24	IPI00748411	SHMT2 protein (Fragment)	442.256283	882.498	2	3	3.07	0.50	882.498764	27.38	SGLIFYR					
4	24			450.269745	898.5249	2				898.526047	43.52	SAITPGGLR					
4	24			450.269745	898.5249	2				898.526047	33.96	SAITPGGLR					
4	24			509.273741	1016.533	2				1016.534897	40.64	AMADALLER					
4	24			582.343002	1162.671	2				1162.673431	56.06	LIIAGTSAYAR					
4	24			582.343002	1162.671	2				1162.673431	56.38	LIIAGTSAYAR					
4	24			599.294891	1196.575	2				1196.573792	36.4	EIPYTFEDR					
4	24			599.294891	1196.575	2				1196.573792	21.83	EIPYTFEDR					
4	25	IPI00168408	WDR20 protein	825.402479	1648.79	2	1	1.54	0.00	1648.782913	59.32	VSFVNLNDQSGNGDR	825.4025	827.415	6.43	4.17	1.54
4	25			825.402479	1648.79	2				1648.782913	75.95	VSFVNLNDQSGNGDR					
4	25	IPI00290950	Hypothetical protein DKFZ	825.402479	1648.79	2	1	1.54	0.00	1648.782913	59.32	VSFVNLNDQSGNGDR					
4	25			825.402479	1648.79	2				1648.782913	75.95	VSFVNLNDQSGNGDR					
4	25	IPI00329787	WD repeat domain 20 isofo	825.402479	1648.79	2	1	1.54	0.00	1648.782913	59.32	VSFVNLNDQSGNGDR					
4	25			825.402479	1648.79	2				1648.782913	75.95	VSFVNLNDQSGNGDR					
4	25	IPI00377221	WD repeat domain 20 isofo	825.402479	1648.79	2	1	1.54	0.00	1648.782913	59.32	VSFVNLNDQSGNGDR					
4	25			825.402479	1648.79	2				1648.782913	75.95	VSFVNLNDQSGNGDR					
4	26	IPI00007750	Tubulin alpha-1 chain	419.240208	836.4659	2	3	2.88	0.46	836.466812	23.25	LSVDYGK					
4	26			419.240208	836.4659	2				836.466812	31.05	LSVDYGK					
4	26			472.251911	942.4893	2				942.490921	21.23	FDLMYAK					
4	26			549.314641	1096.615	2				1096.615265	32.7	EIIDPVLDR					
4	26			549.314641	1096.615	2				1096.615265	26.52	EIIDPVLDR					
4	26			639.297866	1276.581	2				1276.579102	46.61	YMACCLLYR	639.2968	641.3094	17.6	5.5	3.20
4	26			639.297877	1276.581	2				1276.579102	33.89	YMACCLLYR					
4	26			639.297877	1276.581	2				1276.579102	22.41	YMACCLLYR					
4	26			647.295492	1292.576	2				1292.57402	25.81	YMACCLLYR					
4	26			480.273066	1437.797	3				1437.80043	35.4	QLFHPEQLITGK	480.2741	481.6158	3.65	1.55	2.35
4	26			480.273066	1437.797	3				1437.80043	31.38	QLFHPEQLITGK					
4	26			489.617308	1465.83	3				1465.831741	31.9	QLFHPEQLITGK					
4	26			582.976561	1745.908	3				1745.908478	24.53	NLDIERPTYTNLNR					
4	26			873.964014	1745.913	2				1745.908478	42.28	NLDIERPTYTNLNR	873.9615	875.9741	5.84	1.89	3.09
4	27	IPI00028359	Hypothetical protein DKFZ	453.242365	1356.705	3	3	1.00	0.07	1356.706192	20.7	AQFSQLEEHK	453.2427	455.9261	4.92	0 L	
4	27			686.379983	1370.745	2				1370.742966	58.78	VTELEQQVAQAK	686.3788	688.3913	4.89	4.5	1.09
4	27			686.379983	1370.745	2				1370.742966	66.93	VTELEQQVAQAK					
4	27			489.26359	1464.769	3				1464.77092	27.2	NLEQISEQIHAR	489.2643	490.606	11.7	11.9	0.98
4	27			703.028656	2106.064	3				2106.061707	27.74	ETPQGELRPEVVEDEVPR	703.0278	704.3696	0.84	0.89	0.94
4	28	IPI00216008	Isoform Long of Glucose-6	918.416806	1834.819	2	1	1.29	0.00	1834.814621	50.2	NSYVAGQYDDAASYQR	918.4168	920.4294	6.85	5.29	1.29
4	28			918.416806	1834.819	2				1834.814621	49.2	NSYVAGQYDDAASYQR					
4	28	IPI00289800	glucose-6-phosphate dehy	918.416806	1834.819	2	1	1.29	0.00	1834.814621	50.2	NSYVAGQYDDAASYQR					
4	28			918.416806	1834.819	2				1834.814621	49.2	NSYVAGQYDDAASYQR					
4	28	IPI00642620	Glucose-6-phosphate dehy	918.416806	1834.819	2	1	1.29	0.00	1834.814621	50.2	NSYVAGQYDDAASYQR					
4	28			918.416806	1834.819	2				1834.814621	49.2	NSYVAGQYDDAASYQR					
4	28	IPI00643089	33 kDa protein	918.416806	1834.819	2	1	1.29	0.00	1834.814621	50.2	NSYVAGQYDDAASYQR					
4	28			918.416806	1834.819	2				1834.814621	49.2	NSYVAGQYDDAASYQR					
4	28	IPI00645745	37 kDa protein	918.416806	1834.819	2	1	1.29	0.00	1834.814621	50.2	NSYVAGQYDDAASYQR					
4	28			918.416806	1834.819	2				1834.814621	49.2	NSYVAGQYDDAASYQR					
4	28	IPI00760751	glucose-6-phosphate dehy	918.416806	1834.819	2	1	1.29	0.00	1834.814621	50.2	NSYVAGQYDDAASYQR					
4	28			918.416806	1834.819	2				1834.814621	49.2	NSYVAGQYDDAASYQR					

Band num	prot_hit_nu	prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy
4	29	IPI00290770	chaperonin containing TCF	597.86561	1193.717	2	2	2.11	0.48	1193.715622	60.7	AVAQALEVIPR	597.8656	599.8782	3.47	1.96	1.77
4	29			681.367664	1360.721	2				1360.715729	46.27	TLIQNCGASTIR	681.3677	683.3802	1.74	0.71	2.45
4	29	IPI00552715	chaperonin containing TCF	597.86561	1193.717	2	2	2.11	0.48	1193.715622	60.7	AVAQALEVIPR					
4	29			681.367664	1360.721	2				1360.715729	46.27	TLIQNCGASTIR					
4	29	IPI00553185	T-complex protein 1 subun	597.86561	1193.717	2	2	2.11	0.48	1193.715622	60.7	AVAQALEVIPR					
4	29			681.367664	1360.721	2				1360.715729	46.27	TLIQNCGASTIR					
4	29	IPI00744315	60 kDa protein	597.86561	1193.717	2	2	2.11	0.48	1193.715622	60.7	AVAQALEVIPR					
4	29			681.367664	1360.721	2				1360.715729	46.27	TLIQNCGASTIR					
4	30	IPI00302927	T-complex protein 1 subun	606.333864	1210.653	2	1	3.07	0.00	1210.651672	27.25	SIHDALCVIR					
4	30			693.38604	1384.758	2				1384.758636	59.94	VIDPATATSVDLR	693.386	695.3986	3.53	1.15	3.07
4	30			693.387293	1384.76	2				1384.758636	42.76	VIDPATATSVDLR					
4	31	IPI00005859	Cytokeratin type II	554.2763	1106.538	2				1106.538071	38.9	AQYEDIANR					
4	31			554.2763	1106.538	2				1106.538071	53.13	AQYEDIANR	554.2763	556.2889	6.08	3.17	1.92
4	31			327.00795	1956.004	6				1956.016327	20.78	GLGGGSSSVKVFSTTSSSQK	327.01	329.0226	4.74	0.63	7.52
4	32	IPI00019906	Isoform 2 of Basigin precu	521.769847	1041.525	2	2	6.92	0.85	1041.526764	27.1	FFVSSSQGR	521.7699	523.7825	4.74	0.63	7.52
4	32			521.769894	1041.525	2				1041.526764	36.52	FFVSSSQGR					
4	32			551.317549	1100.621	2				1100.621414	56.24	GSDQAIITLR	551.3176	553.3301	3.6	0.57	6.32
4	32	IPI00218019	Isoform 1 of Basigin precu	521.769847	1041.525	2	2	6.92	0.85	1041.526764	27.1	FFVSSSQGR					
4	32			521.769894	1041.525	2				1041.526764	36.52	FFVSSSQGR					
4	32			551.317549	1100.621	2				1100.621414	56.24	GSDQAIITLR					
4	32	IPI00394876	basigin isoform 3	521.769847	1041.525	2	2	6.92	0.85	1041.526764	27.1	FFVSSSQGR					
4	32			521.769894	1041.525	2				1041.526764	36.52	FFVSSSQGR					
4	32			551.317549	1100.621	2				1100.621414	56.24	GSDQAIITLR					
4	32	IPI00394877	basigin isoform 4	521.769847	1041.525	2	2	6.92	0.85	1041.526764	27.1	FFVSSSQGR					
4	32			521.769894	1041.525	2				1041.526764	36.52	FFVSSSQGR					
4	32			551.317549	1100.621	2				1100.621414	56.24	GSDQAIITLR					
4	33	IPI00001723	Isoform 1 of Probable phos	509.808698	1017.603	2				1017.597076	57.68	HPSLGGLPIK	509.8058	513.8309			
4	34	IPI00554786	Thioredoxin reductase 1, c	592.819805	1183.625	2	1	4.21	0.00	1183.622116	53.55	VEQIEAGTPGR	592.8198	594.8324	1.22	0.29	4.21
4	34			592.82003	1183.626	2				1183.622116	24.37	VEQIEAGTPGR					
4	34	IPI00743646	CDNA FLJ46672 fis, clone	592.819805	1183.625	2	1	4.21	0.00	1183.622116	53.55	VEQIEAGTPGR					
4	34			592.82003	1183.626	2				1183.622116	24.37	VEQIEAGTPGR					
4	34	IPI00783641	KM-102-derived reductase	592.819805	1183.625	2	1	4.21	0.00	1183.622116	53.55	VEQIEAGTPGR					
4	34			592.82003	1183.626	2				1183.622116	24.37	VEQIEAGTPGR					
4	35	IPI00026516	Succinyl-CoA:3-ketoacid-co	831.380095	1660.746	2	1	6.47	0.00	1660.742676	45.45	MVSSYVGENAEFER	831.3801	833.3927	5.05	0.78	6.47
4	36	IPI00010676	Isoform 1 of Urokinase pla	739.346452	1476.678	2	1	3.13	0.00	1476.672531	44.45	VEECALGQDLR	739.3465	741.359	1.44	0.46	3.13
4	36	IPI00215706	Isoform 2 of Urokinase pla	739.346452	1476.678	2	1	3.13	0.00	1476.672531	44.45	VEECALGQDLR					
4	36	IPI00215707	Isoform 3 of Urokinase pla	739.346452	1476.678	2	1	3.13	0.00	1476.672531	44.45	VEECALGQDLR					
4	37	IPI00329572	49 kDa protein	913.435767	1824.857	2	1	2.80	0.00	1824.85141	27.14	DLHQGIEAASDEEDLR	913.4358	915.4483	1.4	0.5	2.80
4	37			913.435767	1824.857	2				1824.85141	39.1	DLHQGIEAASDEEDLR					
4	37	IPI00783170	Protein kinase C and casei	913.435767	1824.857	2	1	2.80	0.00	1824.85141	27.14	DLHQGIEAASDEEDLR					
4	37			913.435767	1824.857	2				1824.85141	39.1	DLHQGIEAASDEEDLR					
4	38	IPI00026270	Carboxypeptidase M precu	492.902269	1475.685	3	1	1.56	0.00	1475.68512	40.86	YVANMHGDETVGR	492.9023	494.244	1.76	1.13	1.56
4	39	IPI00645951	diffuse panbronchiolitis crit	858.960323	1715.906	2	1	L	0.00	1715.905365	39.58	VTGDKSLTTTSSHLNK	858.9603	860.9729	4.54	0	L
4	39			858.960323	1715.906	2				1715.905365	20.06	VTGDKSLTTTSSHLNK					
4	39	IPI00142856	Hypothetical protein DKFZ	858.960323	1715.906	2	1	L	0.00	1715.905365	39.58	VTGDKSLTTTSSHLNK					
4	39			858.960323	1715.906	2				1715.905365	20.06	VTGDKSLTTTSSHLNK					
4	39	IPI00643336	Diffuse panbronchiolitis crit	858.960323	1715.906	2	1	L	0.00	1715.905365	39.58	VTGDKSLTTTSSHLNK					
4	39			858.960323	1715.906	2				1715.905365	20.06	VTGDKSLTTTSSHLNK					
4	40	IPI00018009	Enhancer of mRNA decap	456.27064	910.5267	2	2	4.76	0.18	910.530075	36.04	FVIPLHSA	456.2706	458.2832	8.01	1.73	4.63
4	40			354.894546	1061.662	3				1061.662155	22.07	IIVPHNVSK					
4	40			564.799231	1127.584	2				1127.586014	32.8	AAVAVANQNR	564.7992	566.8118	4.49	0.92	4.88
4	41	IPI00009812	Gene_Symbol=TLR7 Toll-I	338.711333	675.4081	2	1	3.72	0.00	675.406769	37.34	FLQLR	338.7107	340.7232	71.8	19.3	3.72
4	41			338.711334	675.4081	2				675.406769	33.53	FLQLR					
4	41	IPI00025094	Gene_Symbol=MYH16 cD	338.711333	675.4081	2	1	3.71	0.00	675.406769	37.34	FLQLR	338.7107	340.7232	71.6	19.3	3.71
4	41			338.711334	675.4081	2				675.406769	33.53	FLQLR					
4	42	IPI00027626	T-complex protein 1 subun	483.279617	964.5447	2	1	3.56	0.00	964.547836	38.65	GLVLDHGAR	483.2796	485.2922	1.6	0.45	3.56
4	42	IPI00552590	chaperonin containing TCF	483.279617	964.5447	2	1	3.56	0.00	964.547836	38.65	GLVLDHGAR					
4	43	IPI00295022	NK-tumor recognition prote	520.726925	1039.439	2	1	L	0.00	1039.449173	36.35	QESSMSESK	520.7269	522.7395	3.31	0	L
4	44	IPI00009456	5--nucleotidase precursor	649.32716	1296.64	2	2	L	0.00	1296.637451	27.35	YPFIVTSDGGR	649.3272	651.3397	1.99	0	L
4	44			757.372924	1512.731	2				1512.726685	30.57	TIVYLDGSSQSCR	757.3729	759.3855	0.86	0	L
4	44	IPI00552302	5--nucleotidase, ecto	649.32716	1296.64	2	2	L	0.00	1296.637451	27.35	YPFIVTSDGGR					
4	44			757.372924	1512.731	2				1512.726685	30.57	TIVYLDGSSQSCR					
4	44	IPI00552444	5--nucleotidase, ecto	649.32716	1296.64	2	2	L	0.00	1296.637451	27.35	YPFIVTSDGGR					

Band num	prot_hit	nu_prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy
4	44			757.372924	1512.731	2				1512.726685	30.57	TIVVLDGSSQSCR					
4	45	IPI00013894	Stress-induced-phosphopr	547.298419	1092.582	2	1	10.75	0.00	1092.583984	35.23	TLLSDPTYR	547.2984	549.311	3.44	0.32	10.75
4	45	IPI00479946	STIP1 protein	547.298419	1092.582	2	1	10.75	0.00	1092.583984	35.23	TLLSDPTYR					
4	46	IPI00302925	Chaperonin containing TC	457.277357	912.5402	2	1	2.94	0.00	912.541702	33.98	TVGATALPR	457.2774	459.2899	4.56	1.55	2.94
4	46	IPI00784090	T-complex protein 1 subun	457.277357	912.5402	2	1	2.94	0.00	912.541702	33.98	TVGATALPR					
4	47	IPI00478832	FBF1 protein	528.805249	1055.596	2	1	2.49	0.00	1055.59993	33.43	LAELEAQVR	528.8053	530.8178	4.39	1.76	2.49
4	47	IPI00480024	PREDICTED: similar to Fa	528.805249	1055.596	2	1	2.49	0.00	1055.59993	33.43	LAELEAQVR					
4	47	IPI00647873	90 kDa protein	528.805249	1055.596	2	1	2.49	0.00	1055.59993	33.43	LAELEAQVR					
4	47	IPI00738597	PREDICTED: similar to Fa	528.805249	1055.596	2	1	2.49	0.00	1055.59993	33.43	LAELEAQVR					
4	47	IPI00787675	FLJ00103 protein (Fragme	528.805249	1055.596	2	1	2.49	0.00	1055.59993	33.43	LAELEAQVR					
4	48	IPI00011197	sorting nexin 25	407.753261	813.492	2	1	L	0.00	813.498444	33.4	VIDVQGK	407.7533	411.7784	6.31		0 L
4	48	IPI00024706	Hypothetical protein FLJ23	407.753261	813.492	2	1	L	0.00	813.498444	33.4	VIDVQGK					
4	49	IPI00470711	Hypothetical protein DKFZ	529.82937	1057.644	2	1	3.24	0.00	1057.64299	32.87	RIQIMLLR	529.8288	531.8413	2.82	0.87	3.24
4	50	IPI00022086	KIAA1325 protein (Fragme	557.31521	1112.616	2	1	L	0.00	1112.626373	31.96	KILDSPCPK	557.3152	561.3403	5.09		0 L
4	50			557.315226	1112.616	2				1112.626373	24.1	KILDSPCPK					
4	50	IPI00470656	Hypothetical protein DKFZ	557.31521	1112.616	2	1	L	0.00	1112.626373	31.96	KILDSPCPK					
4	50			557.315226	1112.616	2				1112.626373	24.1	KILDSPCPK					
4	50	IPI00744401	LRP2 binding protein	557.31521	1112.616	2	1	L	0.00	1112.626373	31.96	KILDSPCPK					
4	50			557.315226	1112.616	2				1112.626373	24.1	KILDSPCPK					
4	51	IPI00297656	cyclic nucleotide gated cha	526.773486	1051.532	2	1	4.40	0.00	1051.532272	31.45	EAATDPPAPR	526.7734	528.786	545	124	4.40
4	51	IPI00646195	Rod photoreceptor CNG-cl	526.773486	1051.532	2				1051.532272	31.45	EAATDPPAPR					
4	52	IPI00102281	Hypothetical protein FLJ25	471.785284	941.556	2	1	9.27	0.00	941.557007	30.96	GSPGASLGIK	471.7858	475.8109	596000	64300	9.27
4	53	IPI00023673	Galectin-3-binding protein	617.793447	1233.582	2	2	1.47	0.02	1233.580276	29.93	AVDTWSWGER	617.7985	619.811	7.68	5.29	1.45
4	53			692.406866	1382.799	2				1382.804504	22.91	SDLAVPSELALLK	692.4069	694.4194	0.49	0.33	1.48
4	54	IPI00021692	Isoform EXP42 of Muscleb	435.775024	869.5355	2	1	2.03	0.00	869.535889	29.26	AVSVTPIR	435.775	437.7876	1970	970	2.03
4	54	IPI00178116	muscleblind-like 1 isoform	435.775024	869.5355	2	1	2.03	0.00	869.535889	29.26	AVSVTPIR					
4	54	IPI00218263	Isoform EXP40 of Muscleb	435.775024	869.5355	2	1	2.03	0.00	869.535889	29.26	AVSVTPIR					
4	54	IPI00384261	Muscleblind-like protein EX	435.775024	869.5355	2	1	2.03	0.00	869.535889	29.26	AVSVTPIR					
4	54	IPI00395357	muscleblind-like 1 isoform	435.775024	869.5355	2	1	2.03	0.00	869.535889	29.26	AVSVTPIR					
4	54	IPI00410205	Isoform EXP35 of Muscleb	435.775024	869.5355	2	1	2.03	0.00	869.535889	29.26	AVSVTPIR					
4	54	IPI00410279	muscleblind-like 1 isoform	435.775024	869.5355	2	1	2.03	0.00	869.535889	29.26	AVSVTPIR					
5	1	IPI00169383	Phosphoglycerate kinase 1	332.195466	662.3764	2	4	3.32	0.58	662.377594	29.29	IEAFR					
5	1			357.232195	712.4498	2				712.45076	43.54	AAVPSIK	357.2322	359.2448	18.2	4.94	3.68
5	1			390.229091	778.4436	2				778.443558	33.06	AGGFLMK					
5	1			390.229091	778.4436	2				778.443558	29.77	AGGFLMK					
5	1			456.745593	911.4766	2				911.477692	34.54	ELNYFAK					
5	1			466.760268	931.506	2				931.507278	34.65	ALMDEVVK					
5	1			466.760268	931.506	2				931.507278	56.61	ALMDEVVK					
5	1			466.760268	931.506	2				931.507278	51.42	ALMDEVVK					
5	1			470.761715	939.5089	2				939.509003	37.65	ELNYFAK					
5	1			470.761715	939.5089	2				939.509003	26.36	ELNYFAK					
5	1			476.732284	951.45	2				951.450836	21.98	FCLDNQAK					
5	1			488.774014	975.5335	2				975.533508	28.1	ALMDEVVK					
5	1			501.750092	1001.486	2				1001.484222	27.85	FHVEEKG					
5	1			503.276274	1004.538	2				1004.538925	42.98	VDFNVPMK					
5	1			503.276274	1004.538	2				1004.538925	36.88	VDFNVPMK					
5	1			503.276274	1004.538	2				1004.538925	32.88	VDFNVPMK					
5	1			515.763665	1029.513	2				1029.515533	22.23	FHVEEKG					
5	1			544.768595	1087.523	2				1087.524399	65.51	DCVGPEVEK					
5	1			544.768598	1087.523	2				1087.524399	65.28	DCVGPEVEK					
5	1			544.768999	1087.523	2				1087.524399	49.41	DCVGPEVEK					
5	1			465.919989	1394.738	3				1394.736435	45.61	AHSSMVGYNLPQK					
5	1			465.919989	1394.738	3				1394.736435	54.28	AHSSMVGYNLPQK					
5	1			698.381281	1394.748	2				1394.736435	59.13	AHSSMVGYNLPQK					
5	1			698.381281	1394.748	2				1394.736435	57.53	AHSSMVGYNLPQK					
5	1			471.250979	1410.731	3				1410.731354	21.71	AHSSMVGYNLPQK					
5	1			475.262926	1422.767	3				1422.767746	20.85	AHSSMVGYNLPQK					
5	1			480.594431	1438.761	3				1438.762665	26.98	AHSSMVGYNLPQK					
5	1			480.594431	1438.761	3				1438.762665	37.06	AHSSMVGYNLPQK					
5	1			480.594686	1438.762	3				1438.762665	29.05	AHSSMVGYNLPQK					
5	1			554.947122	1661.82	3				1661.818573	68.2	LGDVYVNDAFGTAHR					
5	1			554.947122	1661.82	3				1661.818573	98.18	LGDVYVNDAFGTAHR					
5	1			554.947122	1661.82	3				1661.818573	80.73	LGDVYVNDAFGTAHR					

Band num	prot_hit_nu	prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy	
5	1			554.947122	1661.82	3				1661.818573	61.64	LGDVYVNDAFGTAHR						
5	1			831.919119	1661.824	2				1661.818573	91.53	LGDVYVNDAFGTAHR	831.9191	933.9317	16.6	5.09	3.26	
5	1			831.919119	1661.824	2				1661.818573	91.25	LGDVYVNDAFGTAHR						
5	1			831.919122	1661.824	2				1661.818573	108.55	LGDVYVNDAFGTAHR						
5	1			831.919162	1661.824	2				1661.818573	86.6	LGDVYVNDAFGTAHR						
5	1			831.919162	1661.824	2				1661.818573	53.59	LGDVYVNDAFGTAHR						
5	1			590.320808	1767.941	3				1767.939056	68.42	VSHVSTGGGASLELLEGG						
5	1			590.320808	1767.941	3				1767.939056	72.79	VSHVSTGGGASLELLEGG						
5	1			884.980105	1767.946	2				1767.939056	56.87	VSHVSTGGGASLELLEGG	884.9801	886.9927	1.94	0.51	3.80	
5	1			884.980105	1767.946	2				1767.939056	78.78	VSHVSTGGGASLELLEGG						
5	1			884.980105	1767.946	2				1767.939056	50.09	VSHVSTGGGASLELLEGG						
5	1			884.980105	1767.946	2				1767.939056	76.49	VSHVSTGGGASLELLEGG						
5	1			891.916582	1781.819	2				1781.813461	93.78	GCITIIGGGDTATCCAK						
5	1			891.916582	1781.819	2				1781.813461	82.4	GCITIIGGGDTATCCAK						
5	1			891.916582	1781.819	2				1781.813461	86.07	GCITIIGGGDTATCCAK						
5	1			891.916582	1781.819	2				1781.813461	88.55	GCITIIGGGDTATCCAK						
5	1			599.664262	1795.971	3				1795.970367	53.31	VSHVSTGGGASLELLEGG						
5	1			599.664262	1795.971	3				1795.970367	76.4	VSHVSTGGGASLELLEGG						
5	1			599.664262	1795.971	3				1795.970367	55.61	VSHVSTGGGASLELLEGG						
5	1			898.995093	1795.976	2				1795.970367	69.92	VSHVSTGGGASLELLEGG						
5	1			898.995093	1795.976	2				1795.970367	59.94	VSHVSTGGGASLELLEGG						
5	1			898.995093	1795.976	2				1795.970367	61.08	VSHVSTGGGASLELLEGG						
5	1			898.995093	1795.976	2				1795.970367	73.7	VSHVSTGGGASLELLEGG						
5	1			905.932141	1809.85	2				1809.844772	98.53	GCITIIGGGDTATCCAK	905.9321	909.9573	4.04	1.6	2.53	
5	1			905.932141	1809.85	2				1809.844772	92.87	GCITIIGGGDTATCCAK						
5	1			905.932141	1809.85	2				1809.844772	106.17	GCITIIGGGDTATCCAK						
5	1			523.535004	2090.111	4				2090.104065	44.61	SVVLMShLGRPDGVMPDK						
5	2	IPI00465248	enolase 1	366.724889	731.4352	2	7	3.32	1.16	731.43544	34.04	GVPLYR	366.4125	368.7375	110	46.8	2.35	
5	2			366.724894	731.4352	2				731.43544	30.2	GVPLYR						
5	2			366.724897	731.4352	2				731.43544	35.96	GVPLYR						
5	2			415.255844	828.4971	2				828.498093	22.58	EGLLELLK						
5	2			415.255844	828.4971	2				828.498093	43.57	EGLLELLK						
5	2			417.746247	833.4779	2				833.478378	31.46	YNQLLR	417.7463	419.7588	52.1	24.9	2.09	
5	2			428.72693	855.4393	2				855.440277	23.78	YDLDFK						
5	2			428.726934	855.4393	2				855.440277	23.16	YDLDFK						
5	2			429.271528	856.5285	2				856.529404	39.31	EGLLELLK						
5	2			429.271528	856.5285	2				856.529404	41.12	EGLLELLK						
5	2			429.271528	856.5285	2				856.529404	36.92	EGLLELLK						
5	2			433.758391	865.5022	2				865.504593	28.82	AVEHINK						
5	2			464.297134	926.5797	2				926.582504	37.02	TIAPALVSK						
5	2			464.297145	926.5797	2				926.582504	49.13	TIAPALVSK						
5	2			464.297198	926.5798	2				926.582504	48.14	TIAPALVSK						
5	2			478.313185	954.6118	2				954.613815	47.24	TIAPALVSK						
5	2			478.313308	954.6121	2				954.613815	39.57	TIAPALVSK						
5	2			478.313555	954.6126	2				954.613815	44.5	TIAPALVSK						
5	2			478.313555	954.6126	2				954.613815	47.34	TIAPALVSK						
5	2			480.766461	959.5184	2				959.519958	29.44	IEEELGSK						
5	2			480.766859	959.5192	2				959.519958	30.58	IEEELGSK						
5	2			508.784202	1015.554	2				1015.557419	32.87	LNVTQEKE						
5	2			518.270038	1034.526	2				1034.527725	40.14	SCNCLLLK						
5	2			532.286004	1062.557	2				1062.559036	37.73	SCNCLLLK						
5	2			532.286006	1062.557	2				1062.559036	31.98	SCNCLLLK						
5	2			532.286013	1062.557	2				1062.559036	25.55	SCNCLLLK						
5	2			572.833507	1143.652	2				1143.652374	23.69	KLNVTEQEK						
5	2			572.83351	1143.652	2				1143.652374	33.28	KLNVTEQEK						
5	2			586.327899	1170.641	2				1170.64212	46.27	IGAEVYHNLK						
5	2			586.327899	1170.641	2				1170.64212	42.26	IGAEVYHNLK						
5	2			391.221724	1170.643	3				1170.64212	27.82	IGAEVYHNLK						
5	2			391.221726	1170.643	3				1170.64212	28	IGAEVYHNLK						
5	2			391.221727	1170.643	3				1170.64212	45.28	IGAEVYHNLK						
5	2			586.849164	1171.684	2				1171.683685	26.97	KLNVTEQEK						
5	2			586.84943	1171.684	2				1171.683685	37.52	KLNVTEQEK						
5	2			586.84943	1171.684	2				1171.683685	39.75	KLNVTEQEK						



Band num	prot_hit_nu	prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy	
5	2			586.84943	1171.684	2				1171.683685	32.61	KLNIVTEQEK						
5	2			600.344297	1198.674	2				1198.673431	67.78	IGAEVYHNLK	600.3443	604.3694	31.3	10.4	3.01	
5	2			600.344297	1198.674	2				1198.673431	50.24	IGAEVYHNLK						
5	2			600.344308	1198.674	2				1198.673431	62.52	IGAEVYHNLK						
5	2			400.565675	1198.675	3				1198.673431	30.04	IGAEVYHNLK						
5	2			400.565675	1198.675	3				1198.673431	39.05	IGAEVYHNLK						
5	2			400.565675	1198.675	3				1198.673431	35.88	IGAEVYHNLK						
5	2			400.565676	1198.675	3				1198.673431	46.78	IGAEVYHNLK						
5	2			654.814534	1307.615	2				1307.612549	62.41	LMIEMDGTENK						
5	2			654.814534	1307.615	2				1307.612549	62.75	LMIEMDGTENK						
5	2			654.814534	1307.615	2				1307.612549	62.86	LMIEMDGTENK						
5	2			662.812791	1323.611	2				1323.607468	46.13	LMIEMDGTENK						
5	2			668.830269	1335.646	2				1335.64386	73.08	LMIEMDGTENK	668.8303	672.8554	18.8	3.56	5.28	
5	2			668.830307	1335.646	2				1335.64386	57.33	LMIEMDGTENK						
5	2			668.830307	1335.646	2				1335.64386	45.92	LMIEMDGTENK						
5	2			676.829325	1351.644	2				1351.638779	33.63	LMIEMDGTENK						
5	2			676.829325	1351.644	2				1351.638779	29.43	LMIEMDGTENK						
5	2			676.829325	1351.644	2				1351.638779	34.29	LMIEMDGTENK						
5	2			518.605563	1552.795	3				1552.79567	74.85	LAQANGWGMVSHR	518.6056	519.9473	26.3	5.86	4.49	
5	2			777.409939	1552.805	2				1552.79567	73.5	LAQANGWGMVSHR						
5	2			523.937193	1568.79	3				1568.790588	58.48	LAQANGWGMVSHR						
5	2			523.937193	1568.79	3				1568.790588	43.65	LAQANGWGMVSHR						
5	2			831.434504	1660.854	2				1660.847839	118.1	VNIGSVTESLQACK						
5	2			831.434504	1660.854	2				1660.847839	115.03	VNIGSVTESLQACK						
5	2			831.434504	1660.854	2				1660.847839	104.33	VNIGSVTESLQACK						
5	2			831.434506	1660.854	2				1660.847839	104.02	VNIGSVTESLQACK						
5	2			563.967693	1688.881	3				1688.87915	36.35	VNIGSVTESLQACK						
5	2			563.967693	1688.881	3				1688.87915	37.39	VNIGSVTESLQACK						
5	2			845.449868	1688.885	2				1688.87915	108.34	VNIGSVTESLQACK	845.4499	849.475	30	10.9	2.75	
5	2			845.449868	1688.885	2				1688.87915	129.14	VNIGSVTESLQACK						
5	2			845.449868	1688.885	2				1688.87915	112.16	VNIGSVTESLQACK						
5	2			845.449868	1688.885	2				1688.87915	35.07	VNIGSVTESLQACK						
5	2			845.449868	1688.885	2				1688.87915	124.07	VNIGSVTESLQACK						
5	2			794.407397	2380.2	3				2380.185593	34.1	SGETEDTFIADLVVGLCTGQIK						
5	2			803.750562	2408.23	3				2408.216904	42.34	SGETEDTFIADLVVGLCTGQIK	803.7506	806.434	0.98	0.3	3.27	
5	3	IPI00396485	Elongation factor 1-alpha 1	448.260384	894.5062	2	3	4.57	1.30	894.508682	25	EVSTYIK						
5	3			448.260391	894.5062	2				894.508682	33.2	EVSTYIK						
5	3			449.790474	897.5664	2				897.567169	40.52	QLIVGVNKK						
5	3			449.790474	897.5664	2				897.567169	40.32	QLIVGVNKK						
5	3			471.803593	941.5926	2				941.593384	53.89	QTVAVGVK						
5	3			471.803593	941.5926	2				941.593384	45.27	QTVAVGVK						
5	3			485.818107	969.6217	2				969.624695	36.06	QTVAVGVK						
5	3			502.295342	1002.576	2				1002.577423	25.46	LPLQDVYK						
5	3			516.311248	1030.608	2				1030.608734	20.99	LPLQDVYK						
5	3			527.325078	1052.636	2				1052.636627	57.98	IGGIGTVPVGR						
5	3			527.325078	1052.636	2				1052.636627	56.16	IGGIGTVPVGR						
5	3			527.325081	1052.636	2				1052.636627	56.5	IGGIGTVPVGR						
5	3			527.325081	1052.636	2				1052.636627	52.46	IGGIGTVPVGR						
5	3			383.548722	1147.624	3				1147.626175	35.16	STTTGHLIYK	383.5487	384.8904	3.89	0.66	5.89	
5	3			383.548737	1147.624	3				1147.626175	59.93	STTTGHLIYK						
5	3			574.819676	1147.625	2				1147.626175	33.8	STTTGHLIYK						
5	3			574.820241	1147.626	2				1147.626175	38.27	STTTGHLIYK						
5	3			392.893256	1175.658	3				1175.657486	33.01	STTTGHLIYK						
5	3			392.893256	1175.658	3				1175.657486	46.81	STTTGHLIYK						
5	3			392.893256	1175.658	3				1175.657486	30.1	STTTGHLIYK						
5	3			588.836751	1175.659	2				1175.657486	51.14	STTTGHLIYK						
5	3			588.836751	1175.659	2				1175.657486	51.62	STTTGHLIYK						
5	3			588.836751	1175.659	2				1175.657486	44.09	STTTGHLIYK						
5	3			671.893208	1341.772	2				1341.768051	54.84	EHALLAYTLGVK						
5	3			685.908149	1369.802	2				1369.799362	63.6	EHALLAYTLGVK	685.9082	689.9333	3.02	0.67	4.51	
5	3			685.908149	1369.802	2				1369.799362	30.66	EHALLAYTLGVK						
5	3			478.25804	1431.752	3				1431.753479	54.83	YVVTIIDAPGHR						
5	3			478.25804	1431.752	3				1431.753479	47.21	YVVTIIDAPGHR						

