Suppl Table 3. Database Search Results Using Alternate CID/PQD$_{modified}$ on Six Protein Mixture in the Presence of 0.1% m-Nitrobenzyl Alcohol (m-NBA)

The right three columns indicate the Xcorr for CID, PQD$_{modified,}$ and their ratios, respectively

Reference File, Scan(s)	Sequence	MH+	Charge	Xcorr (merged CID/PQD)	Score Delta Cn	Accession Sp	RSp	Peptides (Hits) Ions	Count	Xcorr (CID)	Xcorr (PQD)	Ratio (PQD/CID)
gi|1351907|sp|P02769|ALBU_BOVIN Serum albumin precursor (Allergen Bos d 6) (BS								139 (139 0 0 0 0)				
1297 - 1298	R.DTHKSEIAHR.F	1481.9	3	3.35	0.43	1681.3	1	24/36		2.6	3.56	1.37
1422 - 1423	K.NYQEAK.D	1040.7	2	2.35	0.27	771.4	1	10/10		2.45	2.38	0.97
1697 - 1698	K.ATEEQLK.T	1106.7	2	3.09	0.21	755.6	1	12/12		3.03	3.18	1.05
1707 - 1708	K.ATEEQLK.T	1106.7	2	2.31	0.20	433.6	1	12/12		2.23	2.25	1.01
1952 - 1953	R.CCTKPESER.M	1432.9	2	2.80	0.31	510.6	1	14/16		3.17	2.78	0.88
1984 - 1985	K.DDSPDLPK.L	1174.7	1	2.26	0.34	731.3	1	14/14		2.14	2.25	1.05
2012 - 2013	K.DLGEEHFK.G	1262.8	3	3.36	0.40	955.3	1	14/14		3.46	3.18	0.92
2027 - 2028	R.CASIQK.F	983.7	2	2.02	0.19	789.9	1	10/10		2.21	1.97	0.89
2052 - 2053	R.CASIQK.F	983.7	2	1.65	0.13	384.5	2	10/10		1.84	1.77	0.96
2067 - 2068	K.SHCIAEVEK.D	1349.9	3	4.57	0.35	2026.2	1	23/32		4.1	3.72	0.91
2072 - 2073	K.SHCIAEVEK.D	1349.9	3	3.55	0.42	2020.3	1	16/16		3.79	3.42	0.90
2077 - 2078	K.TCVADESHAGCEK.S	1730.0	3	4.56	0.56	1494.4	1	28/48		4.14	4.26	1.03
2087 - 2088	R.LSQKFPK.A	1280.0	2	2.51	0.25	675.2	2	12/12		2.48	2.42	0.97
2089 - 2090	K.TCVADESHAGCEK.S	1730.0	2	4.80	0.53	2518.5	1	24/24		5.11	5.00	0.98
2094 - 2095	K.SHCIAEVEK.D	