Band num	prot_hit	nu	prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy
5	3				478.258043	1431.752	3				1431.753479	31	YYVTIIDAPGHR					
5	3				716.886465	1431.758	2				1431.753479	49.68	YYVTIIDAPGHR	716.8865	718.899	5.44	1.65	3.30
5	3				716.886465	1431.758	2				1431.753479	60.7	YYVTIIDAPGHR					
5	3				747.869351	1493.724	2				1493.720886	31.96	MDSTEPPYSQKR					
5	3				747.869473	1493.724	2				1493.720886	26.41	MDSTEPPYSQKR					
5	3				747.869595	1493.725	2				1493.720886	34.78	MDSTEPPYSQKR					
5	3	IPI00472724		Eukaryotic translation elongation factor 1B	448.260384	894.5062	2	3	4.57	1.30	894.508682	25	EVSTYIK					
5	3				448.260391	894.5062	2				894.508682	33.2	EVSTYIK					
5	3				449.790474	897.5664	2				897.567169	40.52	QLIVGVNKK					
5	3				449.790474	897.5664	2				897.567169	40.32	QLIVGVNKK					
5	3				471.803593	941.5926	2				941.593384	53.89	QTVAVGVIIK					
5	3				471.803593	941.5926	2				941.593384	45.27	QTVAVGVIIK					
5	3				485.818107	969.6217	2				969.624695	36.06	QTVAVGVIIK					
5	3				502.295342	1002.576	2				1002.577423	25.46	LPLQDVYK					
5	3				516.311248	1030.608	2				1030.608734	20.99	LPLQDVYK					
5	3				527.325078	1052.636	2				1052.636627	57.98	IGGIGTVPVGR					
5	3				527.325078	1052.636	2				1052.636627	56.16	IGGIGTVPVGR					
5	3				527.325081	1052.636	2				1052.636627	56.5	IGGIGTVPVGR					
5	3				527.325081	1052.636	2				1052.636627	52.46	IGGIGTVPVGR					
5	3				383.548722	1147.624	3				1147.626175	35.16	STTTGHLIYK					
5	3				383.548737	1147.624	3				1147.626175	59.93	STTTGHLIYK					
5	3				574.819676	1147.625	2				1147.626175	33.8	STTTGHLIYK					
5	3				574.820241	1147.626	2				1147.626175	38.27	STTTGHLIYK					
5	3				392.893256	1175.658	3				1175.657486	33.01	STTTGHLIYK					
5	3				392.893256	1175.658	3				1175.657486	46.81	STTTGHLIYK					
5	3				392.893256	1175.658	3				1175.657486	30.1	STTTGHLIYK					
5	3				588.836751	1175.659	2				1175.657486	51.14	STTTGHLIYK					
5	3				588.836751	1175.659	2				1175.657486	51.62	STTTGHLIYK					
5	3				588.836751	1175.659	2				1175.657486	44.09	STTTGHLIYK					
5	3				671.893208	1341.772	2				1341.768051	54.84	EHALLAYTLGVK					
5	3				685.908149	1369.802	2				1369.799362	63.6	EHALLAYTLGVK					
5	3				685.908149	1369.802	2				1369.799362	30.66	EHALLAYTLGVK					
5	3				478.25804	1431.752	3				1431.753479	54.83	YYVTIIDAPGHR					
5	3				478.25804	1431.752	3				1431.753479	47.21	YYVTIIDAPGHR					
5	3				478.258043	1431.752	3				1431.753479	31	YYVTIIDAPGHR					
5	3				716.886465	1431.758	2				1431.753479	49.68	YYVTIIDAPGHR					
5	3				716.886465	1431.758	2				1431.753479	60.7	YYVTIIDAPGHR					
5	3				747.869351	1493.724	2				1493.720886	31.96	MDSTEPPYSQKR					
5	3				747.869473	1493.724	2				1493.720886	26.41	MDSTEPPYSQKR					
5	3				747.869595	1493.725	2				1493.720886	34.78	MDSTEPPYSQKR					
5	4	IPI00554788		49 kDa protein	373.716344	745.4181	2	3	1.43	0.54	745.418091	23.01	IMADIR					
5	4				746.426434	745.4192	1				745.418091	25.51	IMADIR					
5	4				418.220558	834.4266	2				834.42601	24.83	LAADDFR					
5	4				433.243446	864.4723	2				864.472961	29.99	LASYLDR					
5	4				433.243446	864.4723	2				864.472961	37.13	LASYLDR					
5	4				433.243451	864.4724	2				864.472961	42.04	LASYLDR					
5	4				459.256889	916.4992	2				916.500229	30.8	ASLENSLR					
5	4				459.256889	916.4992	2				916.500229	45.06	ASLENSLR					
5	4				497.254212	992.4939	2				992.495148	36.62	AQYDELAR					
5	4				497.254231	992.4939	2				992.495148	39.79	AQYDELAR					
5	4				502.245308	1002.476	2				1002.479507	27.89	STFSTNYR					
5	4				502.245308	1002.476	2				1002.479507	21.1	STFSTNYR					
5	4				502.245727	1002.477	2				1002.479507	44.82	STFSTNYR					
5	4				535.322673	1068.631	2				1068.631577	53.16	IVLQIDNAR	535.3227	537.3352	56.8	33.1	1.72
5	4				535.322673	1068.631	2				1068.631577	59.33	IVLQIDNAR					
5	4				535.322674	1068.631	2				1068.631577	54.4	IVLQIDNAR					
5	4				537.793598	1073.573	2				1073.574142	30.81	VIDDTNITR					
5	4				537.793598	1073.573	2				1073.574142	40.69	VIDDTNITR					
5	4				537.793598	1073.573	2				1073.574142	44.6	VIDDTNITR					
5	4				547.298904	1092.583	2				1092.583954	36.25	LEAEIATYR					
5	4				547.298904	1092.583	2				1092.583954	37.49	LEAEIATYR					
5	4				561.268324	1120.522	2				1120.520721	36.15	ETMQSLNDR					
5	4				432.5621	1294.664	3				1294.66539	31.52	QSVENDIHGLR					

Band num	prot_hit	nu prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy	
5	4			432.5621	1294.664	3				1294.66539	22.44	QSVENDIHGLR						
5	4			674.357181	1346.7	2				1346.696686	58.74	AQIFANTVDNAR	674.3572	676.3697	22.4	12.7	1.76	
5	4			674.357181	1346.7	2				1346.696686	65.16	AQIFANTVDNAR						
5	4			674.357185	1346.7	2				1346.696686	72.41	AQIFANTVDNAR						
5	4			363.706168	1450.796	4				1450.791656	22.58	QSVENDIHGLRK						
5	4			775.897592	1549.781	2				1549.768219	85.65	TVQSLEIDLDSMR	775.8976	777.9102	6.86	8.56	0.80	
5	4			775.897592	1549.781	2				1549.768219	83	TVQSLEIDLDSMR						
5	4	IPI00784347	Keratin, type I cytoskeletal	373.716344	745.4181	2	3	1.43	0.54	745.418091	23.01	IMADIR						
5	4			746.426434	745.4192	1				745.418091	25.51	IMADIR						
5	4			418.220558	834.4266	2				834.42601	24.83	LAADDFR						
5	4			433.243446	864.4723	2				864.472961	29.99	LASYLDR						
5	4			433.243446	864.4723	2				864.472961	37.13	LASYLDR						
5	4			433.243451	864.4724	2				864.472961	42.04	LASYLDR						
5	4			459.256889	916.4992	2				916.500229	30.8	ASLENSLR						
5	4			459.256889	916.4992	2				916.500229	45.06	ASLENSLR						
5	4			497.254212	992.4939	2				992.495148	36.62	AQYDELAR						
5	4			497.254231	992.4939	2				992.495148	39.79	AQYDELAR						
5	4			502.245308	1002.476	2				1002.479507	27.89	STFSTNYR						
5	4			502.245308	1002.476	2				1002.479507	21.1	STFSTNYR						
5	4			502.245727	1002.477	2				1002.479507	44.82	STFSTNYR						
5	4			535.322673	1068.631	2				1068.631577	53.16	IVLQIDNAR						
5	4			535.322673	1068.631	2				1068.631577	59.33	IVLQIDNAR						
5	4			535.322674	1068.631	2				1068.631577	54.4	IVLQIDNAR						
5	4			537.793598	1073.573	2				1073.574142	30.81	VIDDTNITR						
5	4			537.793598	1073.573	2				1073.574142	40.69	VIDDTNITR						
5	4			537.793598	1073.573	2				1073.574142	44.6	VIDDTNITR						
5	4			547.298904	1092.583	2				1092.583954	36.25	LEAEIATYR						
5	4			547.298904	1092.583	2				1092.583954	37.49	LEAEIATYR						
5	4			561.268324	1120.522	2				1120.520721	36.15	ETMQSLNDR						
5	4			432.5621	1294.664	3				1294.66539	31.52	QSVENDIHGLR						
5	4			432.5621	1294.664	3				1294.66539	22.44	QSVENDIHGLR						
5	4			674.357181	1346.7	2				1346.696686	58.74	AQIFANTVDNAR						
5	4			674.357181	1346.7	2				1346.696686	65.16	AQIFANTVDNAR						
5	4			674.357185	1346.7	2				1346.696686	72.41	AQIFANTVDNAR						
5	4		363.706168	1450.796	4				1450.791656	22.58	QSVENDIHGLRK							
5	4		775.897592	1549.781	2				1549.768219	85.65	TVQSLEIDLDSMR							
5	4		775.897592	1549.781	2				1549.768219	83	TVQSLEIDLDSMR							
5	5	IPI00000875	Elongation factor 1-gamma	425.246088	848.4776	2	4	2.19	0.35	848.478027	25.66	TFLVGER						
5	5			502.282568	1002.551	2				1002.552261	28.05	QVLEPSFR	502.2826	504.2951	12.9	6.5	1.98	
5	5			423.900413	1268.679	3				1268.678909	44.44	STFVLEFKR	423.9004	425.2421	2.02	1.09	1.85	
5	5			688.392972	1374.771	2				1374.764359	99.47	ALIAAQYSGAQVR	688.393	690.4055	3.08	1.16	2.66	
5	5			688.392972	1374.771	2				1374.764359	91.89	ALIAAQYSGAQVR						
5	5			736.889353	1471.764	2				1471.754272	42.63	LDPGSEETQLVR	736.8894	738.9019	1.45	0.64	2.27	
5	5			800.9355	1599.856	2				1599.849228	42.23	KLDPGSEETQLVR						
5	5			814.950661	1627.887	2				1627.880539	26.74	KLDPGSEETQLVR						
5	5			434.73199	1734.899	4				1734.897842	36.58	VLSAPPHHFGQTNR						
5	5			434.731992	1734.899	4				1734.897842	54.1	VLSAPPHHFGQTNR						
5	5			434.732003	1734.899	4				1734.897842	48.62	VLSAPPHHFGQTNR						
5	5			579.307436	1734.9	3				1734.897842	34.64	VLSAPPHHFGQTNR						
5	5			579.307472	1734.901	3				1734.897842	26.63	VLSAPPHHFGQTNR						
5	5	IPI00747497		50 kDa protein	425.246088	848.4776	2	4	2.19	0.35	848.478027	25.66	TFLVGER					
5	5				502.282568	1002.551	2				1002.552261	28.05	QVLEPSFR					
5	5		423.900413		1268.679	3				1268.678909	44.44	STFVLEFKR						
5	5		688.392972		1374.771	2				1374.764359	99.47	ALIAAQYSGAQVR						
5	5		688.392972		1374.771	2				1374.764359	91.89	ALIAAQYSGAQVR						
5	5		736.889353		1471.764	2				1471.754272	42.63	LDPGSEETQLVR						
5	5		800.9355		1599.856	2				1599.849228	42.23	KLDPGSEETQLVR						
5	5		814.950661		1627.887	2				1627.880539	26.74	KLDPGSEETQLVR						
5	5		434.73199		1734.899	4				1734.897842	36.58	VLSAPPHHFGQTNR						
5	5		434.731992		1734.899	4				1734.897842	54.1	VLSAPPHHFGQTNR						
5	5		434.732003		1734.899	4				1734.897842	48.62	VLSAPPHHFGQTNR						
5	5		579.307436		1734.9	3				1734.897842	34.64	VLSAPPHHFGQTNR						
5	5		579.307472		1734.901	3				1734.897842	26.63	VLSAPPHHFGQTNR						

Band num	prot_hit	nu_prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy
5	6	IPI00025491	Eukaryotic initiation factor	548.794016	1095.573	2	3	3.59	1.98	1095.573715	31.47	QFYINVER					
5	6			584.857104	1167.7	2				1167.699997	82.1	ATQALVLAPTR					
5	6			584.857104	1167.7	2				1167.699997	75.71	ATQALVLAPTR					
5	6			584.857104	1167.7	2				1167.699997	88.99	ATQALVLAPTR					
5	6			549.641235	1645.902	3				1645.899811	44.6	LQMEAPHIIVGTPGR					
5	6			549.641235	1645.902	3				1645.899811	53.84	LQMEAPHIIVGTPGR					
5	6			549.641235	1645.902	3				1645.899811	46.79	LQMEAPHIIVGTPGR					
5	6			828.385445	2482.135	3				2482.124924	21.76	VVMALGDYMGASCHACIGGTVNR					
5	6	IPI00386604	Hypothetical protein (Fragr	548.794016	1095.573	2	3	3.59	1.98	1095.573715	31.47	QFYINVER	548.794	550.8066	14.3	5.56	2.57
5	6			584.857104	1167.7	2				1167.699997	82.1	ATQALVLAPTR	584.8571	586.8697	11.9	5.1	2.33
5	6			584.857104	1167.7	2				1167.699997	75.71	ATQALVLAPTR					
5	6			584.857104	1167.7	2				1167.699997	88.99	ATQALVLAPTR					
5	6			549.641235	1645.902	3				1645.899811	44.6	LQMEAPHIIVGTPGR	549.6412	550.9829	5.05	0.86	5.87
5	6			549.641235	1645.902	3				1645.899811	53.84	LQMEAPHIIVGTPGR					
5	6			549.641235	1645.902	3				1645.899811	46.79	LQMEAPHIIVGTPGR					
5	6			828.385445	2482.135	3				2482.124924	21.76	VVMALGDYMGASCHACIGGTVNR					
5	6	IPI00555602	CD68 antigen variant (Frac	548.794016	1095.573	2	3	3.59	1.98	1095.573715	31.47	QFYINVER					
5	6			584.857104	1167.7	2				1167.699997	82.1	ATQALVLAPTR					
5	6			584.857104	1167.7	2				1167.699997	75.71	ATQALVLAPTR					
5	6			584.857104	1167.7	2				1167.699997	88.99	ATQALVLAPTR					
5	6			549.641235	1645.902	3				1645.899811	44.6	LQMEAPHIIVGTPGR					
5	6			549.641235	1645.902	3				1645.899811	53.84	LQMEAPHIIVGTPGR					
5	6			549.641235	1645.902	3				1645.899811	46.79	LQMEAPHIIVGTPGR					
5	6			828.385445	2482.135	3				2482.124924	21.76	VVMALGDYMGASCHACIGGTVNR					
5	7	IPI00010157	S-adenosylmethionine synt	736.899989	1471.785	2	2	2.35	0.61	1471.780716	68.56	FVIGGPGQDAGLTGR	736.9001	738.9127	2.5	0.9	2.78
5	7			736.900091	1471.786	2				1471.780716	81.32	FVIGGPGQDAGLTGR					
5	7			612.304942	1833.893	3				1833.892166	26.15	YLDEDTIYHLQPSGR					
5	7			612.304942	1833.893	3				1833.892166	37.49	YLDEDTIYHLQPSGR					
5	7			917.95567	1833.897	2				1833.892166	72.05	YLDEDTIYHLQPSGR	917.9557	919.9682	0.98	0.51	1.92
5	7			917.95567	1833.897	2				1833.892166	63.79	YLDEDTIYHLQPSGR					
5	8	IPI00301058	Vasodilator-stimulated pho	435.888813	1304.645	3	4	1.26	0.29	1304.64975	24.17	QQPGPSEHIER	435.889	437.2307	2.68	2.35	1.14
5	8			435.889032	1304.645	3				1304.64975	70.2	QQPGPSEHIER					
5	8			470.907565	1409.701	3				1409.699722	43.66	ATVMVLYDDGNKR					
5	8			480.252247	1437.735	3				1437.731033	22.15	ATVMVLYDDGNKR					
5	8			525.607635	1573.801	3				1573.802551	24.32	VQIYHNPTANSFR	525.6076	526.9483	8.28	8.94	0.93
5	8			530.59258	1588.756	3				1588.755951	43.42	YNQATPNFHQWR	530.5926	531.9343	3.44	2.42	1.42
5	8			530.59258	1588.756	3				1588.755951	37.4	YNQATPNFHQWR					
5	8			842.383597	1682.753	2				1682.744995	43.19	SGGGGLMEMNAMLAR	842.3836	844.3962	0.33	0.21	1.57
5	8			899.973696	1797.933	2				1797.925385	56.32	MQPDQVQVINCAIVR					
5	8			899.973696	1797.933	2				1797.925385	58.55	MQPDQVQVINCAIVR					
5	9	IPI00012007	Adenosylhomocysteinase	456.797974	911.5814	2	3	3.67	1.22	911.582825	45.92	ILLAEGR	456.798	458.8105	10.02	3.58	2.80
5	9			595.845058	1189.676	2				1189.673065	56.51	VAVVAGYGDVGK	595.8451	599.8702	3.8	0.75	5.07
5	9			595.845058	1189.676	2				1189.673065	71.15	VAVVAGYGDVGK					
5	9			838.932067	1675.85	2				1675.844131	44.84	GISEETTTGVHNLK					
5	9			838.932067	1675.85	2				1675.844131	41.25	GISEETTTGVHNLK					
5	9			852.948808	1703.883	2				1703.875443	69.77	GISEETTTGVHNLK	852.9488	856.9739	1.13	0.36	3.14
5	10	IPI00171438	Thioredoxin domain-contai	487.294854	972.5752	2	1	3.03	0.00	972.566833	27.6	FFPGLAGVK					
5	10			487.294854	972.5752	2				972.566833	29.17	FFPGLAGVK					
5	10			597.270926	1788.791	3				1788.790756	54.71	VDCTAHSDVCSAQGVR	597.2713	598.613	33	10.9	3.03
5	10			597.270926	1788.791	3				1788.790756	51	VDCTAHSDVCSAQGVR					
5	10			597.271247	1788.792	3				1788.790756	64.84	VDCTAHSDVCSAQGVR					
5	10			895.405509	1788.796	2				1788.790756	61.41	VDCTAHSDVCSAQGVR					
5	10			895.405509	1788.796	2				1788.790756	46.02	VDCTAHSDVCSAQGVR					
5	10	IPI00395646	thioredoxin domain contain	487.294854	972.5752	2	1	3.03	0.00	972.566833	27.6	FFPGLAGVK					
5	10			487.294854	972.5752	2				972.566833	29.17	FFPGLAGVK					
5	10			597.270926	1788.791	3				1788.790756	54.71	VDCTAHSDVCSAQGVR					
5	10			597.270926	1788.791	3				1788.790756	51	VDCTAHSDVCSAQGVR					
5	10			597.271247	1788.792	3				1788.790756	64.84	VDCTAHSDVCSAQGVR					
5	10			895.405509	1788.796	2				1788.790756	61.41	VDCTAHSDVCSAQGVR					
5	10			895.405509	1788.796	2				1788.790756	46.02	VDCTAHSDVCSAQGVR					
5	11	IPI00171176	Isoform 1 of Pantothenate	938.443449	1874.872	2	1	1.82	0.00	1874.863007	77.26	ASATSVSSAGEQAAGDPEGR	938.4435	940.456	4.52	2.49	1.82
5	11			938.443449	1874.872	2				1874.863007	73.25	ASATSVSSAGEQAAGDPEGR					
5	11			938.443449	1874.872	2				1874.863007	79.47	ASATSVSSAGEQAAGDPEGR					

Band num	prot_hit	nuprot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy	
5	11	IPI00556350	pantothenate kinase 2 isof	938.443449	1874.872	2	1	1.82	0.00	1874.863007	77.26	ASATSVSSAGEQAAGDPEGR						
5	11			938.443449	1874.872	2				1874.863007	73.25	ASATSVSSAGEQAAGDPEGR						
5	11			938.443449	1874.872	2				1874.863007	79.47	ASATSVSSAGEQAAGDPEGR						
5	12	IPI00003918	60S ribosomal protein L4	787.387588	2359.141	3	1	1.45	0.00	2359.121689	61.3	QPYAVSELAGHQTSAESWGTR	787.3876	788.7293	1.48	1.02	1.45	
5	12			787.387588	2359.141	3				2359.121689	64.38	QPYAVSELAGHQTSAESWGTR						
5	12			787.387588	2359.141	3				2359.121689	70.71	QPYAVSELAGHQTSAESWGTR						
5	13	IPI00025366	Citrate synthase, mitochon	561.288226	1120.562	2	3	2.50	0.44	1120.561127	27.51	GFSIPECQK	561.2882	565.3133		2	0.7	2.86
5	13			399.237863	1194.692	3				1194.689728	90.33	VVPGYGHAVLR	399.2379	400.5796	20.4	10.2	2.00	
5	13			399.237863	1194.692	3				1194.689728	59.34	VVPGYGHAVLR						
5	13			619.381174	1236.748	2				1236.746582	23.26	IVPNVLLQGGK						
5	13			619.381174	1236.748	2				1236.746582	22.13	IVPNVLLQGGK						
5	13			633.396953	1264.779	2				1264.777893	28.81	IVPNVLLQGGK	633.397	637.4221	5.1	1.94	2.63	
5	13			633.396953	1264.779	2				1264.777893	33.81	IVPNVLLQGGK						
5	13	IPI00383539	citrate synthase precursor	561.288226	1120.562	2	3	2.50	0.44	1120.561127	27.51	GFSIPECQK						
5	13			399.237863	1194.692	3				1194.689728	90.33	VVPGYGHAVLR						
5	13			399.237863	1194.692	3				1194.689728	59.34	VVPGYGHAVLR						
5	13			619.381174	1236.748	2				1236.746582	23.26	IVPNVLLQGGK						
5	13			619.381174	1236.748	2				1236.746582	22.13	IVPNVLLQGGK						
5	13			633.396953	1264.779	2				1264.777893	28.81	IVPNVLLQGGK						
5	13			633.396953	1264.779	2				1264.777893	33.81	IVPNVLLQGGK						
5	14	IPI00654777	Eukaryotic translation initia	843.466882	1684.919	2	1	3.77	0.00	1684.913193	107.45	VIGLSSDLQVGGASAR	843.4669	845.4794	1.96	0.52	3.77	
5	14			843.466882	1684.919	2				1684.913193	47.76	VIGLSSDLQVGGASAR						
5	15	IPI00299000	Proliferation-associated pr	480.776518	959.5385	2	2	111.33	46.20	959.542435	48.98	ALLQSSASR	480.7765	482.7891	21.6	0.15	144.00	
5	15			480.776518	959.5385	2				959.542435	46.51	ALLQSSASR						
5	15			480.776518	959.5385	2				959.542435	27.06	ALLQSSASR						
5	15			506.759493	1011.504	2				1011.504959	28.48	AFFSEVER	506.7595	510.7846	9.44	0.12	78.67	
5	15			506.759493	1011.504	2				1011.504959	42.99	AFFSEVER						
5	15			404.218081	1209.632	3				1209.631256	37.16	AAHLCAEAALR						
5	15			404.218081	1209.632	3				1209.631256	41.45	AAHLCAEAALR						
5	15			605.824085	1209.634	2				1209.631256	51.65	AAHLCAEAALR						
5	15			657.358623	1312.703	2				1312.701141	33.46	TIQNPTDQK						
5	16	IPI00299571	CDNA FLJ45525 fis, clone	822.444756	1642.875	2	1	2.67	0.00	1642.870255	70.85	GSTAPVGGGAFPTIVER	822.4448	824.4573	2.19	0.82	2.67	
5	16			822.444756	1642.875	2				1642.870255	70.8	GSTAPVGGGAFPTIVER						
5	16	IPI00644989	Protein disulfide-isomerase	822.444756	1642.875	2	1	2.67	0.00	1642.870255	70.85	GSTAPVGGGAFPTIVER						
5	16			822.444756	1642.875	2				1642.870255	70.8	GSTAPVGGGAFPTIVER						
5	17	IPI00441498	Folate receptor alpha preci	499.807055	997.5996	2	2	1.51	1.01	997.601868	24.56	VLNVPCLK	499.8071	503.8322	4.05	1.82	2.23	
5	17			820.812044	1639.61	2				1639.605606	52.06	EDCEQWWEDCR	820.812	822.8246	0.67	0.84	0.80	
5	17			820.812044	1639.61	2				1639.605606	37.63	EDCEQWWEDCR						
5	18	IPI00217223	Multifunctional protein ADE	711.34296	1420.671	2	1	2.00	0.00	1420.66156	72.63	ACGNFGIPCELR	711.343	713.3555	1.22	0.61	2.00	
5	18			711.34296	1420.671	2				1420.66156	53.96	ACGNFGIPCELR						
5	19	IPI00303882	Isoform B of Mannose-6-ph	696.374561	1390.735	2	2	2.61	0.01	1390.726242	73.77	SVVTGGVQSVMGSR	696.3746	698.3871	1.59	0.61	2.61	
5	19			800.414449	1598.814	2				1598.807693	43.62	LEPQIASASEYahr	800.4145	802.427	1.52	0.58	2.62	
5	20	IPI00305383	Ubiquinol-cytochrome-c re	843.957632	1685.901	2	1	2.41	0.00	1685.897247	63.38	TIAQGNLSNTDVQAAK	843.9576	847.9827	0.41	0.17	2.41	
5	20			843.957632	1685.901	2				1685.897247	57.82	TIAQGNLSNTDVQAAK						
5	21	IPI00550069	Ribonuclease inhibitor	829.92559	1657.837	2	1	0.03	0.00	1657.829529	58.01	ELTVSNNDINEAGVR	829.9256	831.9382	1.2	40.2	0.03	
5	21			829.92559	1657.837	2				1657.829529	59.98	ELTVSNNDINEAGVR						
5	21	IPI00783491	Ribonuclease/angiogenin ii	829.92559	1657.837	2	1	0.03	0.00	1657.829529	58.01	ELTVSNNDINEAGVR						
5	21			829.92559	1657.837	2				1657.829529	59.98	ELTVSNNDINEAGVR						
5	22	IPI00005681	PREDICTED: similar to ba	529.304842	1056.595	2	1	4.19	0.00	1056.595184	50.39	DINAVAASLR	529.3048	531.3174	1.09	0.26	4.19	
5	22			529.304842	1056.595	2				1056.595184	63.57	DINAVAASLR						
5	22	IPI00180128	basic leucine zipper and W	529.304842	1056.595	2	1	4.19	0.00	1056.595184	50.39	DINAVAASLR						
5	22			529.304842	1056.595	2				1056.595184	63.57	DINAVAASLR						
5	22	IPI00785096	PREDICTED: similar to ba	529.304842	1056.595	2	1	4.19	0.00	1056.595184	50.39	DINAVAASLR						
5	22			529.304842	1056.595	2				1056.595184	63.57	DINAVAASLR						
5	22	IPI00787155	PREDICTED: similar to ba	529.304842	1056.595	2	1	4.19	0.00	1056.595184	50.39	DINAVAASLR						
5	22			529.304842	1056.595	2				1056.595184	63.57	DINAVAASLR						
5	23	IPI00020632	Argininosuccinate synthet	385.241196	768.4678	2	3	2.52	0.23	768.467087	30.99	VIAPWR	385.2412	387.2538	21	7.71	2.72	
5	23			443.75098	885.4874	2				885.494415	47.47	IDIVENR	443.751	445.7635	19.9	7.78	2.56	
5	23			443.75296	885.4914	2				885.494415	31.08	IDIVENR						
5	23			467.280659	932.5468	2				932.546768	44.56	GQVYILGR	467.2807	469.2932	12.2	5.36	2.28	
5	23			467.280659	932.5468	2				932.546768	39	GQVYILGR						
5	23			496.774701	991.5349	2				991.53627	30.49	VFIEDVSR						

Band num	prot_hit_nu	prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy
5	23			496.774701	991.5349	2				991.53627	32.39	VFIEDVSR					
5	24	IPI00027107	Tu translation elongation fa	530.803306	1059.592	2	2	5.17	1.17	1059.594849	40.49	GTVVVTGTLER	530.8033	532.8159	2.46	0.41	6.00
5	24			607.332272	1212.65	2				1212.648651	55.6	AEAGDNLGALVR	607.3323	609.3448	5.13	1.18	4.35
5	25	IPI00027438	Flotillin-1	492.796433	983.5783	2	3	3.29	1.54	983.578796	20.44	VQVQVVER	492.7964	494.809	3.53	0.7	5.04
5	25			590.306884	1178.599	2				1178.595581	32.48	AAVDIENVNTR	590.3069	592.3194	2.39	0.9	2.66
5	25			749.407255	1496.8	2				1496.797119	46.31	AQQVAVQEQEIAR	749.4073	751.4198	1.71	0.79	2.16
5	26	IPI00550021	60S ribosomal protein L3	304.840896	911.5009	3	1	4.33	0.00	911.50354	40.89	AGMTHIVR	304.8409	306.1826	0.39	0.09	4.33
5	26			304.840896	911.5009	3				911.50354	33.27	AGMTHIVR					
5	26	IPI00651660	ribosomal protein L3 isofo	304.840896	911.5009	3	1	4.33	0.00	911.50354	40.89	AGMTHIVR					
5	26			304.840896	911.5009	3				911.50354	33.27	AGMTHIVR					
5	27	IPI00029625	flotillin 2	471.255239	940.4959	2	2	3.08	1.41	940.500214	26.87	EVAAPDVGR	471.2552	473.2678	1.51	0.37	4.08
5	27			649.380832	1296.747	2				1296.742569	45.6	QIAVDAQEILR	649.3808	651.3934	1.67	0.8	2.09
5	28	IPI00027223	Isocitrate dehydrogenase [	685.361033	1368.708	2	1	5.50	0.00	1368.702164	41.36	TVEAAAHGTVTR	685.361	687.3736	0.33	0.06	5.50
5	29	IPI00013122	Hsp90 co-chaperone Cdc3	542.810276	1083.606	2	1	2.23	0.00	1083.606094	33.41	LQAEAAQLR	542.8106	544.8232	1.25	0.56	2.23
5	29			542.810606	1083.607	2				1083.606094	37.49	LQAEAAQLR					
5	30	IPI00220834	ATP-dependent DNA heli	422.264253	842.514	2	1	24.50	0.00	842.513748	37.43	EGLVIVK	422.2643	426.2894	7.84	0.32	24.50
5	31	IPI00013847	Ubiquinol-cytochrome-c re	676.333178	1350.652	2	1	2.64	0.00	1350.647369	30.03	LCTSATESVAR	676.3332	678.3457	1.03	0.39	2.64
5	31			676.333178	1350.652	2				1350.647369	29.58	LCTSATESVAR					
5	32	IPI00171897	Sialic acid binding Ig-like	489.260124	976.5057	2	1	3.91	0.00	976.512375	35.61	KNCSLSIR	489.2635	491.276	16.5	4.22	3.91
5	32	IPI00394840	sialic acid binding Ig-like	489.260124	976.5057	2	1	3.91	0.00	976.512375	35.61	KNCSLSIR					
5	32	IPI00394841	Isoform 2 of Sialic acid-bi	489.260124	976.5057	2	1	3.91	0.00	976.512375	35.61	KNCSLSIR					
5	33	IPI00220257	Isoform 3 of Probable tubu	511.306651	1020.599	2	1	L	0.00	1020.596756	21.52	YRKELEK	511.3067	515.3318	22.6		0 L
5	33			511.306653	1020.599	2				1020.596756	34.88	YRKELEK					
5	33			511.306653	1020.599	2				1020.596756	21.35	YRKELEK					
5	33	IPI00302599	Isoform A of Probable tubu	511.306651	1020.599	2	1	L	0.00	1020.596756	21.52	YRKELEK					
5	33			511.306653	1020.599	2				1020.596756	34.88	YRKELEK					
5	33			511.306653	1020.599	2				1020.596756	21.35	YRKELEK					
5	33	IPI00335572	Isoform 4 of Probable tubu	511.306651	1020.599	2	1	L	0.00	1020.596756	21.52	YRKELEK					
5	33			511.306653	1020.599	2				1020.596756	34.88	YRKELEK					
5	33			511.306653	1020.599	2				1020.596756	21.35	YRKELEK					
5	34	IPI00386119	Isoform 5 of Splicing factor	528.808689	1055.603	2	1	7.86	0.00	1055.599945	34.85	ATGANATPLGK	528.8087	532.8338	19.5	2.48	7.86
5	35	IPI00398795	reticulon 3 isoform b	519.28	1036.545	2	1	L	0.00	1036.537521	34.24	YPMSALLSR					
5	35	IPI00743293	RTN3-A1	519.28	1036.545	2	1	L	0.00	1036.537521	34.24	YPMSALLSR					
5	36	IPI00438855	Isoform 1 of Interleukin-12	528.808689	1055.603	2	1	L	0.00	1055.59993	32.82	DEGLVLLNR	528.8087	530.8212	19.5		0 L
5	36			528.808689	1055.603	2				1055.59993	21.55	DEGLVLLNR					
5	36			528.808689	1055.603	2				1055.59993	25.45	DEGLVLLNR					
5	36	IPI00438856	Isoform 2 of Interleukin-12	528.808689	1055.603	2				1055.59993	32.82	DEGLVLLNR		2.012555			
5	36			528.808689	1055.603	2				1055.59993	21.55	DEGLVLLNR					
5	36			528.808689	1055.603	2				1055.59993	25.45	DEGLVLLNR					
5	36	IPI00479253	Interleukin 12 receptor, bet	528.808689	1055.603	2				1055.59993	32.82	DEGLVLLNR					
5	36			528.808689	1055.603	2				1055.59993	21.55	DEGLVLLNR					
5	36			528.808689	1055.603	2				1055.59993	25.45	DEGLVLLNR					
5	37	IPI00032316	Zinc finger protein 95 hom	509.287328	1016.56	2	1	8.66	0.00	1016.560059	32.68	DNMELIVK	509.2873	513.3124	49.3	5.69	8.66
5	38	IPI00008522	Sodium channel protein tyf	430.274883	858.5352	2				858.528656	30.92	KGSLSVLR					
5	38	IPI00783779	221 kDa protein	430.274883	858.5352	2				858.528656	30.92	KGSLSVLR					
5	39	IPI00030450	PREDICTED: similar to pe	499.804335	997.5941	2	1	L	0.00	997.59201	30.41	KVSSTPPVR	499.8043	501.8169			
5	39	IPI00738957	PREDICTED: similar to pe	499.804335	997.5941	2	1	L	0.00	997.59201	30.41	KVSSTPPVR					
5	39	IPI00743749	Hypothetical protein FLJ22	499.804335	997.5941	2	1	L	0.00	997.59201	30.41	KVSSTPPVR					
5	39	IPI00760876	87 kDa protein	499.804335	997.5941	2	1	L	0.00	997.59201	30.41	KVSSTPPVR					
5	39	IPI00787937	PREDICTED: similar to pe	499.804335	997.5941	2	1	L	0.00	997.59201	30.41	KVSSTPPVR					
5	40	IPI00002142	Protocadherin-10 precursor	543.277212	1084.54	2	1	0.23	0.00	1084.546524	29.87	SFDYEQLK	543.2772	547.3023	2.43	10.6	0.23
5	40	IPI00010826	protocadherin 10 isoform 2	543.277212	1084.54	2	1	0.23	0.00	1084.546524	29.87	SFDYEQLK					
5	41	IPI00011062	Isoform 1 of Carbamoyl-ph	555.958473	1664.854	3	1	4.07	0.00	1664.858887	29.13	IGSSMKSIVGEVMAIGR	555.9585	557.3002	2.93	0.72	4.07
5	41	IPI00397498	Isoform 2 of Carbamoyl-ph	555.958473	1664.854	3	1	4.07	0.00	1664.858887	29.13	IGSSMKSIVGEVMAIGR					
6	1	IPI00219219	Galectin-1	505.578049	1513.712	3	2	4.20	1.25	1513.712036	43.43	DSNNLCLHFNPR					
6	1			505.578049	1513.712	3				1513.712036	39.77	DSNNLCLHFNPR					
6	1			505.578049	1513.712	3				1513.712036	36.3	DSNNLCLHFNPR					
6	1			757.866811	1513.719	2				1513.712036	41.09	DSNNLCLHFNPR	757.8668	759.8794	5.1	1.54	3.31
6	1			757.866811	1513.719	2				1513.712036	48.39	DSNNLCLHFNPR					
6	1			559.268387	1674.783	3				1674.780823	46.72	FNAHGDANTIVCNSK					
6	1			838.40154	1674.789	2				1674.780823	76.55	FNAHGDANTIVCNSK	838.4015	840.4141	8.89	1.75	5.08
6	1			838.40154	1674.789	2				1674.780823	99.51	FNAHGDANTIVCNSK					
6	1			838.40154	1674.789	2				1674.780823	58.5	FNAHGDANTIVCNSK					

Band num	prot_hit	nu	prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy
6	1				568.612079	1702.814	3				1702.812134	53.05	FNAHGDANTIVCNSK					
6	1				568.612079	1702.814	3				1702.812134	46.62	FNAHGDANTIVCNSK					
6	1				568.612079	1702.814	3				1702.812134	52.36	FNAHGDANTIVCNSK					
6	1				852.416526	1702.819	2				1702.812134	77.66	FNAHGDANTIVCNSK					
6	1				852.416526	1702.819	2				1702.812134	75.83	FNAHGDANTIVCNSK					
6	1				852.416526	1702.819	2				1702.812134	48.67	FNAHGDANTIVCNSK					
6	2	IPI00221232		Guanine nucleotide-binding	423.240855	844.4672	2	3	3.55	1.21	844.467865	20.3	LEASIER	423.2409	425.2534	5.18	1.62	3.20
6	2				556.577391	1666.71	3				1666.710373	54.99	ASADLMSYCEEHAR	556.5774	557.9191	11.3	2.31	4.89
6	2				556.577391	1666.71	3				1666.710373	55.76	ASADLMSYCEEHAR					
6	2				556.577391	1666.71	3				1666.710373	68.74	ASADLMSYCEEHAR					
6	2				834.365295	1666.716	2				1666.710373	68.74	ASADLMSYCEEHAR	834.3625	836.375	1.92	0.75	2.56
6	2				834.365295	1666.716	2				1666.710373	74.68	ASADLMSYCEEHAR					
6	2				834.365295	1666.716	2				1666.710373	76.62	ASADLMSYCEEHAR					
6	2				834.365295	1666.716	2				1666.710373	93.78	ASADLMSYCEEHAR					
6	2				834.365295	1666.716	2				1666.710373	70.79	ASADLMSYCEEHAR					
6	2				834.365295	1666.716	2				1666.710373	52.06	ASADLMSYCEEHAR					
6	2				842.363641	1682.713	2				1682.705292	39.62	ASADLMSYCEEHAR					
6	3	IPI00216691		Profilin-1	360.546026	1078.616	3	3	3.10	0.80	1078.615906	38.49	EGVHGGGLINK	360.546	363.2294	1.9	0.71	2.68
6	3				360.546026	1078.616	3				1078.615906	37.21	EGVHGGGLINK					
6	3				360.546026	1078.616	3				1078.615906	36.63	EGVHGGGLINK					
6	3				597.774936	1193.535	2				1193.534592	24.32	CYEMASHLR	597.7755	599.7881	0.81	0.31	2.61
6	3				398.852419	1193.535	3				1193.534592	38.01	CYEMASHLR					
6	3				398.852419	1193.535	3				1193.534592	38.17	CYEMASHLR					
6	3				597.775534	1193.537	2				1193.534592	50.26	CYEMASHLR					
6	3				704.384057	1406.754	2				1406.742966	65.58	STGGAPTFNVTVTK					
6	3				704.384057	1406.754	2				1406.742966	85.11	STGGAPTFNVTVTK					
6	3				718.396511	1434.778	2				1434.774277	78.2	STGGAPTFNVTVTK	718.3966	722.4217	7.48	1.86	4.02
6	3				718.396631	1434.779	2				1434.774277	86.85	STGGAPTFNVTVTK					
6	3				718.396631	1434.779	2				1434.774277	62.79	STGGAPTFNVTVTK					
6	4	IPI00011302		CD59 glycoprotein precurs	460.764709	919.5149	2	3	3.03	0.34	919.515137	27.31	AGLQVYNK					
6	4				474.780814	947.5471	2				947.546448	45.45	AGLQVYNK	474.7808	478.8059	7.02	2.64	2.66
6	4				474.780815	947.5471	2				947.546448	50.01	AGLQVYNK					
6	4				523.237097	1566.689	3				1566.690964	39.63	FEHCNFDVTTTR					
6	4				523.237097	1566.689	3				1566.690964	35.15	FEHCNFDVTTTR					
6	4				523.237103	1566.689	3				1566.690964	40.65	FEHCNFDVTTTR					
6	4				784.354969	1566.695	2				1566.690964	51.65	FEHCNFDVTTTR	784.355	786.3675	9.28	2.79	3.33
6	4				784.354969	1566.695	2				1566.690964	62.74	FEHCNFDVTTTR					
6	4				784.354969	1566.695	2				1566.690964	60.08	FEHCNFDVTTTR					
6	4				838.897156	1675.78	2				1675.772247	35.87	LRENELTYYCCK					
6	4				838.897156	1675.78	2				1675.772247	25.72	LRENELTYYCCK					
6	4				568.943043	1703.807	3				1703.803558	34.66	LRENELTYYCCK					
6	4				568.943043	1703.807	3				1703.803558	36.63	LRENELTYYCCK					
6	4				568.943043	1703.807	3				1703.803558	25.55	LRENELTYYCCK					
6	4				852.911598	1703.809	2				1703.803558	54.43	LRENELTYYCCK	852.9116	856.9367	1.24	0.4	3.10
6	4				852.911598	1703.809	2				1703.803558	45.2	LRENELTYYCCK					
6	4				852.911598	1703.809	2				1703.803558	48.41	LRENELTYYCCK					
6	5	IPI00220362		10 kDa heat shock protein,	535.317909	1068.621	2	3	3.64	1.10	1068.620331	39.27	GGEIQPVSVK	535.3179	539.343	1.49	0.43	3.47
6	5				552.819008	1103.623	2				1103.625076	25.03	VLLPEYGGTK					
6	5				566.834668	1131.655	2				1131.656387	36.85	VLLPEYGGTK	566.8347	570.8598	11.4	2.37	4.81
6	5				566.834668	1131.655	2				1131.656387	35.96	VLLPEYGGTK					
6	5				672.402737	1342.791	2				1342.784409	72.45	VLQATVVAVGSGSK					
6	5				672.402737	1342.791	2				1342.784409	72.6	VLQATVVAVGSGSK					
6	5				686.417012	1370.819	2				1370.81572	95.99	VLQATVVAVGSGSK	686.417	690.4421	1.29	0.49	2.63
6	5				686.417012	1370.819	2				1370.81572	88.77	VLQATVVAVGSGSK					
6	6	IPI00000874		Peroxiredoxin-1	424.230256	846.446	2	3	3.44	0.52	846.447144	22.96	SVDETLR	424.2303	426.2428	0.95	0.33	2.88
6	6				461.735469	921.4564	2				921.458023	42.59	ADEGISFR	461.7355	463.748	11.8	3.34	3.53
6	6				461.735469	921.4564	2				921.458023	40.22	ADEGISFR					
6	6				498.766706	995.5189	2				995.519989	24.77	DISLSDYK	498.7667	502.7918	6.12	1.57	3.90
6	6				346.203767	1035.589	3				1035.588989	25.24	IGHPAPNFK					
6	6				346.203767	1035.589	3				1035.588989	21.66	IGHPAPNFK					
6	6				568.323413	1134.632	2				1134.630905	66.25	TIAQDYGVLK					
6	6				568.323413	1134.632	2				1134.630905	46.99	TIAQDYGVLK					
6	6				582.338852	1162.663	2				1162.662216	59.12	TIAQDYGVLK					

Band num	prot_hit	nu prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy
6	6			582.338852	1162.663	2				1162.662216	62.4	TIAQDYGVLK					
6	6			582.338852	1162.663	2				1162.662216	57.01	TIAQDYGVLK					
6	6			596.807874	1191.601	2				1191.598221	36.07	ATAVMPDGQFK					
6	6			596.807874	1191.601	2				1191.598221	42.01	ATAVMPDGQFK					
6	6			604.804739	1207.595	2				1207.59314	44.82	ATAVMPDGQFK					
6	6			610.822734	1219.631	2				1219.629532	35.47	ATAVMPDGQFK					
6	6			610.822734	1219.631	2				1219.629532	36.73	ATAVMPDGQFK					
6	6			618.819555	1235.625	2				1235.624451	29.28	ATAVMPDGQFK					
6	6	IPI00640741	19 kDa protein	424.230256	846.446	2	3	3.44	0.52	846.447144	22.96	SVDETLR					
6	6			461.735469	921.4564	2				921.458023	42.59	ADEGISFR					
6	6			461.735469	921.4564	2				921.458023	40.22	ADEGISFR					
6	6			498.766706	995.5189	2				995.519989	24.77	DISLSDYK					
6	6			346.203767	1035.589	3				1035.588989	25.24	IGHPAPNFK					
6	6			346.203767	1035.589	3				1035.588989	21.66	IGHPAPNFK					
6	6			568.323413	1134.632	2				1134.630905	66.25	TIAQDYGVLK					
6	6			568.323413	1134.632	2				1134.630905	46.99	TIAQDYGVLK					
6	6			582.338852	1162.663	2				1162.662216	59.12	TIAQDYGVLK					
6	6			582.338852	1162.663	2				1162.662216	62.4	TIAQDYGVLK					
6	6			582.338852	1162.663	2				1162.662216	57.01	TIAQDYGVLK					
6	6			596.807874	1191.601	2				1191.598221	36.07	ATAVMPDGQFK					
6	6			596.807874	1191.601	2				1191.598221	42.01	ATAVMPDGQFK					
6	6			604.804739	1207.595	2				1207.59314	44.82	ATAVMPDGQFK					
6	6			610.822734	1219.631	2				1219.629532	35.47	ATAVMPDGQFK					
6	6			610.822734	1219.631	2				1219.629532	36.73	ATAVMPDGQFK					
6	6			618.819555	1235.625	2				1235.624451	29.28	ATAVMPDGQFK					
6	7	IPI00024933	60S ribosomal protein L12	852.426872	1702.839	2	1	4.39	0.00	1702.833237	102.19	EILGTAQSVGCNVDGR	852.4269	854.4394	4.21	0.96	4.39
6	7			852.426872	1702.839	2				1702.833237	95.12	EILGTAQSVGCNVDGR					
6	7			852.426872	1702.839	2				1702.833237	101.48	EILGTAQSVGCNVDGR					
6	7	IPI00026621	18 kDa protein	852.426872	1702.839	2	1	4.39	0.00	1702.833237	102.19	EILGTAQSVGCNVDGR					
6	7			852.426872	1702.839	2				1702.833237	95.12	EILGTAQSVGCNVDGR					
6	7			852.426872	1702.839	2				1702.833237	101.48	EILGTAQSVGCNVDGR					
6	7	IPI00455040	RPL12 protein	852.426872	1702.839	2	1	4.39	0.00	1702.833237	102.19	EILGTAQSVGCNVDGR					
6	7			852.426872	1702.839	2				1702.833237	95.12	EILGTAQSVGCNVDGR					
6	7			852.426872	1702.839	2				1702.833237	101.48	EILGTAQSVGCNVDGR					
6	7	IPI00477279	PREDICTED: similar to 60S	852.426872	1702.839	2	1	4.39	0.00	1702.833237	102.19	EILGTAQSVGCNVDGR					
6	7			852.426872	1702.839	2				1702.833237	95.12	EILGTAQSVGCNVDGR					
6	7			852.426872	1702.839	2				1702.833237	101.48	EILGTAQSVGCNVDGR					
6	7	IPI00478310	PREDICTED: similar to 60S	852.426872	1702.839	2	1	4.39	0.00	1702.833237	102.19	EILGTAQSVGCNVDGR					
6	7			852.426872	1702.839	2				1702.833237	95.12	EILGTAQSVGCNVDGR					
6	7			852.426872	1702.839	2				1702.833237	101.48	EILGTAQSVGCNVDGR					
6	7	IPI00479158	Ribosomal protein L12 vari	852.426872	1702.839	2	1	4.39	0.00	1702.833237	102.19	EILGTAQSVGCNVDGR					
6	7			852.426872	1702.839	2				1702.833237	95.12	EILGTAQSVGCNVDGR					
6	7			852.426872	1702.839	2				1702.833237	101.48	EILGTAQSVGCNVDGR					
6	7	IPI00746242	14 kDa protein	852.426872	1702.839	2	1	4.39	0.00	1702.833237	102.19	EILGTAQSVGCNVDGR					
6	7			852.426872	1702.839	2				1702.833237	95.12	EILGTAQSVGCNVDGR					
6	7			852.426872	1702.839	2				1702.833237	101.48	EILGTAQSVGCNVDGR					
6	8	IPI00216298	Thioredoxin	468.744132	935.4737	2	2	1.36	0.15	935.473648	25.49	VGEFSGANK					
6	8			482.759342	963.5041	2				963.504959	33.6	VGEFSGANK	482.7594	486.7845	12.5	8.53	1.47
6	8			482.759388	963.5042	2				963.504959	40.41	VGEFSGANK					
6	8			482.759388	963.5042	2				963.504959	43.02	VGEFSGANK					
6	8			682.84191	1363.669	2				1363.664383	77.4	TAFQEALDAAGDK					
6	8			682.84191	1363.669	2				1363.664383	87.81	TAFQEALDAAGDK	682.8419	684.8545	78.9	62.9	1.25
6	8			682.84191	1363.669	2				1363.664383	88.87	TAFQEALDAAGDK					
6	8	IPI00552768	Thioredoxin	468.744132	935.4737	2	2	1.36	0.15	935.473648	25.49	VGEFSGANK					
6	8			482.759342	963.5041	2				963.504959	33.6	VGEFSGANK					
6	8			482.759388	963.5042	2				963.504959	40.41	VGEFSGANK					
6	8			482.759388	963.5042	2				963.504959	43.02	VGEFSGANK					
6	8			682.84191	1363.669	2				1363.664383	77.4	TAFQEALDAAGDK					
6	8			682.84191	1363.669	2				1363.664383	87.81	TAFQEALDAAGDK					
6	8			682.84191	1363.669	2				1363.664383	88.87	TAFQEALDAAGDK					
6	9	IPI00024915	Isoform Mitochondrial of P	967.99924	1933.984	2	1	2.58	0.00	1934.00209	113.57	ETDLLLDDSLVSIFGNR	967.9992	970.0118	0.67	0.26	2.58
6	9			967.99924	1933.984	2				1934.00209	79.95	ETDLLLDDSLVSIFGNR					
6	9			967.99924	1933.984	2				1934.00209	63.86	ETDLLLDDSLVSIFGNR					



Band num	prot_hit	nu prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy
6	9			967.99924	1933.984	2				1934.00209	32.68	ETDLLLDDSLVSIFGNR					
6	9	IPI00375306	peroxiredoxin 5 precursor,	967.99924	1933.984	2	1	2.58	0.00	1934.00209	113.57	ETDLLLDDSLVSIFGNR					
6	9			967.99924	1933.984	2				1934.00209	79.95	ETDLLLDDSLVSIFGNR					
6	9			967.99924	1933.984	2				1934.00209	63.86	ETDLLLDDSLVSIFGNR					
6	9			967.99924	1933.984	2				1934.00209	32.68	ETDLLLDDSLVSIFGNR					
6	9	IPI00375307	peroxiredoxin 5 precursor,	967.99924	1933.984	2	1	2.58	0.00	1934.00209	113.57	ETDLLLDDSLVSIFGNR					
6	9			967.99924	1933.984	2				1934.00209	79.95	ETDLLLDDSLVSIFGNR					
6	9			967.99924	1933.984	2				1934.00209	63.86	ETDLLLDDSLVSIFGNR					
6	9			967.99924	1933.984	2				1934.00209	32.68	ETDLLLDDSLVSIFGNR					
6	9	IPI00759663	Isoform Cytoplasmic+pero	967.99924	1933.984	2	1	2.58	0.00	1934.00209	113.57	ETDLLLDDSLVSIFGNR					
6	9			967.99924	1933.984	2				1934.00209	79.95	ETDLLLDDSLVSIFGNR					
6	9			967.99924	1933.984	2				1934.00209	63.86	ETDLLLDDSLVSIFGNR					
6	9			967.99924	1933.984	2				1934.00209	32.68	ETDLLLDDSLVSIFGNR					
6	10	IPI00027255	Myosin light polypeptide 6E	685.337122	1368.66	2	2	2.56	0.97	1368.655426	64.21	ILYSQCGDVMR	685.3371	687.3497	2.7	1.44	1.88
6	10			685.337122	1368.66	2				1368.655426	59.23	ILYSQCGDVMR					
6	10			691.892432	1381.77	2				1381.758942	55.51	ALGQNPTNAEVLK	691.8924	693.905	1.59	0.49	3.24
6	10			691.892432	1381.77	2				1381.758942	52.84	ALGQNPTNAEVLK					
6	10			693.333123	1384.652	2				1384.650345	32.12	ILYSQCGDVMR					
6	10			693.333513	1384.652	2				1384.650345	37.04	ILYSQCGDVMR					
6	10			705.903593	1409.793	2				1409.790253	45.01	ALGQNPTNAEVLK					
6	10			705.903593	1409.793	2				1409.790253	48.06	ALGQNPTNAEVLK					
6	10	IPI00335168	myosin, light polypeptide 6	685.337122	1368.66	2	2	2.56	0.97	1368.655426	64.21	ILYSQCGDVMR					
6	10			685.337122	1368.66	2				1368.655426	59.23	ILYSQCGDVMR					
6	10			691.892432	1381.77	2				1381.758942	55.51	ALGQNPTNAEVLK					
6	10			691.892432	1381.77	2				1381.758942	52.84	ALGQNPTNAEVLK					
6	10			693.333123	1384.652	2				1384.650345	32.12	ILYSQCGDVMR					
6	10			693.333513	1384.652	2				1384.650345	37.04	ILYSQCGDVMR					
6	10			705.903593	1409.793	2				1409.790253	45.01	ALGQNPTNAEVLK					
6	10			705.903593	1409.793	2				1409.790253	48.06	ALGQNPTNAEVLK					
6	10	IPI00413922	Isoform Smooth muscle of	685.337122	1368.66	2	2	2.56	0.97	1368.655426	64.21	ILYSQCGDVMR					
6	10			685.337122	1368.66	2				1368.655426	59.23	ILYSQCGDVMR					
6	10			691.892432	1381.77	2				1381.758942	55.51	ALGQNPTNAEVLK					
6	10			691.892432	1381.77	2				1381.758942	52.84	ALGQNPTNAEVLK					
6	10			693.333123	1384.652	2				1384.650345	32.12	ILYSQCGDVMR					
6	10			693.333513	1384.652	2				1384.650345	37.04	ILYSQCGDVMR					
6	10			705.903593	1409.793	2				1409.790253	45.01	ALGQNPTNAEVLK					
6	10			705.903593	1409.793	2				1409.790253	48.06	ALGQNPTNAEVLK					
6	10	IPI00744444	17 kDa protein	685.337122	1368.66	2	2	2.56	0.97	1368.655426	64.21	ILYSQCGDVMR					
6	10			685.337122	1368.66	2				1368.655426	59.23	ILYSQCGDVMR					
6	10			691.892432	1381.77	2				1381.758942	55.51	ALGQNPTNAEVLK					
6	10			691.892432	1381.77	2				1381.758942	52.84	ALGQNPTNAEVLK					
6	10			693.333123	1384.652	2				1384.650345	32.12	ILYSQCGDVMR					
6	10			693.333513	1384.652	2				1384.650345	37.04	ILYSQCGDVMR					
6	10			705.903593	1409.793	2				1409.790253	45.01	ALGQNPTNAEVLK					
6	10			705.903593	1409.793	2				1409.790253	48.06	ALGQNPTNAEVLK					
6	11	IPI00026260	Nucleoside diphosphate kin	540.269587	1078.525	2	4	2.76	0.41	1078.525391	60.52	GDFCIQVGR	540.2696	542.2821	24.8	9.26	2.68
6	11			540.269587	1078.525	2				1078.525391	65.21	GDFCIQVGR					
6	11			563.318229	1124.622	2				1124.621414	25.33	NIHGSDSVK	563.3185	567.3436	0.62	0.28	2.21
6	11			563.318483	1124.622	2				1124.621414	34.04	NIHGSDSVK					
6	11			563.318483	1124.622	2				1124.621414	39.46	NIHGSDSVK					
6	11			597.74974	1193.485	2				1193.483612	21.96	SCAHDWVYE					
6	11			458.270494	1371.79	3				1371.789856	31.27	TFAIKPDGVQR	597.7497	599.7623	2.88	0.93	3.10
6	11			458.270494	1371.79	3				1371.789856	29	TFAIKPDGVQR	458.2705	459.6122	8.7	2.86	3.04
6	11			467.614483	1399.822	3				1399.821167	30.49	TFAIKPDGVQR					
6	11			467.614483	1399.822	3				1399.821167	20.34	TFAIKPDGVQR					
6	11			467.614483	1399.822	3				1399.821167	29.07	TFAIKPDGVQR					
6	11			605.322844	1812.947	3				1812.942795	38.06	VMLGETNPADSKPGTIR					
6	11			605.322844	1812.947	3				1812.942795	37.54	VMLGETNPADSKPGTIR					
6	11			605.322844	1812.947	3				1812.942795	30.15	VMLGETNPADSKPGTIR					
6	11			610.654606	1828.942	3				1828.937714	29.44	VMLGETNPADSKPGTIR					
6	11			610.654606	1828.942	3				1828.937714	28.96	VMLGETNPADSKPGTIR					
6	11			610.654606	1828.942	3				1828.937714	21.08	VMLGETNPADSKPGTIR					
6	11			614.667601	1840.981	3				1840.974106	40.03	VMLGETNPADSKPGTIR					

Band num	prot_hit	nu prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy			
6	11		NME1-NME2 protein	614.667601	1840.981	3	4	2.76	0.41	1840.974106	26.58	VMLGETNPADSKPGTIR								
6	11			614.667601	1840.981	3				1840.974106	28.01	VMLGETNPADSKPGTIR								
6	11			619.998203	1856.973	3				1856.969025	25.45	VMLGETNPADSKPGTIR								
6	11	IPI00604590		540.269587	1078.525	2				1078.525391	60.52	GDFCIQVGR								
6	11			540.269587	1078.525	2				1078.525391	65.21	GDFCIQVGR								
6	11			563.318229	1124.622	2				1124.621414	25.33	NIHGSDSVK								
6	11			563.318483	1124.622	2				1124.621414	34.04	NIHGSDSVK								
6	11			563.318483	1124.622	2				1124.621414	39.46	NIHGSDSVK								
6	11			597.74974	1193.485	2				1193.483612	21.96	SCAHDWVYE								
6	11			458.270494	1371.79	3				1371.789856	31.27	TFIAIKPDGVQR								
6	11			458.270494	1371.79	3				1371.789856	29	TFIAIKPDGVQR								
6	11			467.614483	1399.822	3				1399.821167	30.49	TFIAIKPDGVQR								
6	11			467.614483	1399.822	3				1399.821167	20.34	TFIAIKPDGVQR								
6	11			467.614483	1399.822	3				1399.821167	29.07	TFIAIKPDGVQR								
6	11			605.322844	1812.947	3				1812.942795	38.06	VMLGETNPADSKPGTIR								
6	11			605.322844	1812.947	3				1812.942795	37.54	VMLGETNPADSKPGTIR								
6	11			605.322844	1812.947	3				1812.942795	30.15	VMLGETNPADSKPGTIR								
6	11			610.654606	1828.942	3				1828.937714	29.44	VMLGETNPADSKPGTIR								
6	11			610.654606	1828.942	3				1828.937714	28.96	VMLGETNPADSKPGTIR								
6	11			610.654606	1828.942	3				1828.937714	21.08	VMLGETNPADSKPGTIR								
6	11		614.667601	1840.981	3	1840.974106	40.03	VMLGETNPADSKPGTIR												
6	11		614.667601	1840.981	3	1840.974106	26.58	VMLGETNPADSKPGTIR												
6	11		614.667601	1840.981	3	1840.974106	28.01	VMLGETNPADSKPGTIR												
6	11		619.998203	1856.973	3	1856.969025	25.45	VMLGETNPADSKPGTIR												
6	12	IPI00012048	Nucleoside diphosphate ki	540.269587	1078.525	2	3	2.93	0.22	1078.525391	60.52	GDFCIQVGR	540.2696	542.2821	24.8	9.26	2.68			
6	12			540.269587	1078.525	2				1078.525391	65.21	GDFCIQVGR								
6	12			458.270494	1371.79	3				1371.789856	31.27	TFIAIKPDGVQR				458.2705	459.6122	8.7	2.86	3.04
6	12			458.270494	1371.79	3				1371.789856	29	TFIAIKPDGVQR								
6	12			467.614483	1399.822	3				1399.821167	30.49	TFIAIKPDGVQR								
6	12			467.614483	1399.822	3				1399.821167	20.34	TFIAIKPDGVQR								
6	12			467.614483	1399.822	3				1399.821167	29.07	TFIAIKPDGVQR								
6	12			757.382166	1512.75	2				1512.744415	44.66	NIHGSDSVESAEK				757.3822	759.3947	0.98	0.32	3.06
6	12			757.382166	1512.75	2				1512.744415	26.44	NIHGSDSVESAEK								
6	12			605.322844	1812.947	3				1812.942795	38.06	VMLGETNPADSKPGTIR								
6	12			605.322844	1812.947	3				1812.942795	37.54	VMLGETNPADSKPGTIR								
6	12			605.322844	1812.947	3				1812.942795	30.15	VMLGETNPADSKPGTIR								
6	12			610.654606	1828.942	3				1828.937714	29.44	VMLGETNPADSKPGTIR								
6	12			610.654606	1828.942	3				1828.937714	28.96	VMLGETNPADSKPGTIR								
6	12			610.654606	1828.942	3				1828.937714	21.08	VMLGETNPADSKPGTIR								
6	12			614.667601	1840.981	3				1840.974106	40.03	VMLGETNPADSKPGTIR								
6	12			614.667601	1840.981	3				1840.974106	26.58	VMLGETNPADSKPGTIR								
6	12			614.667601	1840.981	3				1840.974106	28.01	VMLGETNPADSKPGTIR								
6	12			619.998203	1856.973	3				1856.969025	25.45	VMLGETNPADSKPGTIR								
6	12	IPI00375531		non-metastatic cells 1, prot	540.269587	1078.525				2	3	2.93	0.22	1078.525391	60.52	GDFCIQVGR				
6	12		540.269587		1078.525	2	1078.525391	65.21	GDFCIQVGR											
6	12		458.270494		1371.79	3	1371.789856	31.27	TFIAIKPDGVQR											
6	12		458.270494		1371.79	3	1371.789856	29	TFIAIKPDGVQR											
6	12		467.614483		1399.822	3	1399.821167	30.49	TFIAIKPDGVQR											
6	12		467.614483		1399.822	3	1399.821167	20.34	TFIAIKPDGVQR											
6	12		467.614483		1399.822	3	1399.821167	29.07	TFIAIKPDGVQR											
6	12		757.382166		1512.75	2	1512.744415	44.66	NIHGSDSVESAEK											
6	12		757.382166		1512.75	2	1512.744415	26.44	NIHGSDSVESAEK											
6	12		605.322844		1812.947	3	1812.942795	38.06	VMLGETNPADSKPGTIR											
6	12		605.322844		1812.947	3	1812.942795	37.54	VMLGETNPADSKPGTIR											
6	12		605.322844		1812.947	3	1812.942795	30.15	VMLGETNPADSKPGTIR											
6	12		610.654606		1828.942	3	1828.937714	29.44	VMLGETNPADSKPGTIR											
6	12		610.654606		1828.942	3	1828.937714	28.96	VMLGETNPADSKPGTIR											
6	12		610.654606		1828.942	3	1828.937714	21.08	VMLGETNPADSKPGTIR											
6	12		614.667601		1840.981	3	1840.974106	40.03	VMLGETNPADSKPGTIR											
6	12		614.667601		1840.981	3	1840.974106	26.58	VMLGETNPADSKPGTIR											
6	12		614.667601		1840.981	3	1840.974106	28.01	VMLGETNPADSKPGTIR											
6	12		619.998203		1856.973	3	1856.969025	25.45	VMLGETNPADSKPGTIR											
6	13	IPI00179330	ubiquitin and ribosomal prc		548.330767	1094.647	2	2	3.81	1.81				1094.647232	52.96	ESTLHLVLR				

Band num	prot_hit_nu	prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy
6	13			548.330767	1094.647	2				1094.647232	47.49	ESTLHLVLR					
6	13			365.889966	1094.648	3				1094.647232	44.39	ESTLHLVLR	365.89	367.2317	16.1	6.37	2.53
6	13			365.889966	1094.648	3				1094.647232	50.26	ESTLHLVLR					
6	13			365.889966	1094.648	3				1094.647232	53.7	ESTLHLVLR					
6	13			569.312459	1136.61	2				1136.610199	34.8	TLSDYNIQK	569.3125	573.3376	8.86	1.74	5.09
6	13			569.312459	1136.61	2				1136.610199	44.79	TLSDYNIQK					
6	13			569.312459	1136.61	2				1136.610199	51.95	TLSDYNIQK					
6	13	IPI00397808	PREDICTED: similar to ubi	548.330767	1094.647	2	2	3.81	1.81	1094.647232	52.96	ESTLHLVLR					
6	13			548.330767	1094.647	2				1094.647232	47.49	ESTLHLVLR					
6	13			365.889966	1094.648	3				1094.647232	44.39	ESTLHLVLR					
6	13			365.889966	1094.648	3				1094.647232	50.26	ESTLHLVLR					
6	13			365.889966	1094.648	3				1094.647232	53.7	ESTLHLVLR					
6	13			569.312459	1136.61	2				1136.610199	34.8	TLSDYNIQK					
6	13			569.312459	1136.61	2				1136.610199	44.79	TLSDYNIQK					
6	13			569.312459	1136.61	2				1136.610199	51.95	TLSDYNIQK					
6	13	IPI00456429	ubiquitin and ribosomal prc	548.330767	1094.647	2	2	3.81	1.81	1094.647232	52.96	ESTLHLVLR					
6	13			548.330767	1094.647	2				1094.647232	47.49	ESTLHLVLR					
6	13			365.889966	1094.648	3				1094.647232	44.39	ESTLHLVLR					
6	13			365.889966	1094.648	3				1094.647232	50.26	ESTLHLVLR					
6	13			365.889966	1094.648	3				1094.647232	53.7	ESTLHLVLR					
6	13			569.312459	1136.61	2				1136.610199	34.8	TLSDYNIQK					
6	13			569.312459	1136.61	2				1136.610199	44.79	TLSDYNIQK					
6	13			569.312459	1136.61	2				1136.610199	51.95	TLSDYNIQK					
6	13	IPI00783060	Ubiquitin	548.330767	1094.647	2	2	3.81	1.81	1094.647232	52.96	ESTLHLVLR					
6	13			548.330767	1094.647	2				1094.647232	47.49	ESTLHLVLR					
6	13			365.889966	1094.648	3				1094.647232	44.39	ESTLHLVLR					
6	13			365.889966	1094.648	3				1094.647232	50.26	ESTLHLVLR					
6	13			365.889966	1094.648	3				1094.647232	53.7	ESTLHLVLR					
6	13			569.312459	1136.61	2				1136.610199	34.8	TLSDYNIQK					
6	13			569.312459	1136.61	2				1136.610199	44.79	TLSDYNIQK					
6	13			569.312459	1136.61	2				1136.610199	51.95	TLSDYNIQK					
6	13	IPI00783778	40S ribosomal protein S27:	548.330767	1094.647	2	2	3.81	1.81	1094.647232	52.96	ESTLHLVLR					
6	13			548.330767	1094.647	2				1094.647232	47.49	ESTLHLVLR					
6	13			365.889966	1094.648	3				1094.647232	44.39	ESTLHLVLR					
6	13			365.889966	1094.648	3				1094.647232	50.26	ESTLHLVLR					
6	13			365.889966	1094.648	3				1094.647232	53.7	ESTLHLVLR					
6	13			569.312459	1136.61	2				1136.610199	34.8	TLSDYNIQK					
6	13			569.312459	1136.61	2				1136.610199	44.79	TLSDYNIQK					
6	13			569.312459	1136.61	2				1136.610199	51.95	TLSDYNIQK					
6	13	IPI00719280	ubiquitin B precursor	548.330767	1094.647	2	2	3.81	1.81	1094.647232	52.96	ESTLHLVLR					
6	13			548.330767	1094.647	2				1094.647232	47.49	ESTLHLVLR					
6	13			365.889966	1094.648	3				1094.647232	44.39	ESTLHLVLR					
6	13			365.889966	1094.648	3				1094.647232	50.26	ESTLHLVLR					
6	13			365.889966	1094.648	3				1094.647232	53.7	ESTLHLVLR					
6	13			569.312459	1136.61	2				1136.610199	34.8	TLSDYNIQK					
6	13			569.312459	1136.61	2				1136.610199	44.79	TLSDYNIQK					
6	13			569.312459	1136.61	2				1136.610199	51.95	TLSDYNIQK					
6	13	IPI00743241	44 kDa protein	548.330767	1094.647	2	2	3.81	1.81	1094.647232	52.96	ESTLHLVLR					
6	13			548.330767	1094.647	2				1094.647232	47.49	ESTLHLVLR					
6	13			365.889966	1094.648	3				1094.647232	44.39	ESTLHLVLR					
6	13			365.889966	1094.648	3				1094.647232	50.26	ESTLHLVLR					
6	13			365.889966	1094.648	3				1094.647232	53.7	ESTLHLVLR					
6	13			569.312459	1136.61	2				1136.610199	34.8	TLSDYNIQK					
6	13			569.312459	1136.61	2				1136.610199	44.79	TLSDYNIQK					
6	13			569.312459	1136.61	2				1136.610199	51.95	TLSDYNIQK					
6	13	IPI00743650	44 kDa protein	548.330767	1094.647	2	2	3.81	1.81	1094.647232	52.96	ESTLHLVLR					
6	13			548.330767	1094.647	2				1094.647232	47.49	ESTLHLVLR					
6	13			365.889966	1094.648	3				1094.647232	44.39	ESTLHLVLR					
6	13			365.889966	1094.648	3				1094.647232	50.26	ESTLHLVLR					
6	13			365.889966	1094.648	3				1094.647232	53.7	ESTLHLVLR					
6	13			569.312459	1136.61	2				1136.610199	34.8	TLSDYNIQK					
6	13			569.312459	1136.61	2				1136.610199	44.79	TLSDYNIQK					
6	13			569.312459	1136.61	2				1136.610199	51.95	TLSDYNIQK					

Band num	prot_hit	nu_prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantified	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy
6	13	IPI00744274	44 kDa protein	548.330767	1094.647	2	2	3.81	1.81	1094.647232	52.96	ESTLHLVLR					
6	13			548.330767	1094.647	2				1094.647232	47.49	ESTLHLVLR					
6	13			365.889966	1094.648	3				1094.647232	44.39	ESTLHLVLR					
6	13			365.889966	1094.648	3				1094.647232	50.26	ESTLHLVLR					
6	13			365.889966	1094.648	3				1094.647232	53.7	ESTLHLVLR					
6	13			569.312459	1136.61	2				1136.610199	34.8	TLSDYNIQK					
6	13			569.312459	1136.61	2				1136.610199	44.79	TLSDYNIQK					
6	13			569.312459	1136.61	2				1136.610199	51.95	TLSDYNIQK					
6	13	IPI00787573	PREDICTED: similar to Ub	548.330767	1094.647	2	2	3.81	1.81	1094.647232	52.96	ESTLHLVLR					
6	13			548.330767	1094.647	2				1094.647232	47.49	ESTLHLVLR					
6	13			365.889966	1094.648	3				1094.647232	44.39	ESTLHLVLR					
6	13			365.889966	1094.648	3				1094.647232	50.26	ESTLHLVLR					
6	13			365.889966	1094.648	3				1094.647232	53.7	ESTLHLVLR					
6	13			569.312459	1136.61	2				1136.610199	34.8	TLSDYNIQK					
6	13			569.312459	1136.61	2				1136.610199	44.79	TLSDYNIQK					
6	13			569.312459	1136.61	2				1136.610199	51.95	TLSDYNIQK					
6	13	IPI00784990	ubiquitin C	548.330767	1094.647	2	2	3.81	1.81	1094.647232	52.96	ESTLHLVLR					
6	13			548.330767	1094.647	2				1094.647232	47.49	ESTLHLVLR					
6	13			365.889966	1094.648	3				1094.647232	44.39	ESTLHLVLR					
6	13			365.889966	1094.648	3				1094.647232	50.26	ESTLHLVLR					
6	13			365.889966	1094.648	3				1094.647232	53.7	ESTLHLVLR					
6	13			569.312459	1136.61	2				1136.610199	34.8	TLSDYNIQK					
6	13			569.312459	1136.61	2				1136.610199	44.79	TLSDYNIQK					
6	13			569.312459	1136.61	2				1136.610199	51.95	TLSDYNIQK					
6	13			569.312459	1136.61	2				1136.610199	44.79	TLSDYNIQK					
6	14	IPI00419585	Peptidyl-prolyl cis-trans iso	357.719552	713.4246	2	3	5.61	2.02	713.424866	26.23	HVVFQK	357.7196	359.7321	2.56	0.49	5.22
6	14			357.719552	713.4246	2				713.424866	23.23	HVVFQK					
6	14			371.735244	741.4559	2				741.456177	25.25	HVVFQK					
6	14			638.338818	1274.663	2				1274.654022	42.83	KITIADCGQLE					
6	14			652.352975	1302.691	2				1302.68779	33.92	KITIADCGQLE	652.353	656.3781	8.5	1.09	7.80
6	14			652.352975	1302.691	2				1302.68779	36.82	KITIADCGQLE					
6	14			652.352975	1302.691	2				1302.68779	58.53	KITIADCGQLE					
6	14			661.810345	1321.606	2				1321.603027	40.4	EGMNIVEAMER	661.8104	663.823	3.28	0.86	3.81
6	14			661.810345	1321.606	2				1321.603027	44.37	EGMNIVEAMER					
6	14			661.810423	1321.606	2				1321.603027	51.79	EGMNIVEAMER					
6	14			669.807465	1337.6	2				1337.597946	44.58	EGMNIVEAMER					
6	14	IPI00472718	Peptidylprolyl isomerase A	357.719552	713.4246	2	3	5.61	2.02	713.424866	26.23	HVVFQK					
6	14			357.719552	713.4246	2				713.424866	23.23	HVVFQK					
6	14			371.735244	741.4559	2				741.456177	25.25	HVVFQK					
6	14			638.338818	1274.663	2				1274.654022	42.83	KITIADCGQLE					
6	14			652.352975	1302.691	2				1302.68779	33.92	KITIADCGQLE					
6	14			652.352975	1302.691	2				1302.68779	36.82	KITIADCGQLE					
6	14			652.352975	1302.691	2				1302.68779	58.53	KITIADCGQLE					
6	14			661.810345	1321.606	2				1321.603027	40.4	EGMNIVEAMER					
6	14			661.810345	1321.606	2				1321.603027	44.37	EGMNIVEAMER					
6	14			661.810423	1321.606	2				1321.603027	51.79	EGMNIVEAMER					
6	14			669.807465	1337.6	2				1337.597946	44.58	EGMNIVEAMER					
6	15	IPI00000811	Proteasome subunit beta t	556.291528	1110.569	2	3	2.60	0.53	1110.569382	40.99	TTTGSYIANR	556.2919	558.3045	3.28	1.52	2.16
6	15			556.291895	1110.569	2				1110.569382	54.4	TTTGSYIANR					
6	15			556.291895	1110.569	2				1110.569382	43.71	TTTGSYIANR					
6	15			569.846721	1137.679	2				1137.678192	28.6	QVLLGDQIPK	569.8467	571.8593	2.05	0.83	2.47
6	15			572.322967	1142.631	2				1142.631943	53.41	LAAIAESGVER	572.323	574.3355	9.97	3.13	3.19
6	15			572.322967	1142.631	2				1142.631943	64.94	LAAIAESGVER					
6	16	IPI00219153	60S ribosomal protein L22	635.860098	1269.706	2	1	2.54	0.00	1269.706482	88.66	AGNLGGGVVTIER	635.8601	637.8727	16.1	6.34	2.54
6	16			635.860098	1269.706	2				1269.706482	74.43	AGNLGGGVVTIER					
6	16	IPI00787417	PREDICTED: similar to 60S	635.860098	1269.706	2	1	2.54	0.00	1269.706482	88.66	AGNLGGGVVTIER					
6	16			635.860098	1269.706	2				1269.706482	74.43	AGNLGGGVVTIER					
6	17	IPI00221222	Activated RNA polymerase	644.824126	1287.634	2	1	2.82	0.00	1287.633102	60.2	EQISDIDDAVR	644.8241	646.8367	8.33	2.95	2.82
6	17			644.824126	1287.634	2				1287.633102	69.02	EQISDIDDAVR					
6	18	IPI00013917	40S ribosomal protein S12	547.820517	1093.626	2	1	4.69	0.00	1093.626831	42.94	TALIHDLGLAR					
6	18			547.820517	1093.626	2				1093.626831	43.4	TALIHDLGLAR					
6	18			547.820517	1093.626	2				1093.626831	27.77	TALIHDLGLAR					
6	18			365.55016	1093.629	3				1093.626831	48.12	TALIHDLGLAR	365.5502	366.8919	5.11	1.09	4.69
6	18			365.55016	1093.629	3				1093.626831	52.65	TALIHDLGLAR					

Band num	prot_hit	nu	prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy
6	18	IPI00456898		PREDICTED: similar to rib	547.820517	1093.626	2	1	4.69	0.00	1093.626831	42.94	TALIHDLGLAR					
6	18				547.820517	1093.626	2				1093.626831	43.4	TALIHDLGLAR					
6	18				547.820517	1093.626	2				1093.626831	27.77	TALIHDLGLAR					
6	18				365.55016	1093.629	3				1093.626831	48.12	TALIHDLGLAR					
6	18				365.55016	1093.629	3				1093.626831	52.65	TALIHDLGLAR					
6	18	IPI00514100		Ribosomal protein S12	547.820517	1093.626	2	1	4.69	0.00	1093.626831	42.94	TALIHDLGLAR					
6	18				547.820517	1093.626	2				1093.626831	43.4	TALIHDLGLAR					
6	18				547.820517	1093.626	2				1093.626831	27.77	TALIHDLGLAR					
6	18				365.55016	1093.629	3				1093.626831	48.12	TALIHDLGLAR					
6	18				365.55016	1093.629	3				1093.626831	52.65	TALIHDLGLAR					
6	19	IPI00024920		ATP synthase delta chain,	730.378363	1458.742	2	1	2.35	0.00	1458.733856	85.65	AQAEVLGTADAEATR	730.3784	732.3909	1.53	0.65	2.35
6	20	IPI00221089		40S ribosomal protein S13	436.285178	870.5558	2	2	1.70	0.98	870.55629	36.12	LILIESR	436.2852	438.2977	96.6	95.9	1.01
6	20				560.313651	1118.613	2				1118.61084	61.62	GLSQSALPYR	560.3137	562.3262	2.28	0.95	2.40
6	20				560.313651	1118.613	2				1118.61084	51.13	GLSQSALPYR					
6	21	IPI00010214		Protein S100-A14	848.380247	1694.746	2	1	L	0.00	1694.740784	84.77	SANAEDAQEFSDVER	848.3803	850.3928	0.71	0	L
6	22	IPI00030362		Proteolipid protein 2	638.814486	1275.614	2	1	4.31	0.00	1275.611984	35.62	HTAAPTPADGPV	638.8145	640.8271	6.73	1.56	4.31
6	22				638.814486	1275.614	2				1275.611984	36.4	HTAAPTPADGPV					
6	22				638.814516	1275.614	2				1275.611984	62.82	HTAAPTPADGPV					
6	23	IPI00012011		Cofilin-1	683.336487	1364.658	2	2	1.72	0.44	1364.652435	49	YALYDATYETK	683.3365	685.349	60.2	42.9	1.40
6	23				683.336487	1364.658	2				1364.652435	49.27	YALYDATYETK					
6	23				616.293293	1845.858	3				1845.870377	21.8	HELQANCYEEVKDR	616.2933	618.9767	0.71	0.35	2.03
6	23				616.293293	1845.858	3				1845.870377	27.89	HELQANCYEEVKDR					
6	23				616.300479	1845.88	3				1845.870377	20.31	HELQANCYEEVKDR					
6	23				616.300479	1845.88	3				1845.870377	22.83	HELQANCYEEVKDR					
6	23				616.300479	1845.88	3				1845.870377	27.88	HELQANCYEEVKDR					
6	23	IPI00784459		24 kDa protein	683.336487	1364.658	2	2	1.72	0.44	1364.652435	49	YALYDATYETK					
6	23				683.336487	1364.658	2				1364.652435	49.27	YALYDATYETK					
6	23				616.293293	1845.858	3				1845.870377	21.8	HELQANCYEEVKDR					
6	23				616.293293	1845.858	3				1845.870377	27.89	HELQANCYEEVKDR					
6	23				616.300479	1845.88	3				1845.870377	20.31	HELQANCYEEVKDR					
6	23				616.300479	1845.88	3				1845.870377	22.83	HELQANCYEEVKDR					
6	23				616.300479	1845.88	3				1845.870377	27.88	HELQANCYEEVKDR					
6	24	IPI00219910		23 kDa protein	399.220467	1194.64	3	1	2.26	0.00	1194.638138	37.09	LQAVTDDHIR					
6	24				399.220467	1194.64	3				1194.638138	40.69	LQAVTDDHIR					
6	24				598.328019	1194.641	2				1194.638138	23.06	LQAVTDDHIR	598.328	600.3406	0.97	0.43	2.26
6	24				598.328019	1194.641	2				1194.638138	45.76	LQAVTDDHIR					
6	24	IPI00783862		Flavin reductase	399.220467	1194.64	3	1	2.26	0.00	1194.638138	37.09	LQAVTDDHIR					
6	24				399.220467	1194.64	3				1194.638138	40.69	LQAVTDDHIR					
6	24				598.328019	1194.641	2				1194.638138	23.06	LQAVTDDHIR					
6	24				598.328019	1194.641	2				1194.638138	45.76	LQAVTDDHIR					
6	25	IPI00024919		Thioredoxin-dependent per	617.849451	1233.684	2	1	3.02	0.00	1233.685394	35.76	HLSVNDLPVGR	617.8495	619.862	9.45	3.13	3.02
6	25				617.849451	1233.684	2				1233.685394	43.41	HLSVNDLPVGR					
6	25				617.849451	1233.684	2				1233.685394	38.79	HLSVNDLPVGR					
6	25	IPI00374151		peroxiredoxin 3 isoform b	617.849451	1233.684	2	1	3.02	0.00	1233.685394	35.76	HLSVNDLPVGR					
6	25				617.849451	1233.684	2				1233.685394	43.41	HLSVNDLPVGR					
6	25				617.849451	1233.684	2				1233.685394	38.79	HLSVNDLPVGR					
6	26	IPI00298547		Protein DJ-1	451.770144	901.5257	2	2	2.35	1.88	901.525726	42.49	DGLILTSR	451.7701	453.7827	9.72	2.64	3.68
6	26				562.639441	1684.896	3				1684.895447	32.54	VTVAGLAGKDPVQCSR					
6	26				858.451992	1714.889	2				1714.883575	40.28	DVVICPDASLEDAKK					
6	27	IPI00215780		40S ribosomal protein S19	581.797833	1161.581	2	1	3.07	0.00	1161.580261	59.3	DVNQEEFVR	858.452	862.4771	0.51	0.5	1.02
6	28	IPI00555956		Proteasome subunit beta t	506.290713	1010.567	2	2	3.63	0.90	1010.568604	20.37	AIHSWLTR	581.7978	583.8104	1.72	0.56	3.07
6	28				337.863201	1010.568	3				1010.568604	26.74	AIHSWLTR	337.8632	339.2049	3.37	0.79	4.27
6	28				337.863201	1010.568	3				1010.568604	27.48	AIHSWLTR					
6	28				578.82066	1155.627	2				1155.627228	29.48	QPVLSTQTEAR	578.8207	580.8332	5.01	1.67	3.00
6	28				578.82066	1155.627	2				1155.627228	55.98	QPVLSTQTEAR					
6	28				578.82066	1155.627	2				1155.627228	27.77	QPVLSTQTEAR					
6	29	IPI00010270		Ras-related C3 botulinum t	489.766523	977.5185	2	2	7.52	1.95	977.52063	25.53	TVFDEAIR	489.7665	491.7791	14.2	2.31	6.15
6	29				489.766538	977.5185	2				977.52063	40.48	TVFDEAIR					
6	29				558.808859	1115.603	2				1115.603287	48.59	CVVVGDAVGK	558.8089	562.834	0.89	0.1	8.90
6	29	IPI00010271		Isoform A of Ras-related C	489.766523	977.5185	2	2	7.52	1.95	977.52063	25.53	TVFDEAIR					
6	29				489.766538	977.5185	2				977.52063	40.48	TVFDEAIR					
6	29				558.808859	1115.603	2				1115.603287	48.59	CVVVGDAVGK					
6	29	IPI00023138		Ras-related C3 botulinum t	489.766523	977.5185	2	2	7.52	1.95	977.52063	25.53	TVFDEAIR					

Band num	prot_hit_nu	prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy
6	29			489.766538	977.5185	2				977.52063	40.48	TVFDEAIR					
6	29			558.808859	1115.603	2				1115.603287	48.59	CVVVGDGAVGK					
6	29	IPI00219675	Isoform B of Ras-related C	489.766523	977.5185	2	2	7.52	1.95	977.52063	25.53	TVFDEAIR					
6	29			489.766538	977.5185	2				977.52063	40.48	TVFDEAIR					
6	29			558.808859	1115.603	2				1115.603287	48.59	CVVVGDGAVGK					
6	30	IPI00395906	Similar to RIKEN cDNA 23	399.22494	1194.653	3	2	2.83	1.88	1194.653381	25.66	NPYAHISIPR	399.2249	400.5666	2.36	1.57	1.50
6	30			706.391067	1410.768	2				1410.764359	53.36	QAGLTYAGPPPVGR	706.3911	708.4036	1.75	0.42	4.17
6	31	IPI00219446	Phosphatidylethanolamine-	566.277555	1130.541	2	1	30.08	0.00	1130.541458	50.76	CDEPILSNR	566.2776	568.2901	3.61	0.12	30.08
6	32	IPI00375704	Hypothetical protein DKFZ]	507.27489	1012.535	2	2	2.94	0.04	1012.536621	37.51	AIYQATYR					
6	32			507.27489	1012.535	2				1012.536621	35.38	AIYQATYR					
6	32			526.796493	1051.578	2				1051.579865	28.63	HGVIVAADSR					
6	32			526.796493	1051.578	2				1051.579865	36.24	HGVIVAADSR					
6	32	IPI00479306	proteasome beta 5 subunit	507.27489	1012.535	2	2	2.94	0.04	1012.536621	37.51	AIYQATYR	507.2749	509.2875	5.65	1.9	2.97
6	32			507.27489	1012.535	2				1012.536621	35.38	AIYQATYR					
6	32			526.796493	1051.578	2				1051.579865	28.63	HGVIVAADSR	526.7965	528.8091	1.02	0.35	2.91
6	32			526.796493	1051.578	2				1051.579865	36.24	HGVIVAADSR					
6	33	IPI00062120	Protein S100-A16	465.245328	1392.714	3	1	5.18	0.00	1392.713409	32.64	LIQNLDANHDGR					
6	33			697.367842	1392.721	2				1392.713409	41.39	LIQNLDANHDGR	697.3678	699.3804	0.88	0.17	5.18
6	34	IPI00036554	Myeloid leukemia factor 1	696.867314	1391.72	2	1	L	0.00	1391.710297	41.79	KAMRSDSGLEK	696.8673	700.8924	2.5	0	L
6	34			696.867354	1391.72	2				1391.70784	35.39	KAMRSDSGLEK					
6	34	IPI00171189	CDNA FLJ39570 fis, clone	696.867314	1391.72	2	1	L	0.00	1391.710297	41.79	KAMRSDSGLEK					
6	34			696.867354	1391.72	2				1391.70784	35.39	KAMRSDSGLEK					
6	34	IPI00719604	Myeloid leukemia factor 1 \	696.867314	1391.72	2	1	L	0.00	1391.710297	41.79	KAMRSDSGLEK					
6	34			696.867354	1391.72	2				1391.70784	35.39	KAMRSDSGLEK					
6	34	IPI00744606	Myeloid leukemia factor 1 \	696.867314	1391.72	2	1	L	0.00	1391.710297	41.79	KAMRSDSGLEK					
6	34			696.867354	1391.72	2				1391.70784	35.39	KAMRSDSGLEK					
6	35	IPI00013296	40S ribosomal protein S18	550.319192	1098.624	2	1	5.13	0.00	1098.62439	44.4	VITIMQNPR	550.3192	552.3318	3.85	0.75	5.13
6	35	IPI00642513	PREDICTED: similar to rib	550.319192	1098.624	2	1	5.13	0.00	1098.62439	44.4	VITIMQNPR					
6	36	IPI00026302	60S ribosomal protein L31	508.791539	1015.569	2	1	2.92	0.00	1015.568634	43.91	SAINEVVTR	508.7915	510.8041	1.43	0.49	2.92
6	36	IPI00743317	Similar to 60S ribosomal pr	508.791539	1015.569	2	1	2.92	0.00	1015.568634	43.91	SAINEVVTR					
6	36	IPI00787579	PREDICTED: similar to rib	508.791539	1015.569	2	1	2.92	0.00	1015.568634	43.91	SAINEVVTR					
6	37	IPI00550363	Transgelin-2	623.834714	1245.655	2	1	3.09	0.00	1245.652374	42.41	NVIGLQMGTNR	623.8347	625.8473	0.99	0.32	3.09
6	37	IPI00644531	21 kDa protein	623.834714	1245.655	2	1	3.09	0.00	1245.652374	42.41	NVIGLQMGTNR					
6	37	IPI00647915	24 kDa protein	623.834714	1245.655	2	1	3.09	0.00	1245.652374	42.41	NVIGLQMGTNR					
6	38	IPI00027350	Peroxioredoxin-2	476.741646	951.4687	2	2	3.86	1.21	951.468597	34.3	TDEGIAYR	476.7417	478.7542	0.45	0.15	3.00
6	38			476.741646	951.4687	2				951.468597	23.14	TDEGIAYR					
6	38			503.78283	1005.551	2				1005.55191	33.55	ATAVVDGAFK	503.7828	505.7954	0.99	0.21	4.71
6	38	IPI00375400	16 kDa protein	476.741646	951.4687	2	2	3.86	1.21	951.468597	34.3	TDEGIAYR					
6	38			476.741646	951.4687	2				951.468597	23.14	TDEGIAYR					
6	38			503.78283	1005.551	2				1005.55191	33.55	ATAVVDGAFK					
6	39	IPI00514952	Novel protein	302.51	904.5082	3	1	2.44	0.00	904.505157	23.63	KDMLAALK					
6	39			763.934195	1525.854	2				1525.850388	40.61	ELLDLVASHFNLK	763.9342	765.9468	0.78	0.32	2.44
6	39	IPI00644865	Novel protein	302.51	904.5082	3	1	2.44	0.00	904.505157	23.63	KDMLAALK					
6	39			763.934195	1525.854	2				1525.850388	40.61	ELLDLVASHFNLK					
6	39	IPI00748339	114 kDa protein	302.51	904.5082	3	1	2.44	0.00	904.505157	23.63	KDMLAALK					
6	39			763.934195	1525.854	2				1525.850388	40.61	ELLDLVASHFNLK					
6	40	IPI00646304	peptidylprolyl isomerase B	357.719552	713.4246	2	2	4.26	1.37	713.424866	26.23	HVVFGK	357.7196	359.7321	2.56	0.49	5.22
6	40			357.719558	713.4246	2				713.424866	23.23	HVVFGK					
6	40			371.735244	741.4559	2				741.456177	25.25	HVVFGK					
6	40			530.298177	1058.582	2				1058.581818	34.04	VLEGMEVVR	530.2982	532.3107	6.88	2.09	3.29
6	40			530.298177	1058.582	2				1058.581818	39.55	VLEGMEVVR					
6	41	IPI00025019	Proteasome subunit beta t	518.277801	1034.541	2	1	9.74	0.00	1034.542084	40.44	DVFISAAER	518.2778	520.2904	14.7	1.51	9.74
6	42	IPI00375511	26 kDa protein	523.778212	1045.542	2	1	2.68	0.00	1045.542816	39.51	SLQSVAEER	523.7782	525.7908	2.55	0.95	2.68
6	42	IPI00470528	60S ribosomal protein L15	523.778212	1045.542	2	1	2.68	0.00	1045.542816	39.51	SLQSVAEER					
6	42	IPI00550032	OTTHUMP00000016039	523.778212	1045.542	2	1	2.68	0.00	1045.542816	39.51	SLQSVAEER					
6	43	IPI00027463	Protein S100-A6	460.232218	918.4499	2	2	3.45	1.62	918.450516	31.98	LMEDLDR	460.2322	462.2448	9.84	4.27	2.30
6	43			472.26457	942.5146	2				942.515884	36.77	LQDAEIAK	472.2646	474.2771	10.9	2.37	4.60
6	44	IPI00166369	CDNA FLJ33534 fis, clone	428.767258	855.52	2	1	23.28	0.00	855.52182	37.91	LATWKPL	428.7673	430.7798	14.2	0.61	23.28
6	45	IPI00013679	Isoform DUT-M of Deoxyur	515.791713	1029.569	2	1	1.44	0.00	1029.566544	35.44	IAQLICER	515.7917	517.8043	21.3	14.8	1.44
6	45	IPI00375015	Isoform DUT-N of Deoxyur	515.791713	1029.569	2	1	1.44	0.00	1029.566544	35.44	IAQLICER					
6	45	IPI00749113	dUTP pyrophosphatase isc	515.791713	1029.569	2	1	1.44	0.00	1029.566544	35.44	IAQLICER					
6	46	IPI00019329	Dynein light chain 1, cytopl	477.571935	1429.694	3	1	1.47	0.00	1429.694931	32.15	YNPTWHCIVGR	477.5719	478.9136	9.16	6.25	1.47
6	46			477.571935	1429.694	3				1429.694931	30.65	YNPTWHCIVGR					

Band num	prot_hit_nu	prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy
6	46	IPI00062037	Dynein light chain 2, cytopl	477.571935	1429.694	3	1	1.47	0.00	1429.694931	32.15	YNPTWHCIVGR					
6	46			477.571935	1429.694	3				1429.694931	30.65	YNPTWHCIVGR					
6	47	IPI00646294	RNA pseudouridylate synt	429.268782	856.523	2	1	34.35	0.00	856.515472	35.12	VGTVLGGQR	429.2688	431.2813	5.84	0.17	34.35
6	48	IPI00219622	Proteasome subunit alpha	462.24618	922.4778	2	1	2.21	0.00	922.478439	34.83	SILYDER	462.2462	464.2587	4.27	1.93	2.21
6	49	IPI00031691	60S ribosomal protein L9	389.235888	776.4572	2	1	4.44	0.00	776.456894	34.52	GVTLGFGR	389.2359	391.2484	1.51	0.34	4.44
6	49	IPI00719047	Hypothetical protein	389.235888	776.4572	2	1	4.44	0.00	776.456894	34.52	GVTLGFGR					
6	49	IPI00738685	PREDICTED: similar to rib	389.235888	776.4572	2	1	4.44	0.00	776.456894	34.52	GVTLGFGR					
6	50	IPI00026271	40S ribosomal protein S14	729.382822	1456.751	2	1	3.77	0.00	1456.743393	33.97	IEDVTPIPSDSTR	729.3828	731.3954	1.66	0.44	3.77
6	51	IPI00017448	40S ribosomal protein S21	526.782976	1051.551	2	1	4.58	0.00	1051.550888	22.86	TYAICGAIR	526.783	528.7955	4.67	1.02	4.58
6	51			526.782976	1051.551	2				1051.550888	33.34	TYAICGAIR					
6	51	IPI00387084	OTTHUMP00000031487	526.782976	1051.551	2	1	4.58	0.00	1051.550888	22.86	TYAICGAIR					
6	51			526.782976	1051.551	2				1051.550888	33.34	TYAICGAIR					
6	52	IPI00307155	Rho-associated protein kin	468.263552	934.5126	2	1	10.08	0.00	934.515747	29.22	MSEKQLK	468.2637	472.2888	11.9	1.18	10.08
6	52			468.263688	934.5128	2				934.515747	33.08	MSEKQLK					
6	53	IPI00008293	PREDICTED: similar to 40S	499.301133	996.5877	2	1	1.39	0.00	996.58931	24.68	HVVFIAQR	499.3011	501.3137	1.64	1.18	1.39
6	53			499.301133	996.5877	2				996.58931	32.95	HVVFIAQR					
6	53	IPI00013415	40S ribosomal protein S7	499.301133	996.5877	2	1	1.39	0.00	996.58931	24.68	HVVFIAQR					
6	53			499.301133	996.5877	2				996.58931	32.95	HVVFIAQR					
6	53	IPI00478287	22 kDa protein	499.301133	996.5877	2	1	1.39	0.00	996.58931	24.68	HVVFIAQR					
6	53			499.301133	996.5877	2				996.58931	32.95	HVVFIAQR					
6	53	IPI00783203	Similar to 40S ribosomal pr	499.301133	996.5877	2	1	1.39	0.00	996.58931	24.68	HVVFIAQR					
6	53			499.301133	996.5877	2				996.58931	32.95	HVVFIAQR					
6	54	IPI00170796	Isoform 1 of Vacuolar prote	370.221725	1107.643	3	1	2.31	0.00	1107.642471	32.81	TLAGDVHIVR	370.2217	371.5634	1.78	0.77	2.31
6	54	IPI00184284	Isoform 2 of Vacuolar prote	370.221725	1107.643	3	1	2.31	0.00	1107.642471	32.81	TLAGDVHIVR					
6	55	IPI00290456	Intercellular adhesion mole	645.319716	1288.625	2	1	6.28	0.00	1288.619354	32.67	CEATNPRGSAAK	645.3197	647.3323	1.82	0.29	6.28
6	55			645.319716	1288.625	2				1288.619354	21.23	CEATNPRGSAAK					
6	55			645.3205	1288.626	2				1288.619354	27.48	CEATNPRGSAAK					
6	55			645.320531	1288.627	2				1288.619354	28.64	CEATNPRGSAAK					
6	55	IPI00743302	intercellular adhesion mole	645.319716	1288.625	2	1	6.28	0.00	1288.619354	32.67	CEATNPRGSAAK					
6	55			645.319716	1288.625	2				1288.619354	21.23	CEATNPRGSAAK					
6	55			645.3205	1288.626	2				1288.619354	27.48	CEATNPRGSAAK					
6	55			645.320531	1288.627	2				1288.619354	28.64	CEATNPRGSAAK					
6	56	IPI00748082	Conserved hypothetical pro	390.232461	1167.676	3				1167.682236	32.6	TLPVPVAKCR					
6	57	IPI00005719	RAB1A, member RAS onc	509.764963	1017.515	2	1	4.36	0.00	1017.515564	32.55	TITSSYYR	509.765	511.7775	1.92	0.44	4.36
6	57	IPI00008964	Ras-related protein Rab-1E	509.764963	1017.515	2	1	4.36	0.00	1017.515564	32.55	TITSSYYR					
6	57	IPI00022134	Putative small GTP-binding	509.764963	1017.515	2	1	4.36	0.00	1017.515564	32.55	TITSSYYR					
6	57	IPI00735546	PREDICTED: similar to RA	509.764963	1017.515	2	1	4.36	0.00	1017.515564	32.55	TITSSYYR					
6	58	IPI00168831	Isoform 2 of SAM domain-c	379.255657	756.4968	2	1	2.66	0.00	756.496979	32.21	KIKANR	379.2557	381.2682	7.55	2.84	2.66
6	58	IPI00185526	SAM-domain protein SAM	379.255657	756.4968	2	1	2.66	0.00	756.496979	32.21	KIKANR					
6	58	IPI00339277	Isoform 1 of SAM domain-c	379.255657	756.4968	2	1	2.66	0.00	756.496979	32.21	KIKANR					
6	58	IPI00782942	59 kDa protein	379.255657	756.4968	2	1	2.66	0.00	756.496979	32.21	KIKANR					
6	58	IPI00783644	61 kDa protein	379.255657	756.4968	2	1	2.66	0.00	756.496979	32.21	KIKANR					
6	59	IPI00020436	Ras-related protein Rab-11	486.761359	971.5082	2	1	3.60	0.00	971.510071	24.67	AITSAYYR					
6	59			486.761359	971.5082	2				971.510071	27.16	AITSAYYR					
6	59			651.827965	1301.641	2				1301.638855	32.11	AQIWDTAGQER	651.828	653.8405	1.26	0.35	3.60
6	59	IPI00429190	Ras-related protein Rab-11	486.761359	971.5082	2	1	3.60	0.00	971.510071	24.67	AITSAYYR					
6	59			486.761359	971.5082	2				971.510071	27.16	AITSAYYR					
6	59			651.827965	1301.641	2				1301.638855	32.11	AQIWDTAGQER					
6	60	IPI00176696	PREDICTED: similar to 40S	485.788914	969.5633	2	1	7.93	0.00	969.563141	25.26	NIVEAAAVR	485.7889	487.8015	3.25	0.41	7.93
6	60			485.788914	969.5633	2				969.563141	31.73	NIVEAAAVR					
6	60	IPI00176854	Ribosomal protein S26	485.788914	969.5633	2	1	7.93	0.00	969.563141	25.26	NIVEAAAVR					
6	60			485.788914	969.5633	2				969.563141	31.73	NIVEAAAVR					
6	60	IPI00186712	OTTHUMP00000018641	485.788914	969.5633	2	1	7.93	0.00	969.563141	25.26	NIVEAAAVR					
6	60			485.788914	969.5633	2				969.563141	31.73	NIVEAAAVR					
6	60	IPI00187140	Ribosomal protein S26-like	485.788914	969.5633	2	1	7.93	0.00	969.563141	25.26	NIVEAAAVR					
6	60			485.788914	969.5633	2				969.563141	31.73	NIVEAAAVR					
6	60	IPI00399281	13 kDa protein	485.788914	969.5633	2	1	7.93	0.00	969.563141	25.26	NIVEAAAVR					
6	60			485.788914	969.5633	2				969.563141	31.73	NIVEAAAVR					
6	60	IPI00401819	Hypothetical protein RPS2	485.788914	969.5633	2	1	7.93	0.00	969.563141	25.26	NIVEAAAVR					
6	60			485.788914	969.5633	2				969.563141	31.73	NIVEAAAVR					
6	60	IPI00477550	PREDICTED: similar to 40S	485.788914	969.5633	2	1	7.93	0.00	969.563141	25.26	NIVEAAAVR					
6	60			485.788914	969.5633	2				969.563141	31.73	NIVEAAAVR					
6	60	IPI00655650	40S ribosomal protein S26	485.788914	969.5633	2	1	7.93	0.00	969.563141	25.26	NIVEAAAVR					

Band num	prot_hit_nu	prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy
6	60			485.788914	969.5633	2				969.563141	31.73	NIVEAAAVR					
6	60	IPI00736949	PREDICTED: similar to 40:	485.788914	969.5633	2	1	7.93	0.00	969.563141	25.26	NIVEAAAVR					
6	60			485.788914	969.5633	2				969.563141	31.73	NIVEAAAVR					
6	60	IPI00739263	PREDICTED: similar to 40:	485.788914	969.5633	2	1	7.93	0.00	969.563141	25.26	NIVEAAAVR					
6	60			485.788914	969.5633	2				969.563141	31.73	NIVEAAAVR					
6	60	IPI00787644	PREDICTED: similar to 40:	485.788914	969.5633	2	1	7.93	0.00	969.563141	25.26	NIVEAAAVR					
6	60			485.788914	969.5633	2				969.563141	31.73	NIVEAAAVR					
6	61	IPI00472605	HLA class I histocompatibil	518.79	1035.565	2	1	L	0.00	1035.562485	31.48	YLENGKEK	518.79	522.8151	0.23	0	L
6	62	IPI00166143	Isoform 4 of Transcription f	651.392184	1300.77	2	1	14.04	0.00	1300.760193	31.2	KGSLADVVDTLK	651.3922	655.4173	26.4	1.88	14.04
6	62			651.392184	1300.77	2				1300.760193	27.8	KGSLADVVDTLK					
6	62	IPI00171247	Isoform 2 of Transcription f	651.392184	1300.77	2	1	14.04	0.00	1300.760193	31.2	KGSLADVVDTLK					
6	62			651.392184	1300.77	2				1300.760193	27.8	KGSLADVVDTLK					
6	62	IPI00216317	Isoform 1 of Transcription f	651.392184	1300.77	2	1	14.04	0.00	1300.760193	31.2	KGSLADVVDTLK					
6	62			651.392184	1300.77	2				1300.760193	27.8	KGSLADVVDTLK					
6	62	IPI00218631	Isoform 3 of Transcription f	651.392184	1300.77	2	1	14.04	0.00	1300.760193	31.2	KGSLADVVDTLK					
6	62			651.392184	1300.77	2				1300.760193	27.8	KGSLADVVDTLK					
6	62	IPI00395930	Hypothetical protein SOX6	651.392184	1300.77	2	1	14.04	0.00	1300.760193	31.2	KGSLADVVDTLK					
6	62			651.392184	1300.77	2				1300.760193	27.8	KGSLADVVDTLK					
6	62	IPI00412928	Isoform 2 of Transcription f	651.392184	1300.77	2	1	14.04	0.00	1300.760193	31.2	KGSLADVVDTLK					
6	62			651.392184	1300.77	2				1300.760193	27.8	KGSLADVVDTLK					
6	62	IPI00641980	Isoform 1 of Transcription f	651.392184	1300.77	2	1	14.04	0.00	1300.760193	31.2	KGSLADVVDTLK					
6	62			651.392184	1300.77	2				1300.760193	27.8	KGSLADVVDTLK					
6	62	IPI00787755	Hypothetical protein SOX6	651.392184	1300.77	2	1	14.04	0.00	1300.760193	31.2	KGSLADVVDTLK					
6	62			651.392184	1300.77	2				1300.760193	27.8	KGSLADVVDTLK					
6	63	IPI00022314	Superoxide dismutase [Mn	362.22991	1083.668	3	1	4.00	0.00	1083.667618	30.05	GELLEAIKR	362.2299	364.9133	1.72	0.43	4.00
6	63	IPI00607577	manganese superoxide dis	362.22991	1083.668	3	1	4.00	0.00	1083.667618	30.05	GELLEAIKR					
6	63	IPI00786865	manganese superoxide dis	362.22991	1083.668	3	1	4.00	0.00	1083.667618	30.05	GELLEAIKR					
7	1	IPI00219018	Glyceraldehyde-3-phospha	412.227639	822.4407	2	2	3.67	0.37	822.444626	27.23	LTGMAFR					
7	1			412.227641	822.4407	2				822.444626	27.9	LTGMAFR					
7	1			417.234481	832.4544	2				832.457932	25.82	VGVNGFGR					
7	1			417.234481	832.4544	2				832.457932	36.17	VGVNGFGR					
7	1			443.255983	884.4974	2				884.499176	25.16	QASEGPLK					
7	1			463.288365	924.5622	2				924.566849	20.43	VIPELNGK					
7	1			410.550479	1228.63	3				1228.633224	61.43	VVDLMAHMASK					
7	1			419.894136	1256.661	3				1256.664536	89.05	VVDLMAHMASK					
7	1			419.894136	1256.661	3				1256.664536	64.99	VVDLMAHMASK					
7	1			631.320219	1260.626	2				1260.623062	21.57	VVDLMAHMASK					
7	1			720.414311	1438.814	2				1438.816788	76.45	GALQNIIPASTGAAK					
7	1			720.414311	1438.814	2				1438.816788	73.64	GALQNIIPASTGAAK					
7	1			720.414311	1438.814	2				1438.816788	83.65	GALQNIIPASTGAAK					
7	1			734.431034	1466.848	2				1466.848099	72.62	GALQNIIPASTGAAK					
7	1			734.431034	1466.848	2				1466.848099	83.45	GALQNIIPASTGAAK					
7	1			734.431034	1466.848	2				1466.848099	67.32	GALQNIIPASTGAAK					
7	1			734.431034	1466.848	2				1466.848099	70.33	GALQNIIPASTGAAK					
7	1			520.279807	1557.818	3				1557.820908	33.07	VPTANVSVVDLTCR					
7	1			520.279807	1557.818	3				1557.820908	27.5	VPTANVSVVDLTCR					
7	1			779.918364	1557.822	2				1557.820908	95.92	VPTANVSVVDLTCR					
7	1			779.918384	1557.822	2				1557.820908	111.95	VPTANVSVVDLTCR					
7	1			779.918384	1557.822	2				1557.820908	101.67	VPTANVSVVDLTCR					
7	1			547.982228	1640.925	3				1640.927399	20.2	LVINGNPITIFQER					
7	1			547.982244	1640.925	3				1640.927399	21.93	LVINGNPITIFQER					
7	1			597.951732	1790.833	3				1790.828812	38.61	LISWYDNEFGYSNR					
7	1			896.425027	1790.836	2				1790.828812	105.71	LISWYDNEFGYSNR					
7	1			896.425027	1790.836	2				1790.828812	87.33	LISWYDNEFGYSNR					
7	1			896.42537	1790.836	2				1790.828812	92.61	LISWYDNEFGYSNR					
7	1			896.425421	1790.836	2				1790.828812	103.63	LISWYDNEFGYSNR					
7	1			896.425421	1790.836	2				1790.828812	88.71	LISWYDNEFGYSNR					
7	1			896.425421	1790.836	2				1790.828812	99.41	LISWYDNEFGYSNR					
7	1			931.481069	1860.948	2				1860.946198	91.11	IISNASCTTNCLAPLAK	931.4811	933.4936	19	5.57	3.41
7	1			931.481069	1860.948	2				1860.946198	115.77	IISNASCTTNCLAPLAK					
7	1			931.481069	1860.948	2				1860.946198	111.24	IISNASCTTNCLAPLAK					
7	1			931.481069	1860.948	2				1860.946198	128.66	IISNASCTTNCLAPLAK					
7	1			945.496551	1888.979	2				1888.977509	127.9	IISNASCTTNCLAPLAK					



Band num	prot_hit_nu	prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy
7	1			945.496551	1888.979	2				1888.977509	126.09	IISNASCTTINCLAPLAK					
7	1			945.496586	1888.979	2				1888.977509	95.24	IISNASCTTINCLAPLAK					
7	1			945.496586	1888.979	2				1888.977509	104.46	IISNASCTTINCLAPLAK					
7	1			630.66716	1888.98	3				1888.977509	20.75	IISNASCTTINCLAPLAK					
7	1			747.721488	2240.143	3				2240.135727	72.8	VIISAPSADAPMFVMGVNHEK	747.7216	749.0633	24	6.1	3.93
7	1			747.721488	2240.143	3				2240.135727	73.68	VIISAPSADAPMFVMGVNHEK					
7	1			747.721629	2240.143	3				2240.135727	79.37	VIISAPSADAPMFVMGVNHEK					
7	1			747.721629	2240.143	3				2240.135727	107.42	VIISAPSADAPMFVMGVNHEK					
7	1			757.065414	2268.174	3				2268.167038	79.71	VIISAPSADAPMFVMGVNHEK					
7	1			757.065457	2268.175	3				2268.167038	67.69	VIISAPSADAPMFVMGVNHEK					
7	1			757.065457	2268.175	3				2268.167038	65.63	VIISAPSADAPMFVMGVNHEK					
7	1			757.06553	2268.175	3				2268.167038	94.14	VIISAPSADAPMFVMGVNHEK					
7	1			762.395043	2284.163	3				2284.161957	30.75	VIISAPSADAPMFVMGVNHEK					
7	1			762.395043	2284.163	3				2284.161957	41.88	VIISAPSADAPMFVMGVNHEK					
7	1			762.395077	2284.163	3				2284.161957	40.61	VIISAPSADAPMFVMGVNHEK					
7	1			762.395077	2284.163	3				2284.161957	50.57	VIISAPSADAPMFVMGVNHEK					
7	1			875.135142	2622.384	3				2622.386353	37.77	VIHDNFGIVEGLMTTVHAIATQK					
7	1			656.606033	2622.395	4				2622.386353	35.5	VIHDNFGIVEGLMTTVHAIATQK					
7	1			656.606033	2622.395	4				2622.386353	33.91	VIHDNFGIVEGLMTTVHAIATQK					
7	1			880.467841	2638.382	3				2638.381271	42.4	VIHDNFGIVEGLMTTVHAIATQK					
7	1			880.467841	2638.382	3				2638.381271	52.75	VIHDNFGIVEGLMTTVHAIATQK					
7	1			660.603263	2638.384	4				2638.381271	29.1	VIHDNFGIVEGLMTTVHAIATQK					
7	1			660.603268	2638.384	4				2638.381271	32.31	VIHDNFGIVEGLMTTVHAIATQK					
7	1			663.613215	2650.424	4				2650.417664	47.44	VIHDNFGIVEGLMTTVHAIATQK					
7	1			663.613215	2650.424	4				2650.417664	32.09	VIHDNFGIVEGLMTTVHAIATQK					
7	1			663.613637	2650.425	4				2650.417664	51.78	VIHDNFGIVEGLMTTVHAIATQK					
7	1			663.613637	2650.425	4				2650.417664	47.32	VIHDNFGIVEGLMTTVHAIATQK					
7	1			667.610086	2666.411	4				2666.412582	32.36	VIHDNFGIVEGLMTTVHAIATQK					
7	2	IPI00418169	annexin A2 isoform 1	439.237603	876.4607	2	2	3.22	0.18	876.465103	32.02	SEVDMLK					
7	2			532.282937	1062.551	2				1062.555649	26.72	WISIMTER					
7	2			532.282937	1062.551	2				1062.555649	24.63	WISIMTER					
7	2			557.761084	1113.508	2				1113.51152	43.46	AYTNFDAER					
7	2			557.761084	1113.508	2				1113.51152	48.7	AYTNFDAER					
7	2			557.761134	1113.508	2				1113.51152	47.36	AYTNFDAER					
7	2			570.294552	1138.575	2				1138.579544	42.32	QDI AFAYQR					
7	2			570.294552	1138.575	2				1138.579544	39.43	QDI AFAYQR					
7	2			572.333819	1142.653	2				1142.657135	64.35	DALNIETAIK					
7	2			572.333819	1142.653	2				1142.657135	64.97	DALNIETAIK					
7	2			625.816423	1249.618	2				1249.621475	47.62	TPAQYDASELK					
7	2			625.816423	1249.618	2				1249.621475	37.14	TPAQYDASELK					
7	2			625.816423	1249.618	2				1249.621475	48.66	TPAQYDASELK					
7	2			636.831269	1271.648	2				1271.649414	60.86	TNQLQEINR					
7	2			636.831269	1271.648	2				1271.649414	44.83	TNQLQEINR					
7	2			636.831269	1271.648	2				1271.649414	61.82	TNQLQEINR					
7	2			639.832419	1277.65	2				1277.652786	49.95	TPAQYDASELK					
7	2			639.832419	1277.65	2				1277.652786	57.7	TPAQYDASELK					
7	2			639.832419	1277.65	2				1277.652786	51.05	TPAQYDASELK					
7	2			725.366705	1448.719	2				1448.721191	73.82	SLYYYIQQDTK					
7	2			725.366705	1448.719	2				1448.721191	58.5	SLYYYIQQDTK					
7	2			739.38279	1476.751	2				1476.752502	76.68	SLYYYIQQDTK					
7	2			739.38279	1476.751	2				1476.752502	68.46	SLYYYIQQDTK					
7	2			739.382941	1476.751	2				1476.752502	76.49	SLYYYIQQDTK					
7	2			752.85509	1503.696	2				1503.693985	40.62	SYSPYDMLESIR					
7	2			752.85509	1503.696	2				1503.693985	40.92	SYSPYDMLESIR					
7	2			752.85509	1503.696	2				1503.693985	40.86	SYSPYDMLESIR					
7	2			785.943985	1569.873	2				1569.875031	103.71	GVDEVTIVNILTNR	785.944	787.9565	36.8	11.9	3.09
7	2			785.943985	1569.873	2				1569.875031	117.54	GVDEVTIVNILTNR					
7	2			785.943985	1569.873	2				1569.875031	109.07	GVDEVTIVNILTNR					
7	2			560.341223	1678.002	3				1678.00531	55.98	SALSGHLETVILGLLK					
7	2			560.341223	1678.002	3				1678.00531	76.79	SALSGHLETVILGLLK					
7	2			560.341223	1678.002	3				1678.00531	55.77	SALSGHLETVILGLLK					
7	2			840.011172	1678.008	2				1678.00531	57.62	SALSGHLETVILGLLK					
7	2			854.024763	1706.035	2				1706.036621	78.55	SALSGHLETVILGLLK					

Band num	prot_hit_nu	prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy
7	2			854.024763	1706.035	2				1706.036621	73.58	SALSGHLETVILGLLK					
7	2			854.024763	1706.035	2				1706.036621	51.29	SALSGHLETVILGLLK					
7	2			569.685613	1706.035	3				1706.036621	59.19	SALSGHLETVILGLLK					
7	2			569.685613	1706.035	3				1706.036621	61.34	SALSGHLETVILGLLK					
7	2			569.685613	1706.035	3				1706.036621	53.19	SALSGHLETVILGLLK					
7	2			569.687269	1706.04	3				1706.036621	60.58	SALSGHLETVILGLLK					
7	2			602.636744	1804.888	3				1804.890106	36.05	GLGTDEDSLIEIICSR					
7	2			602.636744	1804.888	3				1804.890106	32.3	GLGTDEDSLIEIICSR					
7	2			903.453228	1804.892	2				1804.890106	141.91	GLGTDEDSLIEIICSR					
7	2			903.453244	1804.892	2				1804.890106	136.83	GLGTDEDSLIEIICSR					
7	2			903.453244	1804.892	2				1804.890106	151.1	GLGTDEDSLIEIICSR					
7	2			903.453244	1804.892	2				1804.890106	150.98	GLGTDEDSLIEIICSR					
7	2			936.970473	1871.926	2				1871.928925	38.7	LSLEGDHSTPPSAYGSVK					
7	2			936.970473	1871.926	2				1871.928925	49.19	LSLEGDHSTPPSAYGSVK					
7	2			634.326011	1899.956	3				1899.960236	61.86	LSLEGDHSTPPSAYGSVK					
7	2			634.326011	1899.956	3				1899.960236	37.23	LSLEGDHSTPPSAYGSVK					
7	2			634.326011	1899.956	3				1899.960236	42.16	LSLEGDHSTPPSAYGSVK					
7	2			950.987461	1899.96	2				1899.960236	66.38	LSLEGDHSTPPSAYGSVK					
7	2			950.987461	1899.96	2				1899.960236	40.85	LSLEGDHSTPPSAYGSVK					
7	2			968.964191	1935.914	2				1935.908585	128.82	AEDGSVIDYELIDQDAR	968.9442	970.9768	8.29	2.48	3.34
7	2			968.964191	1935.914	2				1935.908585	128.29	AEDGSVIDYELIDQDAR					
7	2			968.964191	1935.914	2				1935.908585	129.84	AEDGSVIDYELIDQDAR					
7	2			698.343861	2092.01	3				2092.009689	54.35	RAEDGSVIDYELIDQDAR					
7	2			698.343861	2092.01	3				2092.009689	34.67	RAEDGSVIDYELIDQDAR					
7	2			698.343861	2092.01	3				2092.009689	57.99	RAEDGSVIDYELIDQDAR					
7	2			1047.01252	2092.01	2				2092.009689	67.84	RAEDGSVIDYELIDQDAR					
7	2			1047.01252	2092.01	2				2092.009689	73.09	RAEDGSVIDYELIDQDAR					
7	2			1047.01252	2092.01	2				2092.009689	80.18	RAEDGSVIDYELIDQDAR					
7	2			1047.01252	2092.01	2				2092.009689	80.04	RAEDGSVIDYELIDQDAR					
7	2	IPI00455315	Annexin A2	439.237603	876.4607	2	2	3.22	0.18	876.465103	32.02	SEVDMLK					
7	2			532.282937	1062.551	2				1062.555649	26.72	WISIMTER					
7	2			532.282937	1062.551	2				1062.555649	24.63	WISIMTER					
7	2			557.761084	1113.508	2				1113.51152	43.46	AYTNFDAER					
7	2			557.761084	1113.508	2				1113.51152	48.7	AYTNFDAER					
7	2			557.761134	1113.508	2				1113.51152	47.36	AYTNFDAER					
7	2			570.294552	1138.575	2				1138.579544	42.32	QDIAFAYQR					
7	2			570.294552	1138.575	2				1138.579544	39.43	QDIAFAYQR					
7	2			572.333819	1142.653	2				1142.657135	64.35	DALNIETAIK					
7	2			572.333819	1142.653	2				1142.657135	64.97	DALNIETAIK					
7	2			625.816423	1249.618	2				1249.621475	47.62	TPAQYDASELK					
7	2			625.816423	1249.618	2				1249.621475	37.14	TPAQYDASELK					
7	2			625.816423	1249.618	2				1249.621475	48.66	TPAQYDASELK					
7	2			636.831269	1271.648	2				1271.649414	60.86	TNQLQEINR					
7	2			636.831269	1271.648	2				1271.649414	44.83	TNQLQEINR					
7	2			636.831269	1271.648	2				1271.649414	61.82	TNQLQEINR					
7	2			639.832419	1277.65	2				1277.652786	49.95	TPAQYDASELK					
7	2			639.832419	1277.65	2				1277.652786	52.7	TPAQYDASELK					
7	2			639.832419	1277.65	2				1277.652786	51.05	TPAQYDASELK					
7	2			725.366705	1448.719	2				1448.721191	73.82	SLYYYIQQDTK					
7	2			725.366705	1448.719	2				1448.721191	58.5	SLYYYIQQDTK					
7	2			739.38279	1476.751	2				1476.752502	76.68	SLYYYIQQDTK					
7	2			739.38279	1476.751	2				1476.752502	68.46	SLYYYIQQDTK					
7	2			739.382941	1476.751	2				1476.752502	76.49	SLYYYIQQDTK					
7	2			752.85509	1503.696	2				1503.693985	40.62	SYPYDMLIESIR					
7	2			752.85509	1503.696	2				1503.693985	40.92	SYPYDMLIESIR					
7	2			752.85509	1503.696	2				1503.693985	40.86	SYPYDMLIESIR					
7	2			785.943985	1569.873	2				1569.875031	103.71	GVDEVTIVNILTNR					
7	2			785.943985	1569.873	2				1569.875031	117.54	GVDEVTIVNILTNR					
7	2			785.943985	1569.873	2				1569.875031	109.07	GVDEVTIVNILTNR					
7	2			560.341223	1678.002	3				1678.00531	55.98	SALSGHLETVILGLLK					
7	2			560.341223	1678.002	3				1678.00531	76.79	SALSGHLETVILGLLK					
7	2			560.341223	1678.002	3				1678.00531	55.77	SALSGHLETVILGLLK					
7	2			840.011172	1678.008	2				1678.00531	57.62	SALSGHLETVILGLLK					

Band num	prot_hit_nu	prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy
7	2			854.024763	1706.035	2				1706.036621	78.55	SALSGHLETVILGLLK					
7	2			854.024763	1706.035	2				1706.036621	73.58	SALSGHLETVILGLLK					
7	2			854.024763	1706.035	2				1706.036621	51.29	SALSGHLETVILGLLK					
7	2			569.685613	1706.035	3				1706.036621	59.19	SALSGHLETVILGLLK					
7	2			569.685613	1706.035	3				1706.036621	61.34	SALSGHLETVILGLLK					
7	2			569.685613	1706.035	3				1706.036621	53.19	SALSGHLETVILGLLK					
7	2			569.687269	1706.04	3				1706.036621	60.58	SALSGHLETVILGLLK					
7	2			602.636744	1804.888	3				1804.890106	36.05	GLGTDEDSLIEIICSR					
7	2			602.636744	1804.888	3				1804.890106	32.3	GLGTDEDSLIEIICSR					
7	2			903.453228	1804.892	2				1804.890106	141.91	GLGTDEDSLIEIICSR					
7	2			903.453244	1804.892	2				1804.890106	136.83	GLGTDEDSLIEIICSR					
7	2			903.453244	1804.892	2				1804.890106	151.1	GLGTDEDSLIEIICSR					
7	2			903.453244	1804.892	2				1804.890106	150.98	GLGTDEDSLIEIICSR					
7	2			936.970473	1871.926	2				1871.928925	38.7	LSLEGDHSTPPSAYGSVK					
7	2			936.970473	1871.926	2				1871.928925	49.19	LSLEGDHSTPPSAYGSVK					
7	2			634.326011	1899.956	3				1899.960236	61.86	LSLEGDHSTPPSAYGSVK					
7	2			634.326011	1899.956	3				1899.960236	37.23	LSLEGDHSTPPSAYGSVK					
7	2			634.326011	1899.956	3				1899.960236	42.16	LSLEGDHSTPPSAYGSVK					
7	2			950.987461	1899.96	2				1899.960236	66.38	LSLEGDHSTPPSAYGSVK					
7	2			950.987461	1899.96	2				1899.960236	40.85	LSLEGDHSTPPSAYGSVK					
7	2			968.964191	1935.914	2				1935.908585	128.82	AEDGVIDYELIDQDAR					
7	2			968.964191	1935.914	2				1935.908585	128.29	AEDGVIDYELIDQDAR					
7	2			968.964191	1935.914	2				1935.908585	129.84	AEDGVIDYELIDQDAR					
7	2			698.343861	2092.01	3				2092.009689	54.35	RAEDGVIDYELIDQDAR					
7	2			698.343861	2092.01	3				2092.009689	34.67	RAEDGVIDYELIDQDAR					
7	2			698.343861	2092.01	3				2092.009689	57.99	RAEDGVIDYELIDQDAR					
7	2			1047.01252	2092.01	2				2092.009689	67.84	RAEDGVIDYELIDQDAR					
7	2			1047.01252	2092.01	2				2092.009689	73.09	RAEDGVIDYELIDQDAR					
7	2			1047.01252	2092.01	2				2092.009689	80.18	RAEDGVIDYELIDQDAR					
7	2			1047.01252	2092.01	2				2092.009689	80.04	RAEDGVIDYELIDQDAR					
7	3	IPI00021439	Actin, cytoplasmic 1	336.70552	671.3965	2	2	2.10	0.67	671.399063	35.17	LDLAGR					
7	3			336.705623	671.3967	2				671.399063	25.29	LDLAGR					
7	3			336.735803	671.4571	2				671.460602	28.21	GILTLK					
7	3			350.751815	699.4891	2				699.491913	41.77	GILTLK					
7	3			350.751815	699.4891	2				699.491913	37.71	GILTLK					
7	3			412.255116	822.4957	2				822.498779	26.16	IIAPPER					
7	3			412.255116	822.4957	2				822.498779	29.61	IIAPPER					
7	3			412.255116	822.4957	2				822.498779	29.63	IIAPPER					
7	3			412.255126	822.4957	2				822.498779	29.54	IIAPPER					
7	3			412.255128	822.4957	2				822.498779	28.84	IIAPPER					
7	3			412.255223	822.4959	2				822.498779	28.92	IIAPPER					
7	3			412.255226	822.4959	2				822.498779	25.75	IIAPPER					
7	3			502.742677	1003.471	2				1003.474731	55.32	AGFAGDDAPR					
7	3			502.742678	1003.471	2				1003.474731	65.25	AGFAGDDAPR					
7	3			502.742943	1003.471	2				1003.474731	64.4	AGFAGDDAPR					
7	3			502.74314	1003.472	2				1003.474731	64.34	AGFAGDDAPR					
7	3			502.743307	1003.472	2				1003.474731	65.81	AGFAGDDAPR					
7	3			502.743388	1003.472	2				1003.474731	54.99	AGFAGDDAPR					
7	3			513.763453	1025.512	2				1025.512787	32.05	DLTDYLMK					
7	3			513.763453	1025.512	2				1025.512787	34.04	DLTDYLMK					
7	3			521.758892	1041.503	2				1041.507706	34.55	DLTDYLMK					
7	3			527.779134	1053.544	2				1053.544098	49.46	DLTDYLMK					
7	3			527.779139	1053.544	2				1053.544098	54.58	DLTDYLMK					
7	3			527.779139	1053.544	2				1053.544098	53.34	DLTDYLMK					
7	3			535.774983	1069.535	2				1069.539017	50.51	DLTDYLMK					
7	3			580.781385	1159.548	2				1159.553391	54.99	GYSFTTTAER					
7	3			580.781386	1159.548	2				1159.553391	62.99	GYSFTTTAER					
7	3			580.781386	1159.548	2				1159.553391	65.39	GYSFTTTAER					
7	3			595.327527	1188.641	2				1188.644852	50.76	EITALAPSTMK					
7	3			595.327528	1188.641	2				1188.644852	51.73	EITALAPSTMK					
7	3			595.327528	1188.641	2				1188.644852	55.8	EITALAPSTMK					
7	3			600.305442	1198.596	2				1198.597488	56.36	HQGVVMVGMGQK					
7	3			600.305442	1198.596	2				1198.597488	52.82	HQGVVMVGMGQK					

Band num	prot_hit_nu	prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy
7	3			603.325025	1204.635	2				1204.639771	34.31	EITALAPSTMK					
7	3			603.325025	1204.635	2				1204.639771	38.83	EITALAPSTMK					
7	3			603.325025	1204.635	2				1204.639771	36.58	EITALAPSTMK					
7	3			609.343776	1216.673	2				1216.676163	46.72	EITALAPSTMK					
7	3			609.343776	1216.673	2				1216.676163	58.53	EITALAPSTMK					
7	3			609.343776	1216.673	2				1216.676163	43.98	EITALAPSTMK					
7	3			609.343778	1216.673	2				1216.676163	34.54	EITALAPSTMK					
7	3			613.87198	1225.729	2				1225.731934	63.02	AVFPSIVGRPR					
7	3			613.872039	1225.73	2				1225.731934	41.57	AVFPSIVGRPR					
7	3			409.583952	1225.73	3				1225.731934	39.46	AVFPSIVGRPR					
7	3			409.583967	1225.73	3				1225.731934	43.03	AVFPSIVGRPR					
7	3			409.583993	1225.73	3				1225.731934	42.38	AVFPSIVGRPR					
7	3			409.882652	1226.626	3				1226.628799	20.73	HQGVMMVGMGQK					
7	3			614.320375	1226.626	2				1226.628799	40.93	HQGVMMVGMGQK					
7	3			614.320375	1226.626	2				1226.628799	46.43	HQGVMMVGMGQK					
7	3			614.320505	1226.626	2				1226.628799	44.17	HQGVMMVGMGQK					
7	3			409.882849	1226.627	3				1226.628799	34.26	HQGVMMVGMGQK					
7	3			617.340293	1232.666	2				1232.671082	46.93	EITALAPSTMK					
7	3			617.340293	1232.666	2				1232.671082	47.14	EITALAPSTMK					
7	3			627.796391	1253.578	2				1253.580002	42.75	DSYVGDEAQS					
7	3			515.263324	1542.768	3				1542.77562	40.5	IWHHTFYNELR					
7	3			515.263324	1542.768	3				1542.77562	31.76	IWHHTFYNELR					
7	3			515.263384	1542.768	3				1542.77562	44.54	IWHHTFYNELR					
7	3			515.582213	1543.725	3				1543.729111	50.33	QEYDESGPSIVHR					
7	3			515.582391	1543.725	3				1543.729111	58.75	QEYDESGPSIVHR					
7	3			515.582391	1543.725	3				1543.729111	74.4	QEYDESGPSIVHR					
7	3			515.582391	1543.725	3				1543.729111	62.31	QEYDESGPSIVHR					
7	3			772.872205	1543.73	2				1543.729111	73.34	QEYDESGPSIVHR	772.8722	774.8848	28.1	10.9	2.58
7	3			772.872205	1543.73	2				1543.729111	84.2	QEYDESGPSIVHR					
7	3			772.872428	1543.73	2				1543.729111	82.2	QEYDESGPSIVHR					
7	3			909.970386	1817.926	2				1817.91835	100.15	SYELPDGQVITIGNER	909.9704	911.9829	109	67.1	1.62
7	3			909.970386	1817.926	2				1817.91835	123.45	SYELPDGQVITIGNER					
7	3			909.970386	1817.926	2				1817.91835	123.92	SYELPDGQVITIGNER					
7	3			909.970386	1817.926	2				1817.91835	104.25	SYELPDGQVITIGNER					
7	3			909.970415	1817.926	2				1817.91835	50.48	SYELPDGQVITIGNER					
7	3			991.553697	1981.093	2				1981.090836	83	VAPEEHPVLLTEAPLNPK					
7	3			661.371916	1981.094	3				1981.090836	34.57	VAPEEHPVLLTEAPLNPK					
7	3			661.372407	1981.095	3				1981.090836	75.06	VAPEEHPVLLTEAPLNPK					
7	3			661.372407	1981.095	3				1981.090836	71.78	VAPEEHPVLLTEAPLNPK					
7	3			661.372407	1981.095	3				1981.090836	59.74	VAPEEHPVLLTEAPLNPK					
7	3			661.37244	1981.095	3				1981.090836	63.32	VAPEEHPVLLTEAPLNPK					
7	3			670.714454	2009.122	3				2009.122147	32.18	VAPEEHPVLLTEAPLNPK					
7	3			670.715054	2009.123	3				2009.122147	48.91	VAPEEHPVLLTEAPLNPK					
7	3			670.715065	2009.123	3				2009.122147	44.99	VAPEEHPVLLTEAPLNPK					
7	3			670.715065	2009.123	3				2009.122147	47.99	VAPEEHPVLLTEAPLNPK					
7	3			670.715065	2009.123	3				2009.122147	48.75	VAPEEHPVLLTEAPLNPK					
7	3			1005.56954	2009.125	2				2009.122147	53.82	VAPEEHPVLLTEAPLNPK					
7	3			800.415818	2398.226	3				2398.222656	33.22	KDLYANTVLSGGTTMYPGIADR					
7	3			805.746996	2414.219	3				2414.217575	20.93	KDLYANTVLSGGTTMYPGIADR					
7	3			805.746996	2414.219	3				2414.217575	20.45	KDLYANTVLSGGTTMYPGIADR					
7	3			803.671158	3210.656	4				3210.640717	46.12	TTGIVMDSGDGVTHTVPIYEGYALPHAILR					
7	3			803.671158	3210.656	4				3210.640717	57.59	TTGIVMDSGDGVTHTVPIYEGYALPHAILR					
7	3			803.671158	3210.656	4				3210.640717	60.19	TTGIVMDSGDGVTHTVPIYEGYALPHAILR					
7	3			803.671158	3210.656	4				3210.640717	60.21	TTGIVMDSGDGVTHTVPIYEGYALPHAILR					
7	3			803.671324	3210.656	4				3210.640717	61.03	TTGIVMDSGDGVTHTVPIYEGYALPHAILR					
7	3			803.671324	3210.656	4				3210.640717	61.55	TTGIVMDSGDGVTHTVPIYEGYALPHAILR					
7	3			803.671324	3210.656	4				3210.640717	65.26	TTGIVMDSGDGVTHTVPIYEGYALPHAILR					
7	3			803.671324	3210.656	4				3210.640717	52.04	TTGIVMDSGDGVTHTVPIYEGYALPHAILR					
7	3	IPI00021440	Actin, cytoplasmic 2	336.70552	671.3965	2	2	2.10	0.67	671.399063	35.17	LDLAGR					
7	3			336.705623	671.3967	2				671.399063	25.29	LDLAGR					
7	3			336.735803	671.4571	2				671.460602	28.21	GILTLK					
7	3			350.751815	699.4891	2				699.491913	41.77	GILTLK					
7	3			350.751815	699.4891	2				699.491913	37.71	GILTLK					

Band num	prot_hit	nu	prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy
7	3				412.255116	822.4957	2		822.498779		822.498779	26.16	IIAPPER					
7	3				412.255116	822.4957	2		822.498779		822.498779	29.61	IIAPPER					
7	3				412.255116	822.4957	2		822.498779		822.498779	29.63	IIAPPER					
7	3				412.255126	822.4957	2		822.498779		822.498779	29.54	IIAPPER					
7	3				412.255128	822.4957	2		822.498779		822.498779	28.84	IIAPPER					
7	3				412.255223	822.4959	2		822.498779		822.498779	28.92	IIAPPER					
7	3				412.255226	822.4959	2		822.498779		822.498779	25.75	IIAPPER					
7	3				502.742677	1003.471	2		1003.474731		1003.474731	55.32	AGFAGDDAPR					
7	3				502.742678	1003.471	2		1003.474731		1003.474731	65.25	AGFAGDDAPR					
7	3				502.742943	1003.471	2		1003.474731		1003.474731	64.4	AGFAGDDAPR					
7	3				502.74314	1003.472	2		1003.474731		1003.474731	64.34	AGFAGDDAPR					
7	3				502.743307	1003.472	2		1003.474731		1003.474731	65.81	AGFAGDDAPR					
7	3				502.743388	1003.472	2		1003.474731		1003.474731	54.99	AGFAGDDAPR					
7	3				513.763453	1025.512	2		1025.512787		1025.512787	32.05	DLTDYLMK					
7	3				513.763453	1025.512	2		1025.512787		1025.512787	34.04	DLTDYLMK					
7	3				521.758892	1041.503	2		1041.507706		1041.507706	34.55	DLTDYLMK					
7	3				527.779134	1053.544	2		1053.544098		1053.544098	49.46	DLTDYLMK					
7	3				527.779139	1053.544	2		1053.544098		1053.544098	54.58	DLTDYLMK					
7	3				527.779139	1053.544	2		1053.544098		1053.544098	53.34	DLTDYLMK					
7	3				535.774983	1069.535	2		1069.539017		1069.539017	50.51	DLTDYLMK					
7	3				580.781385	1159.548	2		1159.553391		1159.553391	54.99	GYSFTTTAER					
7	3				580.781386	1159.548	2		1159.553391		1159.553391	62.99	GYSFTTTAER					
7	3				580.781386	1159.548	2		1159.553391		1159.553391	65.39	GYSFTTTAER					
7	3				595.327527	1188.641	2		1188.644852		1188.644852	50.76	EITALAPSTMK					
7	3				595.327528	1188.641	2		1188.644852		1188.644852	51.73	EITALAPSTMK					
7	3				595.327528	1188.641	2		1188.644852		1188.644852	55.8	EITALAPSTMK					
7	3				600.305442	1198.596	2		1198.597488		1198.597488	56.36	HQGVMMVGMGQK					
7	3				600.305442	1198.596	2		1198.597488		1198.597488	52.82	HQGVMMVGMGQK					
7	3				603.325025	1204.635	2		1204.639771		1204.639771	34.31	EITALAPSTMK					
7	3				603.325025	1204.635	2		1204.639771		1204.639771	38.83	EITALAPSTMK					
7	3				603.325025	1204.635	2		1204.639771		1204.639771	36.58	EITALAPSTMK					
7	3				609.343776	1216.673	2		1216.676163		1216.676163	46.72	EITALAPSTMK					
7	3				609.343776	1216.673	2		1216.676163		1216.676163	58.53	EITALAPSTMK					
7	3				609.343776	1216.673	2		1216.676163		1216.676163	43.98	EITALAPSTMK					
7	3				609.343778	1216.673	2		1216.676163		1216.676163	34.54	EITALAPSTMK					
7	3				613.87198	1225.729	2		1225.731934		1225.731934	63.02	AVFPSIVGRPR					
7	3				613.872039	1225.73	2		1225.731934		1225.731934	41.57	AVFPSIVGRPR					
7	3				409.583952	1225.73	3		1225.731934		1225.731934	39.46	AVFPSIVGRPR					
7	3				409.583967	1225.73	3		1225.731934		1225.731934	43.03	AVFPSIVGRPR					
7	3				409.583993	1225.73	3		1225.731934		1225.731934	42.38	AVFPSIVGRPR					
7	3				409.882652	1226.626	3		1226.628799		1226.628799	20.73	HQGVMMVGMGQK					
7	3				614.320375	1226.626	2		1226.628799		1226.628799	40.93	HQGVMMVGMGQK					
7	3				614.320375	1226.626	2		1226.628799		1226.628799	46.43	HQGVMMVGMGQK					
7	3				614.320505	1226.626	2		1226.628799		1226.628799	44.17	HQGVMMVGMGQK					
7	3				409.882849	1226.627	3		1226.628799		1226.628799	34.26	HQGVMMVGMGQK					
7	3				617.340293	1232.666	2		1232.671082		1232.671082	46.93	EITALAPSTMK					
7	3				617.340293	1232.666	2		1232.671082		1232.671082	47.14	EITALAPSTMK					
7	3				627.796391	1253.578	2		1253.580002		1253.580002	42.75	DSYVGEAQSK					
7	3				515.263324	1542.768	3		1542.77562		1542.77562	40.5	IWHHTFYNELR					
7	3				515.263324	1542.768	3		1542.77562		1542.77562	31.76	IWHHTFYNELR					
7	3				515.263384	1542.768	3		1542.77562		1542.77562	44.54	IWHHTFYNELR					
7	3				515.582213	1543.725	3		1543.729111		1543.729111	50.33	QEYDESGPSIVHR					
7	3				515.582391	1543.725	3		1543.729111		1543.729111	58.75	QEYDESGPSIVHR					
7	3				515.582391	1543.725	3		1543.729111		1543.729111	74.4	QEYDESGPSIVHR					
7	3				515.582391	1543.725	3		1543.729111		1543.729111	62.31	QEYDESGPSIVHR					
7	3				772.872205	1543.73	2		1543.729111		1543.729111	73.34	QEYDESGPSIVHR					
7	3				772.872205	1543.73	2		1543.729111		1543.729111	84.2	QEYDESGPSIVHR					
7	3				772.872428	1543.73	2		1543.729111		1543.729111	82.2	QEYDESGPSIVHR					
7	3				909.970386	1817.926	2		1817.91835		1817.91835	100.15	SYELPDGQVITIGNER					
7	3				909.970386	1817.926	2		1817.91835		1817.91835	123.45	SYELPDGQVITIGNER					
7	3				909.970386	1817.926	2		1817.91835		1817.91835	123.92	SYELPDGQVITIGNER					
7	3				909.970386	1817.926	2		1817.91835		1817.91835	104.25	SYELPDGQVITIGNER					
7	3				909.970415	1817.926	2		1817.91835		1817.91835	50.48	SYELPDGQVITIGNER					

Band num	prot_hit_nu	prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy	
7	3			991.553697	1981.093	2				1981.090836	83	VAPEEHPVLLTEAPLNPK						
7	3			661.371916	1981.094	3				1981.090836	34.57	VAPEEHPVLLTEAPLNPK						
7	3			661.372407	1981.095	3				1981.090836	75.06	VAPEEHPVLLTEAPLNPK						
7	3			661.372407	1981.095	3				1981.090836	71.78	VAPEEHPVLLTEAPLNPK						
7	3			661.372407	1981.095	3				1981.090836	59.74	VAPEEHPVLLTEAPLNPK						
7	3			661.37244	1981.095	3				1981.090836	63.32	VAPEEHPVLLTEAPLNPK						
7	3			670.714454	2009.122	3				2009.122147	32.18	VAPEEHPVLLTEAPLNPK						
7	3			670.715054	2009.123	3				2009.122147	48.91	VAPEEHPVLLTEAPLNPK						
7	3			670.715065	2009.123	3				2009.122147	44.99	VAPEEHPVLLTEAPLNPK						
7	3			670.715065	2009.123	3				2009.122147	47.99	VAPEEHPVLLTEAPLNPK						
7	3			670.715065	2009.123	3				2009.122147	48.75	VAPEEHPVLLTEAPLNPK						
7	3			1005.56954	2009.125	2				2009.122147	53.82	VAPEEHPVLLTEAPLNPK						
7	3			800.415818	2398.226	3				2398.222656	33.22	KDLYANTVLSGGTTMYPGIADR						
7	3			805.746996	2414.219	3				2414.217575	20.93	KDLYANTVLSGGTTMYPGIADR						
7	3			805.746996	2414.219	3				2414.217575	20.45	KDLYANTVLSGGTTMYPGIADR						
7	3			803.671158	3210.656	4				3210.640717	46.12	TTGIVMDSGDGVHTTVPIYEGYALPHAILR						
7	3			803.671158	3210.656	4				3210.640717	57.59	TTGIVMDSGDGVHTTVPIYEGYALPHAILR						
7	3			803.671158	3210.656	4				3210.640717	60.19	TTGIVMDSGDGVHTTVPIYEGYALPHAILR						
7	3			803.671158	3210.656	4				3210.640717	60.21	TTGIVMDSGDGVHTTVPIYEGYALPHAILR						
7	3			803.671324	3210.656	4				3210.640717	61.03	TTGIVMDSGDGVHTTVPIYEGYALPHAILR						
7	3			803.671324	3210.656	4				3210.640717	61.55	TTGIVMDSGDGVHTTVPIYEGYALPHAILR						
7	3			803.671324	3210.656	4				3210.640717	65.26	TTGIVMDSGDGVHTTVPIYEGYALPHAILR						
7	3			803.671324	3210.656	4				3210.640717	52.04	TTGIVMDSGDGVHTTVPIYEGYALPHAILR						
7	4	IPI00021263	14-3-3 protein zeta/delta	468.280323	934.5461	2	2	3.64	0.69	934.551193	33.66	NLLSVAYK						
7	4			482.2962	962.5778	2				962.582504	25.14	NLLSVAYK						
7	4			482.2962	962.5778	2				962.582504	25.76	NLLSVAYK						
7	4			568.79811	1135.582	2				1135.583267	59.07	EMQPTHPIR						
7	4			568.798476	1135.582	2				1135.583267	45.95	EMQPTHPIR						
7	4			379.535145	1135.584	3				1135.583267	38.54	EMQPTHPIR						
7	4			379.535507	1135.585	3				1135.583267	35.48	EMQPTHPIR						
7	4			609.350927	1216.687	2				1216.687393	80.79	DSTLIMQLLR						
7	4			609.350927	1216.687	2				1216.687393	75.96	DSTLIMQLLR						
7	4			609.351507	1216.688	2				1216.687393	80.5	DSTLIMQLLR						
7	4			609.351507	1216.688	2				1216.687393	85.72	DSTLIMQLLR						
7	4			609.3516	1216.689	2				1216.687393	88.41	DSTLIMQLLR						
7	4			609.351771	1216.689	2				1216.687393	88.55	DSTLIMQLLR						
7	4			617.348426	1232.682	2				1232.682312	74.9	DSTLIMQLLR						
7	4			617.348426	1232.682	2				1232.682312	77.05	DSTLIMQLLR						
7	4			617.348487	1232.682	2				1232.682312	74.53	DSTLIMQLLR						
7	4			617.348563	1232.683	2				1232.682312	77.13	DSTLIMQLLR						
7	4			617.348563	1232.683	2				1232.682312	59.79	DSTLIMQLLR						
7	4			617.348563	1232.683	2				1232.682312	33.56	DSTLIMQLLR						
7	4			617.348563	1232.683	2				1232.682312	74.86	DSTLIMQLLR						
7	4			617.348563	1232.683	2				1232.682312	70.49	DSTLIMQLLR						
7	4			680.876948	1359.739	2				1359.742249	38.09	FLIPNASQAESK						
7	4			680.876948	1359.739	2				1359.742249	38.96	FLIPNASQAESK						
7	4			723.882542	1445.751	2				1445.746017	59.26	DICNDVLSLLEK						
7	4			723.883496	1445.752	2				1445.746017	81.61	DICNDVLSLLEK						
7	4			723.883496	1445.752	2				1445.746017	69.38	DICNDVLSLLEK						
7	4			723.883881	1445.753	2				1445.746017	41.78	DICNDVLSLLEK						
7	4			737.896402	1473.778	2				1473.777328	74.72	DICNDVLSLLEK						
7	4			737.896402	1473.778	2				1473.777328	77.74	DICNDVLSLLEK						
7	4			737.896402	1473.778	2				1473.777328	69.17	DICNDVLSLLEK						
7	4			737.896732	1473.779	2				1473.777328	70.48	DICNDVLSLLEK						
7	4			788.876602	1575.739	2				1575.740051	111.55	SVTEQGAELSNEER	788.8768	790.8894	35	11.1	3.15	
7	4			788.876602	1575.739	2				1575.740051	120	SVTEQGAELSNEER						
7	4			788.876837	1575.739	2				1575.740051	131.78	SVTEQGAELSNEER						
7	4			1035.01763	2068.021	2				2068.013702	103.86	GIVDQSQQAYQEAFAEISK						
7	4			1035.01763	2068.021	2				2068.013702	129.19	GIVDQSQQAYQEAFAEISK						
7	4			1035.01763	2068.021	2				2068.013702	121.67	GIVDQSQQAYQEAFAEISK						
7	4			1049.0326	2096.051	2				2096.045013	149.3	GIVDQSQQAYQEAFAEISK	1049.033	1051.045	5.32	1.29	4.12	
7	4			1049.0326	2096.051	2				2096.045013	130.74	GIVDQSQQAYQEAFAEISK						
7	4			1049.0326	2096.051	2				2096.045013	141.89	GIVDQSQQAYQEAFAEISK						

Band num	prot_hit_nu	prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy	
7	4			730.022844	2187.047	3				2187.0495	22.81	TAFDEAIAELDTLSEESYK						
7	4			730.022844	2187.047	3				2187.0495	20.6	TAFDEAIAELDTLSEESYK						
7	5	IPI00217966	lactate dehydrogenase A	385.748116	769.4817	2	3	2.85	0.50	769.483459	28.5	LNLVQR						
7	5			385.748116	769.4817	2					769.483459	33	LNLVQR					
7	5			385.748116	769.4817	2					769.483459	32.92	LNLVQR					
7	5			398.704607	795.3947	2					795.397339	24.31	YLMGER					
7	5			398.70461	795.3947	2					795.397339	21.6	YLMGER					
7	5			471.309814	940.6051	2					940.609375	37.6	LVIITAGAR					
7	5			471.309814	940.6051	2					940.609375	43.59	LVIITAGAR					
7	5			471.309839	940.6051	2					940.609375	46.3	LVIITAGAR					
7	5			479.310084	956.6056	2					956.608307	40.28	FIIPNVVK					
7	5			493.325416	984.6363	2					984.639618	24.48	FIIPNVVK					
7	5			347.203386	1038.588	3					1038.592026	21.75	VHPVSTMIK					
7	5			361.87926	1082.616	3					1082.618256	32.97	VHPVSTMIK					
7	5			573.810737	1145.607	2					1145.610519	52.28	SADTLWGIQK	581.8007	583.8132	117	51.5	2.27
7	5			581.800683	1161.587	2					1161.590164	57.25	VTLTSEEEAR					
7	5			581.800684	1161.587	2					1161.590164	61.22	VTLTSEEEAR					
7	5			581.800684	1161.587	2					1161.590164	78.12	VTLTSEEEAR					
7	5			581.800686	1161.587	2					1161.590164	54.01	VTLTSEEEAR					
7	5			587.827031	1173.64	2					1173.64183	56.29	SADTLWGIQK					
7	5			587.827031	1173.64	2					1173.64183	69.03	SADTLWGIQK					
7	5			588.355137	1174.696	2					1174.698608	41.31	DQLIYNLLK					
7	5			588.355137	1174.696	2					1174.698608	39.99	DQLIYNLLK					
7	5			588.355137	1174.696	2					1174.698608	41.38	DQLIYNLLK					
7	5			588.355137	1174.696	2					1174.698608	44.72	DQLIYNLLK					
7	5			408.58103	1222.721	3					1222.724442	37.46	RVHPVSTMIK					
7	5			638.820437	1275.626	2					1275.626556	45.99	VIGSGCNLDSAR					
7	5			638.820437	1275.626	2					1275.626556	56.44	VIGSGCNLDSAR					
7	5			638.820441	1275.626	2					1275.626556	49.74	VIGSGCNLDSAR					
7	5		638.820444	1275.626	2					1275.626556	43.6	VIGSGCNLDSAR						
7	5		646.858519	1291.702	2					1291.704773	55.34	QVVESAYEVIK						
7	5		646.858519	1291.702	2					1291.704773	50.47	QVVESAYEVIK						
7	5		660.874609	1319.735	2					1319.736084	57.45	QVVESAYEVIK						
7	5		660.874609	1319.735	2					1319.736084	58.29	QVVESAYEVIK						
7	5		660.874609	1319.735	2					1319.736084	60.25	QVVESAYEVIK						
7	5		554.61062	1660.81	3					1660.808945	53.93	GEMMDLQHGSLFLR	554.6106	555.9523	13.1	4.15	3.16	
7	5		554.61062	1660.81	3					1660.808945	70.13	GEMMDLQHGSLFLR						
7	5		554.610655	1660.81	3					1660.808945	52.38	GEMMDLQHGSLFLR						
7	5		831.413825	1660.813	2					1660.808945	57.35	GEMMDLQHGSLFLR						
7	5		831.413825	1660.813	2					1660.808945	63.55	GEMMDLQHGSLFLR						
7	5		831.413825	1660.813	2					1660.808945	54.79	GEMMDLQHGSLFLR						
7	5		839.410342	1676.806	2					1676.803864	21.29	GEMMDLQHGSLFLR						
7	5		562.632685	1684.876	3					1684.879517	24.2	DLADELALVDVIEDK						
7	5		843.448366	1684.882	2					1684.879517	118.55	DLADELALVDVIEDK	843.4484	845.4609	29.9	9.62	3.11	
7	5		843.448366	1684.882	2					1684.879517	138.21	DLADELALVDVIEDK						
7	5		843.448366	1684.882	2					1684.879517	115.04	DLADELALVDVIEDK						
7	5		571.976543	1712.908	3					1712.910828	57.6	DLADELALVDVIEDK						
7	5		571.976543	1712.908	3					1712.910828	34.89	DLADELALVDVIEDK						
7	5		571.976626	1712.908	3					1712.910828	41.43	DLADELALVDVIEDK						
7	5		857.4623	1712.91	2					1712.910828	118.61	DLADELALVDVIEDK						
7	5		857.4623	1712.91	2					1712.910828	109.29	DLADELALVDVIEDK						
7	5		857.4623	1712.91	2					1712.910828	129.49	DLADELALVDVIEDK						
7	5		857.4623	1712.91	2					1712.910828	112.03	DLADELALVDVIEDK						
7	5		643.027358	1926.06	3					1926.058533	30.02	DLADELALVDVIEDKLK						
7	5		652.372299	1954.095	3					1954.089844	34.07	DLADELALVDVIEDKLK						
7	5		652.372299	1954.095	3					1954.089844	31.42	DLADELALVDVIEDKLK						
7	5		652.372299	1954.095	3					1954.089844	51.69	DLADELALVDVIEDKLK						
7	5		661.71605	1982.126	3					1982.121155	37.54	DLADELALVDVIEDKLK						
7	5		661.71605	1982.126	3					1982.121155	49.49	DLADELALVDVIEDKLK						
7	5		661.716947	1982.129	3					1982.121155	58.15	DLADELALVDVIEDKLK						
7	6	IPI00465439	Fructose-bisphosphate ald	320.723756	639.433	2	2	2.41	0.30	639.434387	23.95	IVAPGK						
7	6			410.270323	818.5261	2					818.529007	25.64	VLAAYYK					
7	6			429.275369	856.5362	2					856.540649	41.79	ALQASALK					

Band num	prot_hit	nu_prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy
7	7	6		429.275369	856.5362	2				856.540649	22.3	ALQASALK					
7	7	6		429.275369	856.5362	2				856.540649	47.72	ALQASALK					
7	7	6		484.761262	967.508	2				967.511139	51.32	ELSDIAHR					
7	7	6		484.761262	967.508	2				967.511139	47.02	ELSDIAHR					
7	7	6		323.510245	967.5089	3				967.511139	47.87	ELSDIAHR					
7	7	6		323.510329	967.5092	3				967.511139	51.09	ELSDIAHR					
7	7	6		536.80173	1071.589	2				1071.594879	54.5	QLLLTADDR					
7	7	6		536.801749	1071.589	2				1071.594879	56.81	QLLLTADDR					
7	7	6		536.801749	1071.589	2				1071.594879	49.39	QLLLTADDR					
7	7	6		580.807409	1159.6	2				1159.60437	61.85	ALANSLACQ GK					
7	7	6		580.807409	1159.6	2				1159.60437	70.66	ALANSLACQ GK					
7	7	6		594.822706	1187.631	2				1187.635681	57.62	ALANSLACQ GK					
7	7	6		680.87003	1359.726	2				1359.726974	101.54	GILAADESTGSI AK					
7	7	6		680.870052	1359.726	2				1359.726974	95.66	GILAADESTGSI AK					
7	7	6		680.870052	1359.726	2				1359.726974	97.92	GILAADESTGSI AK					
7	7	6		694.885282	1387.756	2				1387.758286	103.97	GILAADESTGSI AK					
7	7	6		694.885282	1387.756	2				1387.758286	97.38	GILAADESTGSI AK					
7	7	6		694.885282	1387.756	2				1387.758286	87.9	GILAADESTGSI AK					
7	7	6		558.950481	1673.83	3				1673.835693	37.4	LQSIGTENTEENRR					
7	7	6		558.950482	1673.83	3				1673.835693	34.32	LQSIGTENTEENRR					
7	7	6		558.95087	1673.831	3				1673.835693	36.57	LQSIGTENTEENRR					
7	7	6		558.950981	1673.831	3				1673.835693	39.03	LQSIGTENTEENRR					
7	7	6		837.925494	1673.836	2				1673.835693	48.92	LQSIGTENTEENRR					
7	7	6		837.925494	1673.836	2				1673.835693	55.88	LQSIGTENTEENRR					
7	7	6		852.443885	1702.873	2				1702.873657	60.39	FSHEEIAMATV TALR	852.4439	854.4564	3.39	1.29	2.63
7	7	6		852.443885	1702.873	2				1702.873657	66.07	FSHEEIAMATV TALR					
7	7	6		860.443131	1718.872	2				1718.868576	46.69	FSHEEIAMATV TALR					
7	7	6		860.443131	1718.872	2				1718.868576	54.55	FSHEEIAMATV TALR					
7	7	6		610.986106	1829.936	3				1829.936798	22.15	RLQSIGTENTEENRR					
7	7	6		610.986106	1829.936	3				1829.936798	22.86	RLQSIGTENTEENRR					
7	7	6		712.384111	2134.131	3				2134.122864	60.56	IGEHTPSALAIMENANVLAR					
7	7	6		712.384111	2134.131	3				2134.122864	60.06	IGEHTPSALAIMENANVLAR					
7	7	6		712.384199	2134.131	3				2134.122864	62.94	IGEHTPSALAIMENANVLAR					
7	7	6		1128.53431	2255.054	2				2255.051865	112.26	YTPSQGAGAAAASESLFVSNHAY	1128.534	1130.547	5.31	2.41	2.20
7	7	6		1128.53431	2255.054	2				2255.051865	130.38	YTPSQGAGAAAASESLFVSNHAY					
7	7	6		1128.53431	2255.054	2				2255.051865	149.55	YTPSQGAGAAAASESLFVSNHAY					
7	7	6		1150.5915	2299.168	2				2299.167953	87.3	GVVPLAGTNGETTTQGLDGLSER					
7	7	7	IPI00021428	Actin, alpha skeletal muscl	336.70552	671.3965	2	3	1.94	0.39	671.399063	35.17	LDLAGR				
7	7	7			336.705623	671.3967	2			671.399063	25.29	LDLAGR					
7	7	7			336.735803	671.4571	2			671.460602	28.21	GILTLK					
7	7	7			350.751815	699.4891	2			699.491913	41.77	GILTLK					
7	7	7			350.751815	699.4891	2			699.491913	37.71	GILTLK					
7	7	7			412.255116	822.4957	2			822.498779	26.16	IIAPPER					
7	7	7			412.255116	822.4957	2			822.498779	29.61	IIAPPER					
7	7	7			412.255116	822.4957	2			822.498779	29.63	IIAPPER					
7	7	7			412.255126	822.4957	2			822.498779	29.54	IIAPPER					
7	7	7			412.255128	822.4957	2			822.498779	28.84	IIAPPER					
7	7	7			412.255223	822.4959	2			822.498779	28.92	IIAPPER					
7	7	7			412.255226	822.4959	2			822.498779	25.75	IIAPPER					
7	7	7			502.742677	1003.471	2			1003.474731	55.32	AGFAGDDAPR					
7	7	7			502.742678	1003.471	2			1003.474731	65.25	AGFAGDDAPR	502.7446	504.7572	9.34	5.12	1.82
7	7	7			502.742943	1003.471	2			1003.474731	64.4	AGFAGDDAPR					
7	7	7			502.74314	1003.472	2			1003.474731	64.34	AGFAGDDAPR					
7	7	7			502.743307	1003.472	2			1003.474731	65.81	AGFAGDDAPR					
7	7	7			502.743388	1003.472	2			1003.474731	54.99	AGFAGDDAPR					
7	7	7			513.763453	1025.512	2			1025.512787	32.05	DLTDYLMK					
7	7	7			513.763453	1025.512	2			1025.512787	34.04	DLTDYLMK					
7	7	7			521.758892	1041.503	2			1041.507706	34.55	DLTDYLMK					
7	7	7			527.779134	1053.544	2			1053.544098	49.46	DLTDYLMK					
7	7	7			527.779139	1053.544	2			1053.544098	54.58	DLTDYLMK					
7	7	7			527.779139	1053.544	2			1053.544098	53.34	DLTDYLMK					
7	7	7			535.774983	1069.535	2			1069.539017	50.51	DLTDYLMK					
7	7	7			595.327527	1188.641	2			1188.644852	50.76	EITALAPSTMK					



Band num	prot_hit	nu_prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy
7	7			595.327528	1188.641	2				1188.644852	51.73	EITALAPSTMK					
7	7			595.327528	1188.641	2				1188.644852	55.8	EITALAPSTMK					
7	7			600.305442	1198.596	2				1198.597488	56.36	HQGVMMVGMGQK					
7	7			600.305442	1198.596	2				1198.597488	52.82	HQGVMMVGMGQK					
7	7			603.325025	1204.635	2				1204.639771	34.31	EITALAPSTMK					
7	7			603.325025	1204.635	2				1204.639771	38.83	EITALAPSTMK					
7	7			603.325025	1204.635	2				1204.639771	36.58	EITALAPSTMK					
7	7			609.343776	1216.673	2				1216.676163	46.72	EITALAPSTMK					
7	7			609.343776	1216.673	2				1216.676163	58.53	EITALAPSTMK					
7	7			609.343776	1216.673	2				1216.676163	43.98	EITALAPSTMK					
7	7			609.343778	1216.673	2				1216.676163	34.54	EITALAPSTMK					
7	7			613.87198	1225.729	2				1225.731934	63.02	AVFPSIVGRPR	613.8732	615.8858	4080000	1710000	2.39
7	7			613.872039	1225.73	2				1225.731934	41.57	AVFPSIVGRPR					
7	7			409.583952	1225.73	3				1225.731934	39.46	AVFPSIVGRPR					
7	7			409.583967	1225.73	3				1225.731934	43.03	AVFPSIVGRPR					
7	7			409.583993	1225.73	3				1225.731934	42.38	AVFPSIVGRPR					
7	7			409.882652	1226.626	3				1226.628799	20.73	HQGVMMVGMGQK					
7	7			614.320375	1226.626	2				1226.628799	40.93	HQGVMMVGMGQK					
7	7			614.320375	1226.626	2				1226.628799	46.43	HQGVMMVGMGQK					
7	7			614.320505	1226.626	2				1226.628799	44.17	HQGVMMVGMGQK					
7	7			409.882849	1226.627	3				1226.628799	34.26	HQGVMMVGMGQK					
7	7			617.340293	1232.666	2				1232.671082	46.93	EITALAPSTMK					
7	7			617.340293	1232.666	2				1232.671082	47.14	EITALAPSTMK					
7	7			627.796391	1253.578	2				1253.580002	42.75	DSYVGEAQS					
7	7			515.263324	1542.768	3				1542.77562	40.5	IWHHTFYNELR					
7	7			515.263324	1542.768	3				1542.77562	31.76	IWHHTFYNELR					
7	7			515.263384	1542.768	3				1542.77562	44.54	IWHHTFYNELR					
7	7			909.970386	1817.926	2				1817.91835	100.15	SYELPDGQVITIGNER					
7	7			909.970386	1817.926	2				1817.91835	123.45	SYELPDGQVITIGNER					
7	7			909.970386	1817.926	2				1817.91835	123.92	SYELPDGQVITIGNER					
7	7			909.970386	1817.926	2				1817.91835	104.25	SYELPDGQVITIGNER	909.9665	911.979	10900000	6710000	1.62
7	7			909.970415	1817.926	2				1817.91835	50.48	SYELPDGQVITIGNER					
7	7			663.652956	1987.937	3				1987.937393	26.68	YPIEHGIITNWDDMEK					
7	7			663.653017	1987.937	3				1987.937393	40.76	YPIEHGIITNWDDMEK					
7	7			663.653019	1987.937	3				1987.937393	22.45	YPIEHGIITNWDDMEK					
7	7			994.976836	1987.939	2				1987.937393	42.96	YPIEHGIITNWDDMEK					
7	7			994.976836	1987.939	2				1987.937393	29.26	YPIEHGIITNWDDMEK					
7	7			994.976998	1987.939	2				1987.937393	27.38	YPIEHGIITNWDDMEK					
7	7			672.996613	2015.968	3				2015.968704	21.91	YPIEHGIITNWDDMEK					
7	7	IPI00023006	Actin, alpha cardiac	1008.99309	2015.972	2	3	1.94	0.39	2015.968704	45.19	YPIEHGIITNWDDMEK					
7	7			336.70552	671.3967	2				671.399063	35.17	LDLAGR					
7	7			336.705623	671.3967	2				671.399063	25.29	LDLAGR					
7	7			336.735803	671.4571	2				671.460602	28.21	GILTLK					
7	7			350.751815	699.4891	2				699.491913	41.77	GILTLK					
7	7			350.751815	699.4891	2				699.491913	37.71	GILTLK					
7	7			412.255116	822.4957	2				822.498779	26.16	IIAPPER					
7	7			412.255116	822.4957	2				822.498779	29.61	IIAPPER					
7	7			412.255116	822.4957	2				822.498779	29.63	IIAPPER					
7	7			412.255126	822.4957	2				822.498779	29.54	IIAPPER					
7	7			412.255128	822.4957	2				822.498779	28.84	IIAPPER					
7	7			412.255223	822.4959	2				822.498779	28.92	IIAPPER					
7	7			412.255226	822.4959	2				822.498779	25.75	IIAPPER					
7	7			502.742677	1003.471	2				1003.474731	55.32	AGFAGDDAPR					
7	7			502.742678	1003.471	2				1003.474731	65.25	AGFAGDDAPR					
7	7			502.742943	1003.471	2				1003.474731	64.4	AGFAGDDAPR					
7	7			502.74314	1003.472	2				1003.474731	64.34	AGFAGDDAPR					
7	7			502.743307	1003.472	2				1003.474731	65.81	AGFAGDDAPR					
7	7			502.743388	1003.472	2				1003.474731	54.99	AGFAGDDAPR					
7	7			513.763453	1025.512	2				1025.512787	32.05	DLTDYLMK					
7	7			513.763453	1025.512	2				1025.512787	34.04	DLTDYLMK					
7	7			521.758892	1041.503	2				1041.507706	34.55	DLTDYLMK					
7	7			527.779134	1053.544	2				1053.544098	49.46	DLTDYLMK					
7	7			527.779139	1053.544	2				1053.544098	54.58	DLTDYLMK					

Band num	prot_hit	nu	prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy
7	7				527.779139	1053.544	2				1053.544098	53.34	DLTDYLMK					
7	7				535.774983	1069.535	2				1069.539017	50.51	DLTDYLMK					
7	7				595.327527	1188.641	2				1188.644852	50.76	EITALAPSTMK					
7	7				595.327528	1188.641	2				1188.644852	51.73	EITALAPSTMK					
7	7				595.327528	1188.641	2				1188.644852	55.8	EITALAPSTMK					
7	7				600.305442	1198.596	2				1198.597488	56.36	HQGVMMVGMGQK					
7	7				600.305442	1198.596	2				1198.597488	52.82	HQGVMMVGMGQK					
7	7				603.325025	1204.635	2				1204.639771	34.31	EITALAPSTMK					
7	7				603.325025	1204.635	2				1204.639771	38.83	EITALAPSTMK					
7	7				603.325025	1204.635	2				1204.639771	36.58	EITALAPSTMK					
7	7				609.343776	1216.673	2				1216.676163	46.72	EITALAPSTMK					
7	7				609.343776	1216.673	2				1216.676163	58.53	EITALAPSTMK					
7	7				609.343776	1216.673	2				1216.676163	43.98	EITALAPSTMK					
7	7				609.343778	1216.673	2				1216.676163	34.54	EITALAPSTMK					
7	7				613.87198	1225.729	2				1225.731934	63.02	AVFPSIVGRPR					
7	7				613.872039	1225.73	2				1225.731934	41.57	AVFPSIVGRPR					
7	7				409.583952	1225.73	3				1225.731934	39.46	AVFPSIVGRPR					
7	7				409.583967	1225.73	3				1225.731934	43.03	AVFPSIVGRPR					
7	7				409.583993	1225.73	3				1225.731934	42.38	AVFPSIVGRPR					
7	7				409.882652	1226.626	3				1226.628799	20.73	HQGVMMVGMGQK					
7	7				614.320375	1226.626	2				1226.628799	40.93	HQGVMMVGMGQK					
7	7				614.320375	1226.626	2				1226.628799	46.43	HQGVMMVGMGQK					
7	7				614.320505	1226.626	2				1226.628799	44.17	HQGVMMVGMGQK					
7	7				409.882849	1226.627	3				1226.628799	34.26	HQGVMMVGMGQK					
7	7				617.340293	1232.666	2				1232.671082	46.93	EITALAPSTMK					
7	7				617.340293	1232.666	2				1232.671082	47.14	EITALAPSTMK					
7	7				627.796391	1253.578	2				1253.580002	42.75	DSYVGDEAQS					
7	7				515.263324	1542.768	3				1542.77562	40.5	IWHHTFYNELR					
7	7				515.263324	1542.768	3				1542.77562	31.76	IWHHTFYNELR					
7	7				515.263384	1542.768	3				1542.77562	44.54	IWHHTFYNELR					
7	7				909.970386	1817.926	2				1817.91835	100.15	SYELPDGQVITIGNER					
7	7				909.970386	1817.926	2				1817.91835	123.45	SYELPDGQVITIGNER					
7	7				909.970386	1817.926	2				1817.91835	123.92	SYELPDGQVITIGNER					
7	7				909.970386	1817.926	2				1817.91835	104.25	SYELPDGQVITIGNER					
7	7				909.970415	1817.926	2				1817.91835	50.48	SYELPDGQVITIGNER					
7	7				663.652956	1987.937	3				1987.937393	26.68	YPIEHGIITNWDDMEK					
7	7				663.653017	1987.937	3				1987.937393	40.76	YPIEHGIITNWDDMEK					
7	7				663.653019	1987.937	3				1987.937393	22.45	YPIEHGIITNWDDMEK					
7	7				994.976836	1987.939	2				1987.937393	42.96	YPIEHGIITNWDDMEK					
7	7				994.976836	1987.939	2				1987.937393	29.26	YPIEHGIITNWDDMEK					
7	7				994.976998	1987.939	2				1987.937393	27.38	YPIEHGIITNWDDMEK					
7	7				672.996613	2015.968	3				2015.968704	21.91	YPIEHGIITNWDDMEK					
7	7				1008.99309	2015.972	2				2015.968704	45.19	YPIEHGIITNWDDMEK					
7	8	IPI00216318		tyrosine 3-monooxygenase	468.280323	934.5461	2	2	2.70	0.66	934.551193	33.66	NLLSVAYK					
7	8				480.292525	958.5705	2				958.572342	55.27	VISSIEQK					
7	8				480.292536	958.5705	2				958.572342	24.72	VISSIEQK					
7	8				482.2962	962.5778	2				962.582504	25.14	NLLSVAYK					
7	8				482.2962	962.5778	2				962.582504	25.76	NLLSVAYK					
7	8				568.79811	1135.582	2				1135.583267	59.07	EMQPTHPIR					
7	8				568.798476	1135.582	2				1135.583267	45.95	EMQPTHPIR					
7	8				379.535145	1135.584	3				1135.583267	38.54	EMQPTHPIR					
7	8				379.535507	1135.585	3				1135.583267	35.48	EMQPTHPIR					
7	8				609.350927	1216.687	2				1216.687393	80.79	DSTLIMQLLR					
7	8				609.350927	1216.687	2				1216.687393	75.96	DSTLIMQLLR					
7	8				609.351507	1216.688	2				1216.687393	80.5	DSTLIMQLLR					
7	8				609.351507	1216.688	2				1216.687393	85.72	DSTLIMQLLR					
7	8				609.3516	1216.689	2				1216.687393	88.41	DSTLIMQLLR					
7	8				609.351771	1216.689	2				1216.687393	88.55	DSTLIMQLLR					
7	8				617.348426	1232.682	2				1232.682312	74.9	DSTLIMQLLR					
7	8				617.348426	1232.682	2				1232.682312	77.05	DSTLIMQLLR					
7	8				617.348487	1232.682	2				1232.682312	74.53	DSTLIMQLLR					
7	8				617.348563	1232.683	2				1232.682312	77.13	DSTLIMQLLR					
7	8				617.348563	1232.683	2				1232.682312	59.79	DSTLIMQLLR					

Band num	prot_hit_nu	prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy
7	8			617.348563	1232.683	2				1232.682312	33.56	DSTLMQLLR					
7	8			617.348563	1232.683	2				1232.682312	74.86	DSTLMQLLR					
7	8			617.348563	1232.683	2				1232.682312	70.49	DSTLMQLLR					
7	8			619.817248	1237.62	2				1237.62146	27.14	YLSEVAGDKNK					
7	8			708.89147	1415.768	2				1415.768478	36.14	YLIPNATQPESK					
7	8			542.928096	1625.762	3				1625.766937	58.39	AVTEQGHELSNEER					
7	8			542.928232	1625.763	3				1625.766937	75.65	AVTEQGHELSNEER					
7	8			542.928514	1625.764	3				1625.766937	32.6	AVTEQGHELSNEER					
7	8			542.928514	1625.764	3				1625.766937	49.43	AVTEQGHELSNEER					
7	8			813.891113	1625.768	2				1625.766937	117.18	AVTEQGHELSNEER	813.8911	815.9037	13.5	6.04	2.24
7	8			813.891113	1625.768	2				1625.766937	106.86	AVTEQGHELSNEER					
7	8			813.891113	1625.768	2				1625.766937	114.14	AVTEQGHELSNEER					
7	8			813.891113	1625.768	2				1625.766937	114.12	AVTEQGHELSNEER					
7	8			1079.55347	2157.092	2				2157.08992	50.45	IEAELQDICNDVLELLDK	1079.553	1081.566	2.22	0.7	3.17
7	8			1079.55347	2157.092	2				2157.08992	65.62	IEAELQDICNDVLELLDK					
7	8	IPI00759832	Isoform Short of 14-3-3 prc	468.280323	934.5461	2	2	2.70	0.66	934.551193	33.66	NLLSVAYK					
7	8			480.292525	958.5705	2				958.572342	55.27	VISSIEQK					
7	8			480.292536	958.5705	2				958.572342	24.72	VISSIEQK					
7	8			482.2962	962.5778	2				962.582504	25.14	NLLSVAYK					
7	8			482.2962	962.5778	2				962.582504	25.76	NLLSVAYK					
7	8			568.79811	1135.582	2				1135.583267	59.07	EMQPTHPIR					
7	8			568.798476	1135.582	2				1135.583267	45.95	EMQPTHPIR					
7	8			379.535145	1135.584	3				1135.583267	38.54	EMQPTHPIR					
7	8			379.535507	1135.585	3				1135.583267	35.48	EMQPTHPIR					
7	8			609.350927	1216.687	2				1216.687393	80.79	DSTLMQLLR					
7	8			609.350927	1216.687	2				1216.687393	75.96	DSTLMQLLR					
7	8			609.351507	1216.688	2				1216.687393	80.5	DSTLMQLLR					
7	8			609.351507	1216.688	2				1216.687393	85.72	DSTLMQLLR					
7	8			609.3516	1216.689	2				1216.687393	88.41	DSTLMQLLR					
7	8			609.351771	1216.689	2				1216.687393	88.55	DSTLMQLLR					
7	8			617.348426	1232.682	2				1232.682312	74.9	DSTLMQLLR					
7	8			617.348426	1232.682	2				1232.682312	77.05	DSTLMQLLR					
7	8			617.348487	1232.682	2				1232.682312	74.53	DSTLMQLLR					
7	8			617.348563	1232.683	2				1232.682312	77.13	DSTLMQLLR					
7	8			617.348563	1232.683	2				1232.682312	59.79	DSTLMQLLR					
7	8			617.348563	1232.683	2				1232.682312	33.56	DSTLMQLLR					
7	8			617.348563	1232.683	2				1232.682312	74.86	DSTLMQLLR					
7	8			617.348563	1232.683	2				1232.682312	70.49	DSTLMQLLR					
7	8			619.817248	1237.62	2				1237.62146	27.14	YLSEVAGDKNK					
7	8			708.89147	1415.768	2				1415.768478	36.14	YLIPNATQPESK					
7	8			542.928096	1625.762	3				1625.766937	58.39	AVTEQGHELSNEER					
7	8			542.928232	1625.763	3				1625.766937	75.65	AVTEQGHELSNEER					
7	8			542.928514	1625.764	3				1625.766937	32.6	AVTEQGHELSNEER					
7	8			542.928514	1625.764	3				1625.766937	49.43	AVTEQGHELSNEER					
7	8			813.891113	1625.768	2				1625.766937	117.18	AVTEQGHELSNEER					
7	8			813.891113	1625.768	2				1625.766937	106.86	AVTEQGHELSNEER					
7	8			813.891113	1625.768	2				1625.766937	114.14	AVTEQGHELSNEER					
7	8			813.891113	1625.768	2				1625.766937	114.12	AVTEQGHELSNEER					
7	8			1079.55347	2157.092	2				2157.08992	50.45	IEAELQDICNDVLELLDK					
7	8			1079.55347	2157.092	2				2157.08992	65.62	IEAELQDICNDVLELLDK					
7	9	IPI00441498	Folate receptor alpha precu	472.247471	942.4804	2	3	2.66	1.06	942.483521	35.66	DVSYLYR					
7	9			472.247471	942.4804	2				942.483521	34.88	DVSYLYR					
7	9			472.247471	942.4804	2				942.483521	28.46	DVSYLYR					
7	9			485.790026	969.5655	2				969.570557	44.77	VLNVPLCK					
7	9			485.790027	969.5655	2				969.570557	47.17	VLNVPLCK					
7	9			485.790035	969.5655	2				969.570557	31.96	VLNVPLCK					
7	9			499.805606	997.5967	2				997.601868	47.81	VLNVPLCK					
7	9			499.805606	997.5967	2				997.601868	33.59	VLNVPLCK					
7	9			499.805606	997.5967	2				997.601868	47.81	VLNVPLCK					
7	9			660.836264	1319.658	2				1319.660172	35.94	TELLNVCMNAK					
7	9			660.836264	1319.658	2				1319.660172	49.09	TELLNVCMNAK					
7	9			660.836264	1319.658	2				1319.660172	49.75	TELLNVCMNAK					
7	9			674.852383	1347.69	2				1347.691483	63.46	TELLNVCMNAK					

Band num	prot_hit_nu	prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy	
7	9			674.852383	1347.69	2				1347.691483	65.31	TELLNVCMNAK						
7	9			674.852383	1347.69	2				1347.691483	45.45	TELLNVCMNAK						
7	9			674.852383	1347.69	2				1347.691483	59.45	TELLNVCMNAK						
7	9			820.810076	1639.606	2				1639.605606	68.84	EDCEQWWEDCR	820.8109	822.8235	53.7	22.7	2.37	
7	9			820.810076	1639.606	2				1639.605606	61.46	EDCEQWWEDCR						
7	9			820.810136	1639.606	2				1639.605606	58.29	EDCEQWWEDCR						
7	9			820.810262	1639.606	2				1639.605606	64.51	EDCEQWWEDCR						
7	9			820.810923	1639.607	2				1639.605606	69.65	EDCEQWWEDCR						
7	9			820.810923	1639.607	2				1639.605606	75.15	EDCEQWWEDCR						
7	9			820.810923	1639.607	2				1639.605606	82.18	EDCEQWWEDCR						
7	9			820.810923	1639.607	2				1639.605606	74.74	EDCEQWWEDCR						
7	9			875.370712	1748.727	2				1748.724579	79.65	FNWNHCGEMAPACK	875.3707	877.3833	2.95	0.77	3.83	
7	9			875.370712	1748.727	2				1748.724579	69.51	FNWNHCGEMAPACK						
7	9			875.370712	1748.727	2				1748.724579	64.06	FNWNHCGEMAPACK						
7	9			593.257607	1776.751	3				1776.75589	29.99	FNWNHCGEMAPACK						
7	9			593.257607	1776.751	3				1776.75589	25.8	FNWNHCGEMAPACK						
7	9			593.257607	1776.751	3				1776.75589	27.68	FNWNHCGEMAPACK						
7	9			889.384328	1776.754	2				1776.75589	57.76	FNWNHCGEMAPACK						
7	9			889.384328	1776.754	2				1776.75589	60.56	FNWNHCGEMAPACK						
7	9			889.384328	1776.754	2				1776.75589	73.57	FNWNHCGEMAPACK						
7	9			1145.52963	2289.045	2				2289.033081	78.95	CIQMWFDPAQGNPNEEVAR	1145.53	1147.542	5.85	3.3	1.77	
7	9			1145.52963	2289.045	2				2289.033081	106.8	CIQMWFDPAQGNPNEEVAR						
7	10	IPI00018146	14-3-3 protein theta	468.280323	934.5461	2	2	3.30	1.21	934.551193	33.66	NLLSVAYK						
7	10			480.292525	958.5705	2				958.572342	55.27	VISSIEQK						
7	10			480.292536	958.5705	2				958.572342	24.72	VISSIEQK						
7	10			482.2962	962.5778	2				962.582504	25.14	NLLSVAYK						
7	10			482.2962	962.5778	2				962.582504	25.76	NLLSVAYK						
7	10			568.79811	1135.582	2				1135.583267	59.07	EMQPTPIR						
7	10			568.798476	1135.582	2				1135.583267	45.95	EMQPTPIR						
7	10			379.535145	1135.584	3				1135.583267	38.54	EMQPTPIR						
7	10			379.535507	1135.585	3				1135.583267	35.48	EMQPTPIR						
7	10			609.350927	1216.687	2				1216.687393	80.79	DSTLIMQLLR						
7	10			609.350927	1216.687	2				1216.687393	75.96	DSTLIMQLLR						
7	10			609.351507	1216.688	2				1216.687393	80.5	DSTLIMQLLR						
7	10			609.351507	1216.688	2				1216.687393	85.72	DSTLIMQLLR						
7	10			609.3516	1216.689	2				1216.687393	88.41	DSTLIMQLLR						
7	10			609.351771	1216.689	2				1216.687393	88.55	DSTLIMQLLR						
7	10			617.348426	1232.682	2				1232.682312	74.9	DSTLIMQLLR						
7	10			617.348426	1232.682	2				1232.682312	77.05	DSTLIMQLLR						
7	10			617.348487	1232.682	2				1232.682312	74.53	DSTLIMQLLR						
7	10			617.348563	1232.683	2				1232.682312	77.13	DSTLIMQLLR						
7	10			617.348563	1232.683	2				1232.682312	59.79	DSTLIMQLLR						
7	10			617.348563	1232.683	2				1232.682312	33.56	DSTLIMQLLR						
7	10			617.348563	1232.683	2				1232.682312	74.86	DSTLIMQLLR						
7	10			617.348563	1232.683	2				1232.682312	70.49	DSTLIMQLLR						
7	10			648.797667	1295.581	2				1295.58403	34.31	YLAEVACGDDR	648.7977	650.8102	2.62	0.63	4.16	
7	10			780.879484	1559.744	2				1559.745132	102.18	AVTEQGAELSNEER	780.8795	782.892	10.8	4.42	2.44	
7	10			780.879484	1559.744	2				1559.745132	99.25	AVTEQGAELSNEER						
7	10			780.879484	1559.744	2				1559.745132	107.73	AVTEQGAELSNEER						
7	11	IPI00220578	Guanine nucleotide-binding	453.736625	905.4587	2	1	2.58	0.00	905.463104	24.36	IDFGEAAR						
7	11			469.230428	936.4463	2				936.451157	41.88	MFDVGGQR						
7	11			469.23043	936.4463	2				936.451157	30.63	MFDVGGQR						
7	11			479.596891	1435.769	3				1435.77356	39.86	TTGIVETHFTFK						
7	11			807.877206	1613.74	2				1613.74202	61.01	EIYTHFTCATDTK						
7	11			807.877206	1613.74	2				1613.74202	62.88	EIYTHFTCATDTK						
7	11			807.877206	1613.74	2				1613.74202	55.28	EIYTHFTCATDTK						
7	11			811.856142	1621.698	2				1621.695435	68.23	IHEDGYSEDECK						
7	11			811.856142	1621.698	2				1621.695435	56.69	IHEDGYSEDECK						
7	11			811.856142	1621.698	2				1621.695435	27.12	IHEDGYSEDECK						
7	11			548.263231	1641.768	3				1641.773331	46.07	EIYTHFTCATDTK						
7	11			548.263231	1641.768	3				1641.773331	32.36	EIYTHFTCATDTK						
7	11			548.263231	1641.768	3				1641.773331	31.64	EIYTHFTCATDTK						
7	11			821.89237	1641.77	2				1641.773331	46.9	EIYTHFTCATDTK						

Band num	prot_hit_nu	prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy
7	11			821.89237	1641.77	2				1641.773331	53.39	EIYTHFTCATDTK					
7	11			821.89237	1641.77	2				1641.773331	72.44	EIYTHFTCATDTK					
7	11			821.89237	1641.77	2				1641.773331	22.66	EIYTHFTCATDTK					
7	11			825.871635	1649.729	2				1649.726746	41.7	IHEDGYSEDECK					
7	11			825.871635	1649.729	2				1649.726746	22	IHEDGYSEDECK					
7	11			825.871635	1649.729	2				1649.726746	51.82	IHEDGYSEDECK					
7	11			882.50075	1762.987	2				1762.989334	71.55	NVQVFVDAVTDVIIK					
7	11			882.50075	1762.987	2				1762.989334	20.98	NVQVFVDAVTDVIIK					
7	11			895.478186	1788.942	2				1788.939453	88.35	ISQSNYIPTQQDVLR					
7	11			895.478186	1788.942	2				1788.939453	75.32	ISQSNYIPTQQDVLR					
7	11			895.478186	1788.942	2				1788.939453	27.54	ISQSNYIPTQQDVLR					
7	11			895.478186	1788.942	2				1788.939453	80.94	ISQSNYIPTQQDVLR					
7	11			909.050607	1816.087	2				1816.084625	89.51	VVVYSNTIQSIIAIR	909.0506	911.0632	1.58		0 L
7	11			909.050607	1816.087	2				1816.084625	103.97	VVVYSNTIQSIIAIR					
7	11			1053.99027	2105.966	2				2105.956604	132.98	EYQLNDSASYLNDLDR	1053.99	1056.003	4.02	1.56	2.58
7	12	IPI00000816	14-3-3 protein epsilon	468.280323	934.5461	2	2	2.76	1.41	934.551193	33.66	NLLSVAYK					
7	12			473.283934	944.5533	2				944.556686	22.82	IISIEQK					
7	12			473.284029	944.5535	2				944.556686	23.05	IISIEQK					
7	12			482.2962	962.5778	2				962.582504	25.14	NLLSVAYK					
7	12			482.2962	962.5778	2				962.582504	25.76	NLLSVAYK					
7	12			487.29871	972.5829	2				972.587997	23.42	IISIEQK					
7	12			609.350927	1216.687	2				1216.687393	80.79	DSTLIMQLLR					
7	12			609.350927	1216.687	2				1216.687393	75.96	DSTLIMQLLR					
7	12			609.351507	1216.688	2				1216.687393	80.5	DSTLIMQLLR					
7	12			609.351507	1216.688	2				1216.687393	85.72	DSTLIMQLLR					
7	12			609.3516	1216.689	2				1216.687393	88.41	DSTLIMQLLR					
7	12			609.351771	1216.689	2				1216.687393	88.55	DSTLIMQLLR					
7	12			617.348426	1232.682	2				1232.682312	74.9	DSTLIMQLLR					
7	12			617.348426	1232.682	2				1232.682312	77.05	DSTLIMQLLR					
7	12			617.348487	1232.682	2				1232.682312	74.53	DSTLIMQLLR					
7	12			617.348563	1232.683	2				1232.682312	77.13	DSTLIMQLLR					
7	12			617.348563	1232.683	2				1232.682312	59.79	DSTLIMQLLR					
7	12			617.348563	1232.683	2				1232.682312	33.56	DSTLIMQLLR					
7	12			617.348563	1232.683	2				1232.682312	74.86	DSTLIMQLLR					
7	12			617.348563	1232.683	2				1232.682312	70.49	DSTLIMQLLR					
7	12			625.835766	1249.657	2				1249.657837	61.46	EAAENSLVAYK	625.8358	629.8609	2.44	0.65	3.75
7	12			633.34764	1264.681	2				1264.679977	43.92	HLIPAANTGESK	633.3476	635.3602	2.01	1.14	1.76
7	12			633.34764	1264.681	2				1264.679977	42.74	HLIPAANTGESK					
7	12			647.362188	1292.71	2				1292.711288	38.53	HLIPAANTGESK					
7	12			647.362455	1292.71	2				1292.711288	43.37	HLIPAANTGESK					
7	12			746.373754	1490.733	2				1490.731064	54.55	VAGMDVELTVEER					
7	12			752.893932	1503.773	2				1503.770142	56.81	LICCDILDVLDK					
7	12			752.893932	1503.773	2				1503.770142	49.54	LICCDILDVLDK					
7	12			616.660621	1846.96	3				1846.963562	43.92	AASDIAMTELPPTHPIR					
7	12			616.660644	1846.96	3				1846.963562	46.66	AASDIAMTELPPTHPIR					
7	12			924.488366	1846.962	2				1846.963562	48.7	AASDIAMTELPPTHPIR					
7	12			924.488366	1846.962	2				1846.963562	22.77	AASDIAMTELPPTHPIR					
7	12			715.348882	2143.025	3				2143.023285	53.16	AAFDDAIAELDTLSEESYK					
7	13	IPI00217906	Isoform 2 of Guanine nucle	469.230428	936.4463	2	2	6.41	0.44	936.451157	41.88	MFDVGGQR					
7	13			469.23043	936.4463	2				936.451157	30.63	MFDVGGQR					
7	13			479.596891	1435.769	3				1435.77356	39.86	TTGIVETHFTFK					
7	13			781.88813	1561.762	2				1561.758301	93.44	AMGNLQIDFADPSR					
7	13			781.88813	1561.762	2				1561.758301	86.63	AMGNLQIDFADPSR					
7	13			807.877206	1613.74	2				1613.74202	61.01	EIYTHFTCATDTK					
7	13			807.877206	1613.74	2				1613.74202	62.88	EIYTHFTCATDTK					
7	13			807.877206	1613.74	2				1613.74202	55.28	EIYTHFTCATDTK					
7	13			548.263231	1641.768	3				1641.773331	46.07	EIYTHFTCATDTK					
7	13			548.263231	1641.768	3				1641.773331	32.36	EIYTHFTCATDTK					
7	13			548.263231	1641.768	3				1641.773331	31.64	EIYTHFTCATDTK					
7	13			821.89237	1641.77	2				1641.773331	46.9	EIYTHFTCATDTK					
7	13			821.89237	1641.77	2				1641.773331	53.39	EIYTHFTCATDTK					
7	13			821.89237	1641.77	2				1641.773331	72.44	EIYTHFTCATDTK					
7	13			821.89237	1641.77	2				1641.773331	22.66	EIYTHFTCATDTK					

Band num	prot_hit_nu	prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy
7	13			555.578427	1663.713	3				1663.717224	36.33	IHEDGYSEEECR					
7	13			555.578692	1663.714	3				1663.717224	43.19	IHEDGYSEEECR					
7	13			555.578692	1663.714	3				1663.717224	46	IHEDGYSEEECR					
7	13			832.865563	1663.717	2				1663.717224	64.08	IHEDGYSEEECR					
7	13			832.865563	1663.717	2				1663.717224	65.44	IHEDGYSEEECR					
7	13			832.865563	1663.717	2				1663.717224	66.91	IHEDGYSEEECR					
7	13			832.865563	1663.717	2				1663.717224	33.35	IHEDGYSEEECR					
7	13			882.50075	1762.987	2				1762.989334	71.55	NVQVFDAVTDVIIK					
7	13			882.50075	1762.987	2				1762.989334	20.98	NVQVFDAVTDVIIK					
7	13			887.972927	1773.931	2				1773.928558	66.1	IAQSDYIPTQQDVLR	887.9729	889.9855	10.3	1.69	6.09
7	13			887.972927	1773.931	2				1773.928558	93.52	IAQSDYIPTQQDVLR					
7	13			887.972927	1773.931	2				1773.928558	69.49	IAQSDYIPTQQDVLR					
7	13			897.017658	1792.021	2				1792.019257	84.04	AVVYSNTIQSIMAIVK	897.0177	901.0428	2.42	0.36	6.72
7	13	IPI00748145	guanine nucleotide binding	469.230428	936.4463	2	2	6.41	0.44	936.451157	41.88	MFDVGGQR					
7	13			469.23043	936.4463	2				936.451157	30.63	MFDVGGQR					
7	13			479.596891	1435.769	3				1435.773566	39.86	TTGIVETHFTFK					
7	13			781.88813	1561.762	2				1561.758301	93.44	AMGNLQIDFADPSR					
7	13			781.88813	1561.762	2				1561.758301	86.63	AMGNLQIDFADPSR					
7	13			807.877206	1613.74	2				1613.74202	61.01	EIYTHFTCATDTK					
7	13			807.877206	1613.74	2				1613.74202	62.88	EIYTHFTCATDTK					
7	13			807.877206	1613.74	2				1613.74202	55.28	EIYTHFTCATDTK					
7	13			548.263231	1641.768	3				1641.773331	46.07	EIYTHFTCATDTK					
7	13			548.263231	1641.768	3				1641.773331	32.36	EIYTHFTCATDTK					
7	13			548.263231	1641.768	3				1641.773331	31.64	EIYTHFTCATDTK					
7	13			821.89237	1641.77	2				1641.773331	46.9	EIYTHFTCATDTK					
7	13			821.89237	1641.77	2				1641.773331	53.39	EIYTHFTCATDTK					
7	13			821.89237	1641.77	2				1641.773331	72.44	EIYTHFTCATDTK					
7	13			821.89237	1641.77	2				1641.773331	22.66	EIYTHFTCATDTK					
7	13			555.578427	1663.713	3				1663.717224	36.33	IHEDGYSEEECR					
7	13			555.578692	1663.714	3				1663.717224	43.19	IHEDGYSEEECR					
7	13			555.578692	1663.714	3				1663.717224	46	IHEDGYSEEECR					
7	13			832.865563	1663.717	2				1663.717224	64.08	IHEDGYSEEECR					
7	13			832.865563	1663.717	2				1663.717224	65.44	IHEDGYSEEECR					
7	13			832.865563	1663.717	2				1663.717224	66.91	IHEDGYSEEECR					
7	13			832.865563	1663.717	2				1663.717224	33.35	IHEDGYSEEECR					
7	13			882.50075	1762.987	2				1762.989334	71.55	NVQVFDAVTDVIIK					
7	13			882.50075	1762.987	2				1762.989334	20.98	NVQVFDAVTDVIIK					
7	13			887.972927	1773.931	2				1773.928558	66.1	IAQSDYIPTQQDVLR					
7	13			887.972927	1773.931	2				1773.928558	93.52	IAQSDYIPTQQDVLR					
7	13			887.972927	1773.931	2				1773.928558	69.49	IAQSDYIPTQQDVLR					
7	13			897.017658	1792.021	2				1792.019257	84.04	AVVYSNTIQSIMAIVK					
7	14	IPI00465028	Triosephosphate isomeras	597.320381	1192.626	2	2	3.20	0.78	1192.629868	22.55	IAVAAQNCYK					
7	14			597.320446	1192.626	2				1192.629868	22.65	IAVAAQNCYK					
7	14			631.820206	1261.626	2				1261.628677	72.27	SNVSDAVAQSTR					
7	14			631.820206	1261.626	2				1261.628677	70.51	SNVSDAVAQSTR					
7	14			631.820206	1261.626	2				1261.628677	79.45	SNVSDAVAQSTR					
7	14			677.855297	1353.696	2				1353.698654	53.88	IYGGSVTGATCK					
7	14			677.855297	1353.696	2				1353.698654	49.26	IYGGSVTGATCK					
7	14			498.922778	1493.747	3				1493.749863	26.27	TATPQQAQEVHEK					
7	14			498.922823	1493.747	3				1493.749863	46.44	TATPQQAQEVHEK					
7	14			498.922833	1493.747	3				1493.749863	25.96	TATPQQAQEVHEK					
7	14			498.922833	1493.747	3				1493.749863	31.47	TATPQQAQEVHEK					
7	14			498.922833	1493.747	3				1493.749863	32.52	TATPQQAQEVHEK					
7	14			508.267077	1521.779	3				1521.781174	54.06	TATPQQAQEVHEK					
7	14			508.267077	1521.779	3				1521.781174	54.39	TATPQQAQEVHEK					
7	14			508.267097	1521.779	3				1521.781174	43.28	TATPQQAQEVHEK					
7	14			508.267097	1521.779	3				1521.781174	58.45	TATPQQAQEVHEK					
7	14			538.927675	1613.761	3				1613.76445	54.33	DCGATWVVLGHSER					
7	14			538.927675	1613.761	3				1613.76445	61.44	DCGATWVVLGHSER					
7	14			807.890446	1613.766	2				1613.76445	87.54	DCGATWVVLGHSER	807.8905	809.903	10.1	2.69	3.75
7	14			807.890446	1613.766	2				1613.76445	79.45	DCGATWVVLGHSER					
7	14			807.890446	1613.766	2				1613.76445	90.61	DCGATWVVLGHSER					
7	14			807.890446	1613.766	2				1613.76445	93.86	DCGATWVVLGHSER					

Band num	prot_hit_nu	prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy
7	14			1110.56011	2219.106	2				2219.095673	110.09	VPADEVVVCAPPTAYIDFAR	1110.56	1112.573	6.57	2.48	2.65
7	14			1110.56011	2219.106	2				2219.095673	94	VPADEVVVCAPPTAYIDFAR					
7	14			1110.56011	2219.106	2				2219.095673	84.84	VPADEVVVCAPPTAYIDFAR					
7	14			740.710233	2219.109	3				2219.095673	36.45	VPADEVVVCAPPTAYIDFAR					
7	15	IPI00219217	L-lactate dehydrogenase B	385.748116	769.4817	2	2	3.97	1.43	769.483459	28.5	LNLVQR					
7	15			385.748116	769.4817	2				769.483459	33	LNLVQR					
7	15			385.748116	769.4817	2				769.483459	32.92	LNLVQR					
7	15			471.309297	940.604	2				940.60936	45.65	IVVVTAGVR					
7	15			471.309297	940.604	2				940.60936	25.73	IVVVTAGVR					
7	15			471.309814	940.6051	2				940.60936	25.95	IVVVTAGVR					
7	15			493.325401	984.6363	2				984.639618	28.03	FIIPQIVK					
7	15			493.325416	984.6363	2				984.639618	28.97	FIIPQIVK					
7	15			493.326568	984.6386	2				984.639618	25.8	FIIPQIVK					
7	15			494.294039	986.5735	2				986.578476	39.63	GLTSVINQK					
7	15			507.342466	1012.67	2				1012.670929	22.79	FIIPQIVK					
7	15			508.309351	1014.604	2				1014.609787	52	GLTSVINQK	508.3094	512.3345	7.17	1.44	4.98
7	15			616.829534	1231.645	2				1231.647324	43.97	SADTLWDIQK	616.8295	618.8421	4.44	1.5	2.96
7	15			638.820437	1275.626	2				1275.626556	45.99	VIGSGCNLDSAR					
7	15			638.820437	1275.626	2				1275.626556	56.44	VIGSGCNLDSAR					
7	15			638.820441	1275.626	2				1275.626556	49.74	VIGSGCNLDSAR					
7	15			638.820444	1275.626	2				1275.626556	43.6	VIGSGCNLDSAR					
7	15			829.449313	1656.884	2				1656.884598	119.63	SLADELALVDVLEDK					
7	15			829.449313	1656.884	2				1656.884598	119.48	SLADELALVDVLEDK					
7	15			829.449313	1656.884	2				1656.884598	108.36	SLADELALVDVLEDK					
7	15			843.464937	1684.915	2				1684.915909	118.6	SLADELALVDVLEDK					
7	15			843.464937	1684.915	2				1684.915909	109.41	SLADELALVDVLEDK					
7	15			843.464937	1684.915	2				1684.915909	111.16	SLADELALVDVLEDK					
7	15			861.968946	1721.923	2				1721.922363	79.13	LIAPVAEEETVPNNK					
7	15			861.968946	1721.923	2				1721.922363	69.16	LIAPVAEEETVPNNK					
7	15			861.968946	1721.923	2				1721.922363	80.68	LIAPVAEEETVPNNK					
7	15			875.984497	1749.954	2				1749.953674	55.24	LIAPVAEEETVPNNK					
7	16	IPI00220642	14-3-3 protein gamma	468.280323	934.5461	2	2	3.18	0.29	934.551193	33.66	NLLSVAYK					
7	16			480.292525	958.5705	2				958.572342	55.27	VISSIEQK					
7	16			480.292536	958.5705	2				958.572342	24.72	VISSIEQK					
7	16			482.2962	962.5778	2				962.582504	25.14	NLLSVAYK					
7	16			482.2962	962.5778	2				962.582504	25.76	NLLSVAYK					
7	16			609.350927	1216.687	2				1216.687393	80.79	DSTLIMQLLR					
7	16			609.350927	1216.687	2				1216.687393	75.96	DSTLIMQLLR					
7	16			609.351507	1216.688	2				1216.687393	80.5	DSTLIMQLLR					
7	16			609.351507	1216.688	2				1216.687393	85.72	DSTLIMQLLR					
7	16			609.3516	1216.689	2				1216.687393	88.41	DSTLIMQLLR					
7	16			609.351771	1216.689	2				1216.687393	88.55	DSTLIMQLLR					
7	16			617.348426	1232.682	2				1232.682312	74.9	DSTLIMQLLR					
7	16			617.348426	1232.682	2				1232.682312	77.05	DSTLIMQLLR					
7	16			617.348487	1232.682	2				1232.682312	74.53	DSTLIMQLLR					
7	16			617.348563	1232.683	2				1232.682312	77.13	DSTLIMQLLR					
7	16			617.348563	1232.683	2				1232.682312	59.79	DSTLIMQLLR					
7	16			617.348563	1232.683	2				1232.682312	33.56	DSTLIMQLLR					
7	16			617.348563	1232.683	2				1232.682312	74.86	DSTLIMQLLR					
7	16			617.348563	1232.683	2				1232.682312	70.49	DSTLIMQLLR					
7	16			319.167183	1272.64	4				1272.642181	26.37	EHMQPThPIR					
7	16			836.413074	1670.812	2				1670.813553	69.3	NVTELNEPLSNEER	319.1672	320.1735	1.32	0.39	3.38
7	16			836.413074	1670.812	2				1670.813553	74.28	NVTELNEPLSNEER	836.4131	838.4256	7.77	2.61	2.98
7	16			836.413074	1670.812	2				1670.813553	77.09	NVTELNEPLSNEER					
7	16			836.413074	1670.812	2				1670.813553	76.62	NVTELNEPLSNEER					
7	17	IPI00218918	Annexin A1	468.742715	935.4709	2	2	2.52	0.65	935.473663	25.51	ALYEAGER					
7	17			645.819654	1289.625	2				1289.627625	38.43	TPAQFDADELK					
7	17			708.406741	1414.799	2				1414.794342	74.55	GVDEATIIDILTK					
7	17			708.406741	1414.799	2				1414.794342	97.02	GVDEATIIDILTK					
7	17			831.51517	1661.016	2				1661.015152	36.17	ALIGHLEEVVLLK					
7	17			577.643775	1729.909	3				1729.912216	26.2	GLGTDEDTLIEILASR					
7	17			865.964045	1729.914	2				1729.912216	113.87	GLGTDEDTLIEILASR	865.9641	867.9766	11.5	5.57	2.06
7	17			865.964045	1729.914	2				1729.912216	111.31	GLGTDEDTLIEILASR					

Band num	prot_hit_nu	prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy
7	17			865.964045	1729.914	2				1729.912216	139.71	GLGTDEDTLIEILASR					
7	17			884.387888	1766.761	2				1766.761917	120.02	SEDFGVNEDLADSDAR	884.3879	886.4004	4.2	1.41	2.98
7	17			884.387888	1766.761	2				1766.761917	108.64	SEDFGVNEDLADSDAR					
7	17			884.387888	1766.761	2				1766.761917	130.12	SEDFGVNEDLADSDAR					
7	17			804.746523	2411.218	3				2411.214523	46.18	GGPGSAVSPYPTFNPSDDVAALHK					
7	17			804.746523	2411.218	3				2411.214523	39.26	GGPGSAVSPYPTFNPSDDVAALHK					
7	17			804.746523	2411.218	3				2411.214523	32.02	GGPGSAVSPYPTFNPSDDVAALHK					
7	18	IPI00216319	14-3-3 protein eta	468.280323	934.5461	2	1	1.96	0.00	934.551193	33.66	NLLSVAYK					
7	18			480.292525	958.5705	2				958.572342	55.27	VISSIEQK					
7	18			480.292536	958.5705	2				958.572342	24.72	VISSIEQK					
7	18			482.2962	962.5778	2				962.582504	25.14	NLLSVAYK					
7	18			482.2962	962.5778	2				962.582504	25.76	NLLSVAYK					
7	18			609.350927	1216.687	2				1216.687393	80.79	DSTLIMQLLR					
7	18			609.350927	1216.687	2				1216.687393	75.96	DSTLIMQLLR					
7	18			609.351507	1216.688	2				1216.687393	80.5	DSTLIMQLLR					
7	18			609.351507	1216.688	2				1216.687393	85.72	DSTLIMQLLR					
7	18			609.3516	1216.689	2				1216.687393	88.41	DSTLIMQLLR					
7	18			609.351771	1216.689	2				1216.687393	88.55	DSTLIMQLLR					
7	18			617.348426	1232.682	2				1232.682312	74.9	DSTLIMQLLR					
7	18			617.348426	1232.682	2				1232.682312	77.05	DSTLIMQLLR					
7	18			617.348487	1232.682	2				1232.682312	74.53	DSTLIMQLLR					
7	18			617.348563	1232.683	2				1232.682312	77.13	DSTLIMQLLR					
7	18			617.348563	1232.683	2				1232.682312	59.79	DSTLIMQLLR					
7	18			617.348563	1232.683	2				1232.682312	33.56	DSTLIMQLLR					
7	18			617.348563	1232.683	2				1232.682312	74.86	DSTLIMQLLR					
7	18			617.348563	1232.683	2				1232.682312	70.49	DSTLIMQLLR					
7	18			807.90333	1613.792	2				1613.792099	86.87	AVTELNEPLSNEDR	807.9033	809.9159	2.98	1.52	1.96
7	18			807.90333	1613.792	2				1613.792099	51.92	AVTELNEPLSNEDR					
7	19	IPI00329801	Annexin A5	491.790448	981.5663	2	1	3.64	0.00	981.567184	37.62	FITIFGTR					
7	19			491.790468	981.5664	2				981.567184	28.87	FITIFGTR					
7	19			567.812854	1133.611	2				1133.610504	55.03	SEIDLNFIR					
7	19			592.309072	1182.604	2				1182.601746	69.86	GAGTDDHTLIR					
7	19			592.309072	1182.604	2				1182.601746	66.58	GAGTDDHTLIR					
7	19			684.82538	1367.636	2				1367.638168	66.42	GTVTDFPGFDER	684.8254	686.8379	11.6	3.19	3.64
7	19			684.82538	1367.636	2				1367.638168	64.71	GTVTDFPGFDER					
7	19			821.476023	1640.937	2				1640.937286	78.3	ETSGNLEQLLLAVVK					
7	19			821.476023	1640.937	2				1640.937286	38.98	ETSGNLEQLLLAVVK					
7	19			835.490454	1668.966	2				1668.968597	103.86	ETSGNLEQLLLAVVK	835.4905	837.503	11.2	0 L	
7	19			866.971133	1731.928	2				1731.927872	129.56	GLGTDEESILTLTISR	866.9712	870.9963	13.2	0 L	
7	19			866.971163	1731.928	2				1731.927872	93.1	GLGTDEESILTLTISR					
7	19			866.971163	1731.928	2				1731.927872	134.83	GLGTDEESILTLTISR					
7	19			866.971163	1731.928	2				1731.927872	133.85	GLGTDEESILTLTISR					
7	20	IPI00013890	14-3-3 protein sigma	468.280323	934.5461	2	1	1.38	0.00	934.551193	33.66	NLLSVAYK					
7	20			480.292525	958.5705	2				958.572342	55.27	VLSSIEQK					
7	20			480.292536	958.5705	2				958.572342	24.72	VLSSIEQK					
7	20			482.2962	962.5778	2				962.582504	25.14	NLLSVAYK					
7	20			482.2962	962.5778	2				962.582504	25.76	NLLSVAYK					
7	20			609.350927	1216.687	2				1216.687393	80.79	DSTLIMQLLR					
7	20			609.350927	1216.687	2				1216.687393	75.96	DSTLIMQLLR					
7	20			609.351507	1216.688	2				1216.687393	80.5	DSTLIMQLLR					
7	20			609.351507	1216.688	2				1216.687393	85.72	DSTLIMQLLR					
7	20			609.3516	1216.689	2				1216.687393	88.41	DSTLIMQLLR					
7	20			609.351771	1216.689	2				1216.687393	88.55	DSTLIMQLLR					
7	20			617.348426	1232.682	2				1232.682312	74.9	DSTLIMQLLR					
7	20			617.348426	1232.682	2				1232.682312	77.05	DSTLIMQLLR					
7	20			617.348487	1232.682	2				1232.682312	74.53	DSTLIMQLLR					
7	20			617.348563	1232.683	2				1232.682312	77.13	DSTLIMQLLR					
7	20			617.348563	1232.683	2				1232.682312	59.79	DSTLIMQLLR					
7	20			617.348563	1232.683	2				1232.682312	33.56	DSTLIMQLLR					
7	20			617.348563	1232.683	2				1232.682312	74.86	DSTLIMQLLR					
7	20			617.348563	1232.683	2				1232.682312	70.49	DSTLIMQLLR					
7	20			810.881964	1619.749	2				1619.748489	48.08	GAVEKGEELSCSEER	810.882	812.8945	0.29	0.21	1.38
7	20	IPI00411765	SFN protein	468.280323	934.5461	2	1	1.38	0.00	934.551193	33.66	NLLSVAYK					



Band num	prot_hit_nu	prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy
7	20			480.292525	958.5705	2				958.572342	55.27	VLSSIEQK					
7	20			480.292536	958.5705	2				958.572342	24.72	VLSSIEQK					
7	20			482.2962	962.5778	2				962.582504	25.14	NLLSVAYK					
7	20			482.2962	962.5778	2				962.582504	25.76	NLLSVAYK					
7	20			609.350927	1216.687	2				1216.687393	80.79	DSTLMQLLR					
7	20			609.350927	1216.687	2				1216.687393	75.96	DSTLMQLLR					
7	20			609.351507	1216.688	2				1216.687393	80.5	DSTLMQLLR					
7	20			609.351507	1216.688	2				1216.687393	85.72	DSTLMQLLR					
7	20			609.3516	1216.689	2				1216.687393	88.41	DSTLMQLLR					
7	20			609.351771	1216.689	2				1216.687393	88.55	DSTLMQLLR					
7	20			617.348426	1232.682	2				1232.682312	74.9	DSTLMQLLR					
7	20			617.348426	1232.682	2				1232.682312	77.05	DSTLMQLLR					
7	20			617.348487	1232.682	2				1232.682312	74.53	DSTLMQLLR					
7	20			617.348563	1232.683	2				1232.682312	77.13	DSTLMQLLR					
7	20			617.348563	1232.683	2				1232.682312	59.79	DSTLMQLLR					
7	20			617.348563	1232.683	2				1232.682312	33.56	DSTLMQLLR					
7	20			617.348563	1232.683	2				1232.682312	74.86	DSTLMQLLR					
7	20			617.348563	1232.683	2				1232.682312	70.49	DSTLMQLLR					
7	20			810.881964	1619.749	2				1619.748489	48.08	GAVEKGEELSCEER					
7	21	IPI00003348	Guanine nucleotide-binding	346.210782	690.407	2	3	7.91	2.27	690.408905	21.07	LFDLR					
7	21			417.270166	832.5258	2				832.530746	25.6	VHAIPLR					
7	21			519.278344	1036.542	2				1036.543808	42.42	AGVLAGHDNR					
7	21			346.521427	1036.542	3				1036.543808	44.42	AGVLAGHDNR					
7	21			523.296547	1044.579	2				1044.583954	22.97	LLVSASQDGK					
7	21			523.296547	1044.579	2				1044.583954	34	LLVSASQDGK					
7	21			537.312647	1072.611	2				1072.615265	37.94	LLVSASQDGK	537.3127	541.3378	27.1	4.8	5.65
7	21			642.31858	1282.623	2				1282.625168	61.83	TFVSGACDASIK					
7	21			642.31858	1282.623	2				1282.625168	64.7	TFVSGACDASIK					
7	21			656.334087	1310.654	2				1310.656479	63.72	TFVSGACDASIK					
7	21			656.334087	1310.654	2				1310.656479	74.35	TFVSGACDASIK	656.3341	660.3592	8.86	0.87	10.18
7	21			455.551406	1363.632	3				1363.636749	27.56	IYAMHWGTDSR					
7	21			455.551436	1363.632	3				1363.636749	20.21	IYAMHWGTDSR					
7	21			705.389966	1408.765	2				1408.76268	41.16	LIWDSYTTNK	705.39	709.4151	10.5	1.33	7.89
7	21			705.389966	1408.765	2				1408.76268	45.72	LIWDSYTTNK					
7	21			705.390016	1408.765	2				1408.76268	45.72	LIWDSYTTNK					
7	21			526.576701	1576.708	3				1576.715073	35.77	ELPGHTGYLSCCR					
7	21			526.576701	1576.708	3				1576.715073	36.15	ELPGHTGYLSCCR					
7	21			980.499836	1958.985	2				1958.975571	99.51	ACGDSTLTQITAGLDPVGR					
7	21			980.499836	1958.985	2				1958.975571	104.33	ACGDSTLTQITAGLDPVGR					
7	22	IPI00337415	Guanine nucleotide-binding	469.230428	936.4463	2	2	4.04	0.63	936.451157	41.88	MFDVGGQR	469.2304	471.243	18	4.01	4.49
7	22			469.23043	936.4463	2				936.451157	30.63	MFDVGGQR					
7	22			479.596891	1435.769	3				1435.77356	39.86	TTGIVETHFTFK					
7	22			807.877206	1613.74	2				1613.74202	61.01	EIYTHFTCATDTK					
7	22			807.877206	1613.74	2				1613.74202	62.88	EIYTHFTCATDTK					
7	22			807.877206	1613.74	2				1613.74202	55.28	EIYTHFTCATDTK					
7	22			548.263231	1641.768	3				1641.773331	46.07	EIYTHFTCATDTK					
7	22			548.263231	1641.768	3				1641.773331	32.36	EIYTHFTCATDTK					
7	22			548.263231	1641.768	3				1641.773331	31.64	EIYTHFTCATDTK					
7	22			821.89237	1641.77	2				1641.773331	46.9	EIYTHFTCATDTK	821.8924	825.9175	2.77	0.77	3.60
7	22			821.89237	1641.77	2				1641.773331	53.39	EIYTHFTCATDTK					
7	22			821.89237	1641.77	2				1641.773331	72.44	EIYTHFTCATDTK					
7	22			821.89237	1641.77	2				1641.773331	22.66	EIYTHFTCATDTK					
7	22			882.50075	1762.987	2				1762.989334	71.55	NVQFVDAVTDVIK					
7	22			882.50075	1762.987	2				1762.989334	20.98	NVQFVDAVTDVIK					
7	22			892.489305	1782.964	2				1782.965271	22.5	IAQPNYIPTQQDVLR					
7	22			813.106163	2436.297	3				2436.299789	20.59	QLFVLGAAEEGFMTAELAGVIK					
7	22	IPI00746986	41 kDa protein	469.230428	936.4463	2	2	4.04	0.63	936.451157	41.88	MFDVGGQR					
7	22			469.23043	936.4463	2				936.451157	30.63	MFDVGGQR					
7	22			479.596891	1435.769	3				1435.77356	39.86	TTGIVETHFTFK					
7	22			807.877206	1613.74	2				1613.74202	61.01	EIYTHFTCATDTK					
7	22			807.877206	1613.74	2				1613.74202	62.88	EIYTHFTCATDTK					
7	22			807.877206	1613.74	2				1613.74202	55.28	EIYTHFTCATDTK					
7	22			548.263231	1641.768	3				1641.773331	46.07	EIYTHFTCATDTK					

Band num	prot_hit_nu	prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy
7	22			548.263231	1641.768	3				1641.773331	32.36	EIYTHFTCATDTK					
7	22			548.263231	1641.768	3				1641.773331	31.64	EIYTHFTCATDTK					
7	22			821.89237	1641.77	2				1641.773331	46.9	EIYTHFTCATDTK					
7	22			821.89237	1641.77	2				1641.773331	53.39	EIYTHFTCATDTK					
7	22			821.89237	1641.77	2				1641.773331	72.44	EIYTHFTCATDTK					
7	22			821.89237	1641.77	2				1641.773331	22.66	EIYTHFTCATDTK					
7	22			882.50075	1762.987	2				1762.989334	71.55	NVQVFVDAVTDVIIK					
7	22			882.50075	1762.987	2				1762.989334	20.98	NVQVFVDAVTDVIIK					
7	22			892.489305	1782.964	2				1782.965271	22.5	IAQPNYIPTQQDVLK					
7	22			813.106163	2436.297	3				2436.299789	20.59	QLFVLGAAEEGFMATAELAGVIK					
7	23	IPI00306195	CDNA FLJ30949 fis, clone	300.215306	598.4161	2	2	9.93	1.20	598.419067	36.96	ALVLR	300.2153	302.2279	79.4	7.37	10.77
7	23			504.770561	1007.527	2				1007.531219	32.34	LNTSDFQK	504.7706	508.7957	3.45	0.38	9.08
7	23			586.631303	1756.872	3				1756.876831	44.02	EAEDTQVFGDLPRPR					
7	23			586.631303	1756.872	3				1756.876831	57.19	EAEDTQVFGDLPRPR					
7	23			586.631303	1756.872	3				1756.876831	42.7	EAEDTQVFGDLPRPR					
7	23			586.631303	1756.872	3				1756.876831	48.48	EAEDTQVFGDLPRPR					
7	23			879.446413	1756.878	2				1756.876831	46.28	EAEDTQVFGDLPRPR					
7	23			879.446413	1756.878	2				1756.876831	79.73	EAEDTQVFGDLPRPR					
7	23			879.446413	1756.878	2				1756.876831	45.15	EAEDTQVFGDLPRPR					
7	23			879.446413	1756.878	2				1756.876831	58.8	EAEDTQVFGDLPRPR					
7	23			696.021121	2085.042	3				2085.033691	35.55	MASGRPEELWEAVVGAER					
7	23			696.021338	2085.042	3				2085.033691	43.8	MASGRPEELWEAVVGAER					
7	23			696.021536	2085.043	3				2085.033691	75.96	MASGRPEELWEAVVGAER					
7	23	IPI00549786	AKT1S1 protein	300.215306	598.4161	2	2	9.93	1.20	598.419067	36.96	ALVLR					
7	23			504.770561	1007.527	2				1007.531219	32.34	LNTSDFQK					
7	23			586.631303	1756.872	3				1756.876831	44.02	EAEDTQVFGDLPRPR					
7	23			586.631303	1756.872	3				1756.876831	57.19	EAEDTQVFGDLPRPR					
7	23			586.631303	1756.872	3				1756.876831	42.7	EAEDTQVFGDLPRPR					
7	23			586.631303	1756.872	3				1756.876831	48.48	EAEDTQVFGDLPRPR					
7	23			879.446413	1756.878	2				1756.876831	46.28	EAEDTQVFGDLPRPR					
7	23			879.446413	1756.878	2				1756.876831	79.73	EAEDTQVFGDLPRPR					
7	23			879.446413	1756.878	2				1756.876831	45.15	EAEDTQVFGDLPRPR					
7	23			879.446413	1756.878	2				1756.876831	58.8	EAEDTQVFGDLPRPR					
7	23			696.021121	2085.042	3				2085.033691	35.55	MASGRPEELWEAVVGAER					
7	23			696.021338	2085.042	3				2085.033691	43.8	MASGRPEELWEAVVGAER					
7	23			696.021536	2085.043	3				2085.033691	75.96	MASGRPEELWEAVVGAER					
7	24	IPI00641950	Lung cancer oncogene 7	669.340164	1336.666	2	1	4.74	0.00	1336.664719	54.31	DVLSVAFSSDNR	669.3402	671.3527	15.2	3.21	4.74
7	24			669.340164	1336.666	2				1336.664719	64.06	DVLSVAFSSDNR					
7	24			1005.45562	2008.897	2				2008.897324	86.78	YTVQDESHSEWVSCVR	1005.456	1007.468	1.36	0 L	
7	24			1005.45562	2008.897	2				2008.897324	81.16	YTVQDESHSEWVSCVR					
7	24			670.639935	2008.898	3				2008.897324	42.97	YTVQDESHSEWVSCVR					
7	24			670.639935	2008.898	3				2008.897324	73.13	YTVQDESHSEWVSCVR					
7	24	IPI00784408	Proliferation-inducing gene	669.340164	1336.666	2	1	4.74	0.00	1336.664719	54.31	DVLSVAFSSDNR					
7	24			669.340164	1336.666	2				1336.664719	64.06	DVLSVAFSSDNR					
7	24			1005.45562	2008.897	2				2008.897324	86.78	YTVQDESHSEWVSCVR					
7	24			1005.45562	2008.897	2				2008.897324	81.16	YTVQDESHSEWVSCVR					
7	24			670.639935	2008.898	3				2008.897324	42.97	YTVQDESHSEWVSCVR					
7	24			670.639935	2008.898	3				2008.897324	73.13	YTVQDESHSEWVSCVR					
7	25	IPI00178083	29 kDa protein	636.346476	1270.678	2	3	3.53	1.03	1270.679306	44.67	IQLVEEELDR	636.3465	638.359	19.8	5.66	3.50
7	25			672.841412	1343.668	2				1343.670517	66.26	EQAEEVASLNR	672.8414	674.854	4.72	1.03	4.58
7	25			821.9058	1641.797	2				1641.795792	30.1	IQLVQQQADDAEER					
7	25			821.9058	1641.797	2				1641.795792	34.61	IQLVQQQADDAEER					
7	25			835.92043	1669.826	2				1669.829559	90.84	IQLVQQQADDAEER	835.9204	837.933	3.96	1.57	2.52
7	25			835.92043	1669.826	2				1669.829559	85.06	IQLVQQQADDAEER					
7	25			835.92043	1669.826	2				1669.829559	96.84	IQLVQQQADDAEER					
7	25	IPI00218319	tropomyosin 3 isoform 2	636.346476	1270.678	2	3	3.53	1.03	1270.679306	44.67	IQLVEEELDR					
7	25			672.841412	1343.668	2				1343.670517	66.26	EQAEEVASLNR					
7	25			821.9058	1641.797	2				1641.795792	30.1	IQLVQQQADDAEER					
7	25			821.9058	1641.797	2				1641.795792	34.61	IQLVQQQADDAEER					
7	25			835.92043	1669.826	2				1669.829559	90.84	IQLVQQQADDAEER					
7	25			835.92043	1669.826	2				1669.829559	85.06	IQLVQQQADDAEER					
7	25			835.92043	1669.826	2				1669.829559	96.84	IQLVQQQADDAEER					
7	25	IPI00382894	Tropomyosin 3	636.346476	1270.678	2	3	3.53	1.03	1270.679306	44.67	IQLVEEELDR					

Band num	prot_hit_nu	prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy
7	25			672.841412	1343.668	2				1343.670517	66.26	EQAEAEVASLNR					
7	25			821.9058	1641.797	2				1641.795792	30.1	IQVLQQQADDAEER					
7	25			821.9058	1641.797	2				1641.795792	34.61	IQVLQQQADDAEER					
7	25			835.92043	1669.826	2				1669.829559	90.84	IQVLQQQADDAEER					
7	25			835.92043	1669.826	2				1669.829559	85.06	IQVLQQQADDAEER					
7	25			835.92043	1669.826	2				1669.829559	96.84	IQVLQQQADDAEER					
7	25	IPI00477649	tropomyosin 3 isoform 5	636.346476	1270.678	2	3	3.53	1.03	1270.679306	44.67	IQLVEEELDR					
7	25			672.841412	1343.668	2				1343.670517	66.26	EQAEAEVASLNR					
7	25			821.9058	1641.797	2				1641.795792	30.1	IQVLQQQADDAEER					
7	25			821.9058	1641.797	2				1641.795792	34.61	IQVLQQQADDAEER					
7	25			835.92043	1669.826	2				1669.829559	90.84	IQVLQQQADDAEER					
7	25			835.92043	1669.826	2				1669.829559	85.06	IQVLQQQADDAEER					
7	25			835.92043	1669.826	2				1669.829559	96.84	IQVLQQQADDAEER					
7	25	IPI00479185	tropomyosin 3 isoform 4	636.346476	1270.678	2	3	3.53	1.03	1270.679306	44.67	IQLVEEELDR					
7	25			672.841412	1343.668	2				1343.670517	66.26	EQAEAEVASLNR					
7	25			821.9058	1641.797	2				1641.795792	30.1	IQVLQQQADDAEER					
7	25			821.9058	1641.797	2				1641.795792	34.61	IQVLQQQADDAEER					
7	25			835.92043	1669.826	2				1669.829559	90.84	IQVLQQQADDAEER					
7	25			835.92043	1669.826	2				1669.829559	85.06	IQVLQQQADDAEER					
7	25			835.92043	1669.826	2				1669.829559	96.84	IQVLQQQADDAEER					
7	25	IPI00642042	Hypothetical protein DKFZ	636.346476	1270.678	2	3	3.53	1.03	1270.679306	44.67	IQLVEEELDR					
7	25			672.841412	1343.668	2				1343.670517	66.26	EQAEAEVASLNR					
7	25			821.9058	1641.797	2				1641.795792	30.1	IQVLQQQADDAEER					
7	25			821.9058	1641.797	2				1641.795792	34.61	IQVLQQQADDAEER					
7	25			835.92043	1669.826	2				1669.829559	90.84	IQVLQQQADDAEER					
7	25			835.92043	1669.826	2				1669.829559	85.06	IQVLQQQADDAEER					
7	25			835.92043	1669.826	2				1669.829559	96.84	IQVLQQQADDAEER					
7	26	IPI00291005	Malate dehydrogenase, cy	596.819025	1191.623	2	2	4.40	0.24	1191.627213	68.33	GEFVTTVQQR	596.819	598.8316	4.52	0.99	4.57
7	26			631.380678	1260.747	2				1260.746613	35.27	IFKSQGAALDK					
7	26			711.378303	1420.742	2				1420.737473	32.25	FVEGLPINDFSR					
7	26			711.378303	1420.742	2				1420.737473	26.63	FVEGLPINDFSR					
7	26			907.497829	1812.981	2				1812.979187	55.9	VIVVGNPANTNCLTASK	907.4982	911.5233	2.03	0.48	4.23
7	26			907.498188	1812.982	2				1812.979187	126.08	VIVVGNPANTNCLTASK					
7	26			907.498188	1812.982	2				1812.979187	81.34	VIVVGNPANTNCLTASK					
7	27	IPI00398958	Ribosomal protein SA	738.454888	1474.895	2	1	3.45	0.00	1474.889572	20.41	RKSDGIYIINLK	738.4549	742.48	11.7	0 L	
7	27			884.996995	1767.979	2				1767.975464	102.69	AIVAIENPADVSVISSR	884.997	887.0096	13.4	3.88	3.45
7	27			884.996995	1767.979	2				1767.975464	110.9	AIVAIENPADVSVISSR					
7	27			884.996995	1767.979	2				1767.975464	105.41	AIVAIENPADVSVISSR					
7	27	IPI00399036	PREDICTED: similar to 40:	738.454888	1474.895	2	1	3.45	0.00	1474.889572	20.41	RKSDGIYIINLK					
7	27			884.996995	1767.979	2				1767.975464	102.69	AIVAIENPADVSVISSR					
7	27			884.996995	1767.979	2				1767.975464	110.9	AIVAIENPADVSVISSR					
7	27			884.996995	1767.979	2				1767.975464	105.41	AIVAIENPADVSVISSR					
7	27	IPI00411639	Laminin receptor-like prote	738.454888	1474.895	2	1	3.45	0.00	1474.889572	20.41	RKSDGIYIINLK					
7	27			884.996995	1767.979	2				1767.975464	102.69	AIVAIENPADVSVISSR					
7	27			884.996995	1767.979	2				1767.975464	110.9	AIVAIENPADVSVISSR					
7	27			884.996995	1767.979	2				1767.975464	105.41	AIVAIENPADVSVISSR					
7	27	IPI00413108	33 kDa protein	738.454888	1474.895	2	1	3.45	0.00	1474.889572	20.41	RKSDGIYIINLK					
7	27			884.996995	1767.979	2				1767.975464	102.69	AIVAIENPADVSVISSR					
7	27			884.996995	1767.979	2				1767.975464	110.9	AIVAIENPADVSVISSR					
7	27			884.996995	1767.979	2				1767.975464	105.41	AIVAIENPADVSVISSR					
7	27	IPI00456731	hypothetical protein LOC3	738.454888	1474.895	2	1	3.45	0.00	1474.889572	20.41	RKSDGIYIINLK					
7	27			884.996995	1767.979	2				1767.975464	102.69	AIVAIENPADVSVISSR					
7	27			884.996995	1767.979	2				1767.975464	110.9	AIVAIENPADVSVISSR					
7	27			884.996995	1767.979	2				1767.975464	105.41	AIVAIENPADVSVISSR					
7	27	IPI00553164	40S ribosomal protein SA	738.454888	1474.895	2	1	3.45	0.00	1474.889572	20.41	RKSDGIYIINLK					
7	27			884.996995	1767.979	2				1767.975464	102.69	AIVAIENPADVSVISSR					
7	27			884.996995	1767.979	2				1767.975464	110.9	AIVAIENPADVSVISSR					
7	27			884.996995	1767.979	2				1767.975464	105.41	AIVAIENPADVSVISSR					
7	27	IPI00745789	PREDICTED: similar to 40:	738.454888	1474.895	2	1	3.45	0.00	1474.889572	20.41	RKSDGIYIINLK					
7	27			884.996995	1767.979	2				1767.975464	102.69	AIVAIENPADVSVISSR					
7	27			884.996995	1767.979	2				1767.975464	110.9	AIVAIENPADVSVISSR					
7	27			884.996995	1767.979	2				1767.975464	105.41	AIVAIENPADVSVISSR					
7	28	IPI00023748	Nascent polypeptide-assoc	821.936362	1641.858	2	1	3.02	0.00	1641.859787	104.75	IEDLSQQAQLAAAEK	821.9364	823.9489	12	3.97	3.02

Band num	prot_hit_nu	prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy
7	28			821.936362	1641.858	2				1641.859787	97.38	IEDLSQQQLAAAEK					
7	28			821.936362	1641.858	2				1641.859787	78.51	IEDLSQQQLAAAEK					
7	29	IPI00152151	CDNA FLJ44003 fis, clone	912.941009	1823.867	2	1	3.46	0.00	1823.863556	61.94	MELDLEPDTSYGGTLR	912.941	914.9536	28.4	8.21	3.46
7	29			912.941009	1823.867	2				1823.863556	96.89	MELDLEPDTSYGGTLR					
7	29			912.941009	1823.867	2				1823.863556	85.73	MELDLEPDTSYGGTLR					
7	29			920.937786	1839.861	2				1839.858475	38.67	MELDLEPDTSYGGTLR					
7	29			920.937786	1839.861	2				1839.858475	23	MELDLEPDTSYGGTLR					
7	29	IPI00446175	CDNA FLJ42659 fis, clone	912.941009	1823.867	2	1	3.46	0.00	1823.863556	61.94	MELDLEPDTSYGGTLR					
7	29			912.941009	1823.867	2				1823.863556	96.89	MELDLEPDTSYGGTLR					
7	29			912.941009	1823.867	2				1823.863556	85.73	MELDLEPDTSYGGTLR					
7	29			920.937786	1839.861	2				1839.858475	38.67	MELDLEPDTSYGGTLR					
7	29			920.937786	1839.861	2				1839.858475	23	MELDLEPDTSYGGTLR					
7	29	IPI00743542	8 kDa protein	912.941009	1823.867	2	1	3.46	0.00	1823.863556	61.94	MELDLEPDTSYGGTLR					
7	29			912.941009	1823.867	2				1823.863556	96.89	MELDLEPDTSYGGTLR					
7	29			912.941009	1823.867	2				1823.863556	85.73	MELDLEPDTSYGGTLR					
7	29			920.937786	1839.861	2				1839.858475	38.67	MELDLEPDTSYGGTLR					
7	29			920.937786	1839.861	2				1839.858475	23	MELDLEPDTSYGGTLR					
7	29	IPI00749302	Hypothetical protein DKFZ	912.941009	1823.867	2	1	3.46	0.00	1823.863556	61.94	MELDLEPDTSYGGTLR					
7	29			912.941009	1823.867	2				1823.863556	96.89	MELDLEPDTSYGGTLR					
7	29			912.941009	1823.867	2				1823.863556	85.73	MELDLEPDTSYGGTLR					
7	29			920.937786	1839.861	2				1839.858475	38.67	MELDLEPDTSYGGTLR					
7	29			920.937786	1839.861	2				1839.858475	23	MELDLEPDTSYGGTLR					
7	30	IPI00026268	Guanine nucleotide-binding	346.210782	690.407	2	2	3.50	0.11	690.408905	21.07	LFDLR					
7	30			417.270166	832.5258	2				832.530746	25.6	VHAIPLR					
7	30			519.278344	1036.542	2				1036.543808	42.42	AGVLAGHDNR					
7	30			346.521427	1036.542	3				1036.543808	44.42	AGVLAGHDNR					
7	30			523.296547	1044.579	2				1044.583954	22.97	LLVSASQDGK					
7	30			523.296547	1044.579	2				1044.583954	34	LLVSASQDGK					
7	30			537.312647	1072.611	2				1072.615265	37.94	LLVSASQDGK					
7	30			641.328699	1280.643	2				1280.645905	40.8	LFVSGACDASAK	641.3287	645.3538	3.72	1.04	3.58
7	30			455.551406	1363.632	3				1363.636749	27.56	IYAMHWGTDSDR					
7	30			455.551436	1363.632	3				1363.636749	20.21	IYAMHWGTDSDR					
7	30			705.389966	1408.765	2				1408.76268	41.16	LIWDSYTTNK					
7	30			705.389966	1408.765	2				1408.76268	45.72	LIWDSYTTNK					
7	30			705.390016	1408.765	2				1408.76268	45.72	LIWDSYTTNK					
7	30			517.905088	1550.693	3				1550.699417	40.04	ELAGHTGYLSCCR	517.9052	519.2469	18	5.27	3.42
7	30			517.905214	1550.694	3				1550.699417	43.17	ELAGHTGYLSCCR					
7	30			517.905214	1550.694	3				1550.699417	47.67	ELAGHTGYLSCCR					
7	30			517.905214	1550.694	3				1550.699417	33.97	ELAGHTGYLSCCR					
7	30	IPI00642117	Beta-subunit signal transd	346.210782	690.407	2	2	3.50	0.11	690.408905	21.07	LFDLR					
7	30			417.270166	832.5258	2				832.530746	25.6	VHAIPLR					
7	30			519.278344	1036.542	2				1036.543808	42.42	AGVLAGHDNR					
7	30			346.521427	1036.542	3				1036.543808	44.42	AGVLAGHDNR					
7	30			523.296547	1044.579	2				1044.583954	22.97	LLVSASQDGK					
7	30			523.296547	1044.579	2				1044.583954	34	LLVSASQDGK					
7	30			537.312647	1072.611	2				1072.615265	37.94	LLVSASQDGK					
7	30			641.328699	1280.643	2				1280.645905	40.8	LFVSGACDASAK					
7	30			455.551406	1363.632	3				1363.636749	27.56	IYAMHWGTDSDR					
7	30			455.551436	1363.632	3				1363.636749	20.21	IYAMHWGTDSDR					
7	30			705.389966	1408.765	2				1408.76268	41.16	LIWDSYTTNK					
7	30			705.389966	1408.765	2				1408.76268	45.72	LIWDSYTTNK					
7	30			705.390016	1408.765	2				1408.76268	45.72	LIWDSYTTNK					
7	30			517.905088	1550.693	3				1550.699417	40.04	ELAGHTGYLSCCR					
7	30			517.905214	1550.694	3				1550.699417	43.17	ELAGHTGYLSCCR					
7	30			517.905214	1550.694	3				1550.699417	47.67	ELAGHTGYLSCCR					
7	30			517.905214	1550.694	3				1550.699417	33.97	ELAGHTGYLSCCR					
7	31	IPI00010779	Tropomyosin 4	636.346476	1270.678	2	2	3.95	0.63	1270.679306	44.67	IQLVEEELDR	636.3465	638.359	19.8	5.66	3.50
7	31			821.9058	1641.797	2				1641.798264	91.63	IQALQQQADEAEDR	821.9058	823.9184	2.68	0.61	4.39
7	31			821.9058	1641.797	2				1641.798264	75.17	IQALQQQADEAEDR					
7	31			821.9058	1641.797	2				1641.798264	30.99	IQALQQQADEAEDR					
7	32	IPI00024911	Endoplasmic reticulum pro	674.852128	1347.69	2	2	40.17	20.35	1347.688736	22.63	ESYPVFYLFDR	674.8521	676.8647	62.2	1.14	54.56
7	32			868.913315	1735.812	2				1735.811127	80.97	ILDQGEDFPASEMTR	868.9133	870.9259	2.32	0.09	25.78
7	32			868.913315	1735.812	2				1735.811127	93.67	ILDQGEDFPASEMTR					

Band num	prot_hit_nu	prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy
7	32			868.913315	1735.812	2				1735.811127	21.97	ILDQGEDFPASEMTR					
7	33	IPI00328218	Isoform 2 of Lipolysis-stim	429.258191	856.5018	2	3	1.20	0.03	856.504242	24.38	LLEEAVR	429.2583	431.2709	13.9	11.7	1.19
7	33			429.258297	856.502	2				856.504242	29.55	LLEEAVR					
7	33			852.390128	1702.766	2				1702.764526	77.51	AMSEVTSLHEDDWR	852.3901	854.4027	2.42	2.06	1.17
7	33			852.390128	1702.766	2				1702.764526	79.18	AMSEVTSLHEDDWR					
7	33			575.627233	1723.86	3				1723.866592	22.52	ELANFDSRPGPPSGR	575.6272	576.9689	5.06	4.09	1.24
7	33			575.627233	1723.86	3				1723.866592	33.31	ELANFDSRPGPPSGR					
7	33			862.939612	1723.865	2				1723.866592	23.09	ELANFDSRPGPPSGR					
7	33	IPI00409640	Isoform 1 of Lipolysis-stim	429.258191	856.5018	2	3	1.20	0.03	856.504242	24.38	LLEEAVR					
7	33			429.258297	856.502	2				856.504242	29.55	LLEEAVR					
7	33			852.390128	1702.766	2				1702.764526	77.51	AMSEVTSLHEDDWR					
7	33			852.390128	1702.766	2				1702.764526	79.18	AMSEVTSLHEDDWR					
7	33			575.627233	1723.86	3				1723.866592	22.52	ELANFDSRPGPPSGR					
7	33			575.627233	1723.86	3				1723.866592	33.31	ELANFDSRPGPPSGR					
7	33			862.939612	1723.865	2				1723.866592	23.09	ELANFDSRPGPPSGR					
7	33	IPI00409641	LISCH protein isoform 3	429.258191	856.5018	2	3	1.20	0.03	856.504242	24.38	LLEEAVR					
7	33			429.258297	856.502	2				856.504242	29.55	LLEEAVR					
7	33			852.390128	1702.766	2				1702.764526	77.51	AMSEVTSLHEDDWR					
7	33			852.390128	1702.766	2				1702.764526	79.18	AMSEVTSLHEDDWR					
7	33			575.627233	1723.86	3				1723.866592	22.52	ELANFDSRPGPPSGR					
7	33			575.627233	1723.86	3				1723.866592	33.31	ELANFDSRPGPPSGR					
7	33			862.939612	1723.865	2				1723.866592	23.09	ELANFDSRPGPPSGR					
7	33	IPI00641640	LISCH protein isoform 1	429.258191	856.5018	2	3	1.20	0.03	856.504242	24.38	LLEEAVR					
7	33			429.258297	856.502	2				856.504242	29.55	LLEEAVR					
7	33			852.390128	1702.766	2				1702.764526	77.51	AMSEVTSLHEDDWR					
7	33			852.390128	1702.766	2				1702.764526	79.18	AMSEVTSLHEDDWR					
7	33			575.627233	1723.86	3				1723.866592	22.52	ELANFDSRPGPPSGR					
7	33			575.627233	1723.86	3				1723.866592	33.31	ELANFDSRPGPPSGR					
7	33			862.939612	1723.865	2				1723.866592	23.09	ELANFDSRPGPPSGR					
7	34	IPI00293427	zinc finger/RING finger 2	608.83475	1215.655	2	2	2.59	0.16	1215.659531	75.99	SLGGAVGSVASGAR	608.8348	610.8474	13.4	4.97	2.70
7	34			608.834808	1215.655	2				1215.659531	78.04	SLGGAVGSVASGAR					
7	34			932.151422	2793.432	3				2793.433426	24.22	FPAQVPSAHQPSASGGAAAAAAPAAPAPR	932.1514	933.4931	1.04	0.42	2.48
7	34			932.151422	2793.432	3				2793.433426	36.84	FPAQVPSAHQPSASGGAAAAAAPAAPAPR					
7	35	IPI00453476	PREDICTED: similar to Ph	393.571786	1177.694	3	3	2.72	0.50	1177.695557	41.93	VLIAAHGNSLR	393.572	394.9137	20.7	7.95	2.60
7	35			393.571974	1177.694	3				1177.695557	55.6	VLIAAHGNSLR					
7	35			870.491452	1738.968	2				1738.968216	37.42	ALPFWNEEIVPQIK	870.4995	874.5166	1.34	0.41	3.27
7	35			870.491452	1738.968	2				1738.968216	63.32	ALPFWNEEIVPQIK					
7	35			825.064817	2472.173	3				2472.169586	20.73	SYDVPPPMPEPDHPFYSNISK					
7	35			827.749326	2480.226	3				2480.212921	20.9	YADLTEDQLPSCESLKDTIAR	827.7493	830.4327	1.67	0.73	2.29
7	35			827.749326	2480.226	3				2480.212921	27.78	YADLTEDQLPSCESLKDTIAR					
7	35			827.749326	2480.226	3				2480.212921	20.45	YADLTEDQLPSCESLKDTIAR					
7	35	IPI00549725	Phosphoglycerate mutase	393.571786	1177.694	3	3	2.72	0.50	1177.695557	41.93	VLIAAHGNSLR					
7	35			393.571974	1177.694	3				1177.695557	55.6	VLIAAHGNSLR					
7	35			870.491452	1738.968	2				1738.968216	37.42	ALPFWNEEIVPQIK					
7	35			870.491452	1738.968	2				1738.968216	63.32	ALPFWNEEIVPQIK					
7	35			825.064817	2472.173	3				2472.169586	20.73	SYDVPPPMPEPDHPFYSNISK					
7	35			827.749326	2480.226	3				2480.212921	20.9	YADLTEDQLPSCESLKDTIAR					
7	35			827.749326	2480.226	3				2480.212921	27.78	YADLTEDQLPSCESLKDTIAR					
7	35			827.749326	2480.226	3				2480.212921	20.45	YADLTEDQLPSCESLKDTIAR					
7	35	IPI00740800	PREDICTED: similar to Ph	393.571786	1177.694	3	3	2.72	0.50	1177.695557	41.93	VLIAAHGNSLR					
7	35			393.571974	1177.694	3				1177.695557	55.6	VLIAAHGNSLR					
7	35			870.491452	1738.968	2				1738.968216	37.42	ALPFWNEEIVPQIK					
7	35			870.491452	1738.968	2				1738.968216	63.32	ALPFWNEEIVPQIK					
7	35			825.064817	2472.173	3				2472.169586	20.73	SYDVPPPMPEPDHPFYSNISK					
7	35			827.749326	2480.226	3				2480.212921	20.9	YADLTEDQLPSCESLKDTIAR					
7	35			827.749326	2480.226	3				2480.212921	27.78	YADLTEDQLPSCESLKDTIAR					
7	35			827.749326	2480.226	3				2480.212921	20.45	YADLTEDQLPSCESLKDTIAR					
7	36	IPI00554788	49 kDa protein	535.321523	1068.628	2	2	3.31	0.82	1068.631577	44.38	IVLQIDNAR	535.3215	537.3341	16	4.12	3.88
7	36			535.321523	1068.628	2				1068.631577	40.53	IVLQIDNAR					
7	36			674.35611	1346.698	2				1346.696686	67.3	AQIFANTVDNAR	674.3561	676.3687	3.55	1.3	2.73
7	36			674.356391	1346.698	2				1346.696686	66.75	AQIFANTVDNAR					
7	36	IPI00784347	Keratin, type I cytoskeletal	535.321523	1068.628	2	2	3.31	0.82	1068.631577	44.38	IVLQIDNAR					
7	36			535.321523	1068.628	2				1068.631577	40.53	IVLQIDNAR					

Band num	prot_hit_nu	prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy	
7	36			674.35611	1346.698	2				1346.696686	67.3	AQIFANTVDNAR						
7	36			674.356391	1346.698	2				1346.696686	66.75	AQIFANTVDNAR						
7	37	IPI00024095	Annexin A3	479.288678	956.5628	2	3	2.17	0.62	956.567917	38.64	ALLTLADGR	479.2887	481.3012		3.6	1.37	2.63
7	37			807.370686	1612.727	2				1612.724091	62.88	SLGDDISSETSGDFR	807.3707	809.3832	1.48	0.61	2.43	
7	37			851.454732	1700.895	2				1700.896896	82.89	GAGTNEALIEILTR	851.4547	853.4673	3.61	2.46	1.47	
7	37	IPI00745868	36 kDa protein	479.288678	956.5628	2	3	2.17	0.62	956.567917	38.64	ALLTLADGR						
7	37			807.370686	1612.727	2				1612.724091	62.88	SLGDDISSETSGDFR						
7	37			851.454732	1700.895	2				1700.896896	82.89	GAGTNEALIEILTR						
7	38	IPI00022624	Retinoic acid-induced prote	388.718599	775.4226	2	1	5.59	0.00	775.425278	20.04	EFISIPR						
7	38			731.391824	1460.769	2				1460.764755	70.42	TNNVVFSELSAPR	731.3918	733.4044	12.3	2.2	5.59	
7	38			731.391824	1460.769	2				1460.764755	77.59	TNNVVFSELSAPR						
7	39	IPI00022284	Major prion protein precurs	800.378169	1598.742	2	1	1.14	0.00	1598.745697	81.24	VVEQMCITQYER	800.3782	802.3907	1.25	1.1	1.14	
7	39			800.378169	1598.742	2				1598.745697	50.76	VVEQMCITQYER						
7	39	IPI00382843	Prion protein	800.378169	1598.742	2	1	1.14	0.00	1598.745697	81.24	VVEQMCITQYER						
7	39			800.378169	1598.742	2				1598.745697	50.76	VVEQMCITQYER						
7	40	IPI00001734	Isoform 1 of Phosphoserine	524.295551	1046.577	2	4	4.05	1.50	1046.578476	55.51	DDLGFALR	524.2956	526.3081	13.3	4.06	3.28	
7	40			524.296439	1046.578	2				1046.578476	45.97	DDLGFALR						
7	40			607.347394	1212.68	2				1212.685059	25.48	IINNTENLVR	607.3474	609.36	39.7	13.5	2.94	
7	40			607.347394	1212.68	2				1212.685059	44.29	IINNTENLVR						
7	40			607.347394	1212.68	2				1212.685059	48.22	IINNTENLVR						
7	40			609.342324	1216.67	2				1216.672775	34.46	ELLAVPDNYK	609.3423	613.3674	140	37.3	3.75	
7	40			438.238974	1311.695	3				1311.69931	24.67	GVGIVLEMSHR						
7	40	IPI00219478	Isoform 2 of Phosphoserine	524.295551	1046.577	2	4	4.05	1.50	1046.578476	55.51	DDLGFALR	438.239	439.5807	10.8	1.73	6.24	
7	40			524.296439	1046.578	2				1046.578476	45.97	DDLGFALR						
7	40			607.347394	1212.68	2				1212.685059	25.48	IINNTENLVR						
7	40			607.347394	1212.68	2				1212.685059	44.29	IINNTENLVR						
7	40			607.347394	1212.68	2				1212.685059	48.22	IINNTENLVR						
7	40			609.342324	1216.67	2				1216.672775	34.46	ELLAVPDNYK						
7	40			438.238974	1311.695	3				1311.69931	24.67	GVGIVLEMSHR						
7	41	IPI00171199	Isoform 2 of Proteasome su	623.343415	1244.672	2	1	3.04	0.00	1244.674881	70.17	AVENSSTAIGIR	623.3434	625.356	7.35	2.42	3.04	
7	41			623.343415	1244.672	2				1244.674881	61.29	AVENSSTAIGIR						
7	41	IPI00419249	proteasome alpha 3 subun	623.343415	1244.672	2	1	3.04	0.00	1244.674881	70.17	AVENSSTAIGIR						
7	41			623.343415	1244.672	2				1244.674881	61.29	AVENSSTAIGIR						
7	42	IPI00465431	Galectin-3	445.757133	889.4997	2	2	3.33	0.09	889.504593	24.11	IALDFQR	445.7571	447.7697	32	9.81	3.26	
7	42			559.96369	1676.869	3				1676.877106	55.31	VAVNDAHLLQYNHR	559.9637	561.3054	15.1	4.45	3.39	
7	42			559.96369	1676.869	3				1676.877106	35.13	VAVNDAHLLQYNHR						
7	42			420.22544	1676.873	4				1676.877106	42.77	VAVNDAHLLQYNHR						
7	43	IPI00291006	Malate dehydrogenase, mi	631.380678	1260.747	2	2	4.03	1.14	1260.746597	37.2	IFGVTTLDIVR	631.3807	633.3932	12.9	4	3.23	
7	43			631.380678	1260.747	2				1260.746597	44.56	IFGVTTLDIVR						
7	43			925.08152	1848.148	2				1848.147202	53.46	VAVLGASGGIGQPLSLLK	825.0815	929.1066	1.79	0.37	4.84	
7	44	IPI00025512	Heat-shock protein beta-1	552.305438	1102.596	2	2	2.72	2.03	1102.600662	37.29	QLSSGVSEIR	552.3054	554.318	9.52	2.29	4.16	
7	44			967.519561	1933.025	2				1933.018082	72.07	LATQSGNEITPVTFESR	967.5196	969.5321	1.72	1.34	1.28	
7	45	IPI00022977	Creatine kinase B-type	666.385073	1330.756	2	2	4.23	0.94	1330.752075	48.42	VLTPELYAELR	666.3851	668.3976	5.35	1.5	3.57	
7	45			666.385073	1330.756	2				1330.752075	36.04	VLTPELYAELR						
7	45			807.943142	1613.872	2				1613.864853	43.68	LAVEALSSLDGDLAGR	807.9431	809.9557	9.59	1.96	4.89	
7	46	IPI00022202	Isoform A of Phosphate ca	695.378014	1388.741	2	1	3.59	0.00	1388.743652	45.07	IQTQPGYANTLR	695.378	697.3906	7.8	2.17	3.59	
7	46			695.378014	1388.741	2				1388.743652	54.93	IQTQPGYANTLR						
7	46	IPI00215777	Isoform B of Phosphate ca	695.378014	1388.741	2	1	3.59	0.00	1388.743652	45.07	IQTQPGYANTLR						
7	46			695.378014	1388.741	2				1388.743652	54.93	IQTQPGYANTLR						
7	47	IPI00418262	Fructose-bisphosphate ald	320.723756	639.433	2	2	6.24	1.67	639.434387	23.95	IVAPGK	320.7238	324.7489	1.93	0.26	7.42	
7	47			410.270323	818.5261	2				818.529007	25.64	VLAAYYK	410.2703	414.2954	17.7	3.5	5.06	
7	47			1151.08542	2300.156	2				2300.151978	25.55	GVVPLAGTDGETTTQGLDGLSER	1151.094	1153.106	3.07	0	L	
7	47			1151.09373	2300.173	2				2300.151978	59.61	GVVPLAGTDGETTTQGLDGLSER						
7	48	IPI00023048	Elongation factor 1-delta	693.883426	1385.752	2	2	4.11	1.19	1385.75386	54.47	IASLEVENQSLR	693.8834	695.896	5.06	1.55	3.26	
7	48			484.582666	1450.726	3				1450.737534	37.06	ATAPQTQHVSPMR	484.5827	485.9244	1.83	0.37	4.95	
7	48			484.582666	1450.726	3				1450.737534	32.75	ATAPQTQHVSPMR						
7	48	IPI00064086	EEF1D protein	693.883426	1385.752	2	2	4.11	1.19	1385.75386	54.47	IASLEVENQSLR						
7	48			484.582666	1450.726	3				1450.737534	37.06	ATAPQTQHVSPMR						
7	48			484.582666	1450.726	3				1450.737534	32.75	ATAPQTQHVSPMR						
7	48	IPI00100137	PREDICTED: similar to Elc	693.883426	1385.752	2	2	4.11	1.19	1385.75386	54.47	IASLEVENQSLR						
7	48			484.582666	1450.726	3				1450.737534	37.06	ATAPQTQHVSPMR						
7	48			484.582666	1450.726	3				1450.737534	32.75	ATAPQTQHVSPMR						
7	48	IPI00642971	eukaryotic translation elon	693.883426	1385.752	2	2	4.11	1.19	1385.75386	54.47	IASLEVENQSLR						

Band num	prot_hit_nu	prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy
7	48			484.582666	1450.726	3				1450.737534	37.06	ATAPQTQHVSPMR					
7	48			484.582666	1450.726	3				1450.737534	32.75	ATAPQTQHVSPMR					
7	49	IPI00011253	40S ribosomal protein S3	658.854069	1315.694	2	1	5.51	0.00	1315.694244	54.01	GLCAIAQAESLR	658.8541	660.8666	3.03	0.55	5.51
7	50	IPI00024175	Isoform 1 of Proteasome s	831.954987	1661.895	2	1	2.43	0.00	1661.89003	33.81	LTVEDPVTVEYITR	831.955	833.9675	3.6	1.48	2.43
7	50			831.954987	1661.895	2				1661.89003	47.82	LTVEDPVTVEYITR					
7	50	IPI00154509	Isoform 1 of Proteasome s	831.954987	1661.895	2	1	2.43	0.00	1661.89003	33.81	LTVEDPVTVEYITR					
7	50			831.954987	1661.895	2				1661.89003	47.82	LTVEDPVTVEYITR					
7	50	IPI00218372	Isoform 2 of Proteasome s	831.954987	1661.895	2	1	2.43	0.00	1661.89003	33.81	LTVEDPVTVEYITR					
7	50			831.954987	1661.895	2				1661.89003	47.82	LTVEDPVTVEYITR					
7	50	IPI00218373	Isoform 4 of Proteasome s	831.954987	1661.895	2	1	2.43	0.00	1661.89003	33.81	LTVEDPVTVEYITR					
7	50			831.954987	1661.895	2				1661.89003	47.82	LTVEDPVTVEYITR					
7	50	IPI00219950	Isoform 2 of Proteasome s	831.954987	1661.895	2	1	2.43	0.00	1661.89003	33.81	LTVEDPVTVEYITR					
7	50			831.954987	1661.895	2				1661.89003	47.82	LTVEDPVTVEYITR					
7	50	IPI00647380	OTTHUMP00000031453	831.954987	1661.895	2	1	2.43	0.00	1661.89003	33.81	LTVEDPVTVEYITR					
7	50			831.954987	1661.895	2				1661.89003	47.82	LTVEDPVTVEYITR					
7	50	IPI00647838	Proteasome subunit alpha	831.954987	1661.895	2	1	2.43	0.00	1661.89003	33.81	LTVEDPVTVEYITR					
7	50			831.954987	1661.895	2				1661.89003	47.82	LTVEDPVTVEYITR					
7	50	IPI00748423	Isoform 3 of Proteasome s	831.954987	1661.895	2	1	2.43	0.00	1661.89003	33.81	LTVEDPVTVEYITR					
7	50			831.954987	1661.895	2				1661.89003	47.82	LTVEDPVTVEYITR					
7	51	IPI00305551	Guanine nucleotide-bindin	858.492004	1714.969	2	1	2.80	0.00	1714.964203	53.12	IATLGLYPTQQDVL	858.492	860.5046	2.69	0.96	2.80
7	52	IPI00216587	40S ribosomal protein S8	873.977013	1745.939	2	1	3.37	0.00	1745.933594	49.17	IIDVVYNASNNELVR	873.977	875.9896	2.56	0.76	3.37
7	52			873.977013	1745.939	2				1745.933594	20.38	IIDVVYNASNNELVR					
7	52	IPI00645201	Ribosomal protein S8	873.977013	1745.939	2	1	3.37	0.00	1745.933594	49.17	IIDVVYNASNNELVR					
7	52			873.977013	1745.939	2				1745.933594	20.38	IIDVVYNASNNELVR					
7	53	IPI00002821	60S ribosomal protein L14	622.326872	1242.639	2	1	4.33	0.00	1242.641495	36.76	ALVDGPCTQVR	622.3229	624.3394	3.85	0.89	4.33
7	53			622.326872	1242.639	2				1242.641495	37.38	ALVDGPCTQVR					
7	53	IPI00069693	Similar to ribosomal protei	622.326872	1242.639	2	1	4.33	0.00	1242.641495	36.76	ALVDGPCTQVR					
7	53			622.326872	1242.639	2				1242.641495	37.38	ALVDGPCTQVR					
7	53	IPI00555744	RPL14 protein	622.326872	1242.639	2	1	4.33	0.00	1242.641495	36.76	ALVDGPCTQVR					
7	53			622.326872	1242.639	2				1242.641495	37.38	ALVDGPCTQVR					
7	53	IPI00739139	PREDICTED: similar to 60S	622.326872	1242.639	2	1	4.33	0.00	1242.641495	36.76	ALVDGPCTQVR					
7	53			622.326872	1242.639	2				1242.641495	37.38	ALVDGPCTQVR					
7	53	IPI00745587	16 kDa protein	622.326872	1242.639	2	1	4.33	0.00	1242.641495	36.76	ALVDGPCTQVR					
7	53			622.326872	1242.639	2				1242.641495	37.38	ALVDGPCTQVR					
7	54	IPI00218200	B-cell receptor-associated	530.28299	1058.551	2	1	4.75	0.00	1058.556686	48.02	AENQVLAMR	530.283	532.2956	9.92	2.09	4.75
7	54	IPI00787597	PREDICTED: similar to B-c	530.28299	1058.551	2	1	4.75	0.00	1058.556686	48.02	AENQVLAMR					
7	55	IPI00007188	ADP/ATP translocase 2	465.761254	929.508	2	1	6.16	0.00	929.510727	47.15	GAWSNVLR	465.7613	467.7738	8.68	1.41	6.16
7	55	IPI00022891	ADP/ATP translocase 1	465.761254	929.508	2	1	6.16	0.00	929.510727	47.15	GAWSNVLR					
7	55	IPI00291467	ADP/ATP translocase 3	465.761254	929.508	2	1	6.16	0.00	929.510727	47.15	GAWSNVLR					
7	56	IPI00024650	Monocarboxylate transport	684.350209	1366.686	2	1	5.79	0.00	1366.686539	45.15	DLHDANTDLIGR	684.3502	686.3628	3.36	0.58	5.79
7	56	IPI00643709	Solute carrier family 16	684.350209	1366.686	2	1	5.79	0.00	1366.686539	45.15	DLHDANTDLIGR					
7	56	IPI00646589	Solute carrier family 16	684.350209	1366.686	2	1	5.79	0.00	1366.686539	45.15	DLHDANTDLIGR					
7	57	IPI00008522	Sodium channel protein ty	913.94096	1825.867	2	1	27.52	0.00	1825.878052	30.08	MEFFIGSLETNNFRR	913.941	915.9536	42.1	1.53	27.52
7	57			913.94096	1825.867	2				1825.878052	20.55	MEFFIGSLETNNFRR					
7	57			913.941022	1825.867	2				1825.878052	33.22	MEFFIGSLETNNFRR					
7	57			913.941042	1825.868	2				1825.878052	25.53	MEFFIGSLETNNFRR					
7	57			913.94122	1825.868	2				1825.878052	27.5	MEFFIGSLETNNFRR					
7	57	IPI00783779	221 kDa protein	913.94096	1825.867	2	1	27.52	0.00	1825.878052	30.08	MEFFIGSLETNNFRR					
7	57			913.94096	1825.867	2				1825.878052	20.55	MEFFIGSLETNNFRR					
7	57			913.941022	1825.867	2				1825.878052	33.22	MEFFIGSLETNNFRR					
7	57			913.941042	1825.868	2				1825.878052	25.53	MEFFIGSLETNNFRR					
7	57			913.94122	1825.868	2				1825.878052	27.5	MEFFIGSLETNNFRR					
7	58	IPI00556231	Hypothetical protein	602.335808	1202.657	2	1	20.00	0.00	1202.660507	41.62	EITALAPSAMK	602.3358	606.3609	10.6	0.53	20.00
7	59	IPI00413641	Aldose reductase	460.762588	919.5106	2	2	3.29	0.56	919.515137	30.96	VAIDVGYR	460.7626	462.7751	39.4	13.6	2.90
7	59			465.291402	928.5683	2				928.573013	40.24	TTAQLVLR	465.2914	467.304	17.6	4.78	3.68
7	60	IPI00008986	Large neutral amino acids	865.424037	1728.834	2	1	2.08	0.00	1728.830246	37.58	SADGSAPAGEGEGVTLQR	865.424	867.4366	0.52	0.25	2.08
7	60			865.425498	1728.836	2				1728.830246	29.32	SADGSAPAGEGEGVTLQR					
7	61	IPI00219678	Eukaryotic translation initia	688.850108	1375.686	2	1	1.49	0.00	1375.685532	38.82	VVTDTDTELAR	688.8501	690.8627	1.85	1.24	1.49
7	62	IPI00019755	Glutathione transferase orr	551.836135	1101.658	2	1	3.99	0.00	1101.657043	38.07	VPSLVGSFIR	551.8361	553.8487	15.8	3.96	3.99
7	62	IPI00642936	Glutathione S-transferase c	551.836135	1101.658	2	1	3.99	0.00	1101.657043	38.07	VPSLVGSFIR					
7	63	IPI00171819	Isoform 2 of FERM, RhoGE	442.780975	883.5474	2	1	L	0.00	883.540329	37.95	ALTADLPK	442.781	446.8061	49.9	0	L
7	63	IPI00744221	Isoform 1 of FERM, RhoGE	442.780975	883.5474	2	1	L	0.00	883.540329	37.95	ALTADLPK					
7	64	IPI00179757	Kinesin-like protein KIF1C	538.791431	1075.568	2	1	L	0.00	1075.560791	37.56	VGVQVMDIK	538.7914	542.8165	22.9	0	L

Band num	prot_hit_nu	prot_acc	prot_desc	pep_exp_mz	pep_exp_n	pep_exp_z	quantific	average	stdev	pep_calc_mr	pep_score	pep_seq	light m/z	heavy m/z	light intensity	heavy intensity	ratio light/heavy
7	64			538.791431	1075.568	2				1075.560791	27.4	VGQVDMDIK					
7	65	IPI00019976	Delta-interacting protein A	385.748116	769.4817	2	1	2.62	0.00	769.480988	26.7	LAALVQR	385.7478	387.7603	104	39.7	2.62
7	65			385.748116	769.4817	2				769.480988	20.12	LAALVQR					
7	65			385.748116	769.4817	2				769.480988	32.5	LAALVQR					
7	65			385.748116	769.4817	2				769.480988	30.54	LAALVQR					
7	66	IPI00217439	Isoform 1 of Codanin-1	573.830593	1145.647	2	1	L	0.00	1145.650253	27.83	MAAVLESLLR	573.8332	577.8583	6.93		0 L
7	66			573.830593	1145.647	2				1145.650253	34.69	MAAVLESLLR					
7	66			573.830593	1145.647	2				1145.650253	20.52	MAAVLESLLR					
7	66			573.833168	1145.652	2				1145.650253	29.3	MAAVLESLLR					
7	66			573.833168	1145.652	2				1145.650253	28.86	MAAVLESLLR					
7	66			573.833168	1145.652	2				1145.650253	21.65	MAAVLESLLR					
7	66	IPI00386747	Isoform 2 of Codanin-1	573.830593	1145.647	2	1	L	0.00	1145.650253	27.83	MAAVLESLLR					
7	66			573.830593	1145.647	2				1145.650253	34.69	MAAVLESLLR					
7	66			573.830593	1145.647	2				1145.650253	20.52	MAAVLESLLR					
7	66			573.833168	1145.652	2				1145.650253	29.3	MAAVLESLLR					
7	66			573.833168	1145.652	2				1145.650253	28.86	MAAVLESLLR					
7	66			573.833168	1145.652	2				1145.650253	21.65	MAAVLESLLR					
7	67	IPI00442228	CDNA FLJ16563 fis, clone	581.827599	1161.641	2	1	2.41	0.00	1161.631927	33.4	TWGPTFRNK	581.8276	585.8527	1.83	0.76	2.41
7	67	IPI00443642	CDNA FLJ46815 fis, clone	581.827599	1161.641	2				1161.631927	33.4	TWGPTFRNK					
7	68	IPI00178743	ALMS1	563.827187	1125.64	2	1	7.06	0.00	1125.639359	32.88	QALLDSPLNK	563.8272	565.8397	3.32	0.47	7.06
7	68	IPI00740123	Isoform 2 of Alstrom syndr	563.827187	1125.64	2	1	7.06	0.00	1125.639359	32.88	QALLDSPLNK					
7	68	IPI00740909	Isoform 3 of Alstrom syndr	563.827187	1125.64	2	1	7.06	0.00	1125.639359	32.88	QALLDSPLNK					
7	69	IPI00032137	Alpha-actinin-3	949.521974	1897.029	2	1	8.35	0.00	1897.034653	32.53	RQFAAQANAIGPWQAK	949.522	951.4345	4.59	0.55	8.35
7	69			949.521974	1897.029	2				1897.034653	22.31	RQFAAQANAIGPWQAK					
7	70	IPI00029702	Isoform 1 of Protein tyrosin	525.266299	1048.518	2	1	L	0.00	1048.524765	21.03	KDCTLDNK	525.2663	529.2914	3.9		0 L
7	70			525.266299	1048.518	2				1048.524765	32.4	KDCTLDNK					
7	70	IPI00216435	Isoform 2 of Protein tyrosin	525.266299	1048.518	2	1	L	0.00	1048.524765	21.03	KDCTLDNK					
7	70			525.266299	1048.518	2				1048.524765	32.4	KDCTLDNK					
7	70	IPI00443767	CDNA FLJ46514 fis, clone	525.266299	1048.518	2	1	L	0.00	1048.524765	21.03	KDCTLDNK					
7	70			525.266299	1048.518	2				1048.524765	32.4	KDCTLDNK					
7	71	IPI00396154	PHD finger protein 20-like	815.903567	1629.793	2	1	L	0.00	1629.805649	20.32	SSGSSLASRSMFTEK	815.9036	817.9161	6.04		0 L
7	71			815.903567	1629.793	2				1629.805649	21.2	SSGSSLASRSMFTEK					
7	71			815.903567	1629.793	2				1629.805649	31.96	SSGSSLASRSMFTEK					
7	72	IPI00026154	Glucosidase 2 subunit beta	624.320394	1246.626	2	1	4.48	0.00	1246.625168	31.17	SLEDQVEMLR	624.3204	626.333	4.93	1.1	4.48
7	72	IPI00419384	protein kinase C substrate	624.320394	1246.626	2	1	4.48	0.00	1246.625168	31.17	SLEDQVEMLR					
7	73	IPI00219617	Ribose-phosphate pyrophc	430.7295	859.4444	2	1	3.20	0.00	859.440826	30.24	MKHCTK	430.7295	436.7672	8.87	2.77	3.20
7	73	IPI00718888	phosphoribosyl pyrophospl	430.7295	859.4444	2	1	3.20	0.00	859.440826	30.24	MKHCTK					
7	74	IPI00010896	Chloride intracellular chanr	533.290987	1064.567	2	2	3.48	0.58	1064.567902	29.96	GFTIPEAFR	533.291	535.3035	7.47	1.92	3.89
7	74			533.290987	1064.567	2				1064.567902	30.12	IGNCPFSQR	533.7733	55.78589	2.86	0.93	3.08
7	74	IPI00646484	Chloride intracellular chanr	533.290987	1064.567	2	2	3.48	0.58	1064.567902	29.96	GFTIPEAFR					
7	74			533.290987	1064.567	2				1064.567902	30.12	IGNCPFSQR					
7	75	IPI00449906	Isoform 1 of Rho guanine r	458.739299	915.464	2	1	34.00	0.00	915.468597	30.07	DEVQELR	458.7393	460.7519	10.2	0.3	34.00
7	75	IPI00641543	Rho guanine nucleotide ex	458.739299	915.464	2	1	34.00	0.00	915.468597	30.07	DEVQELR					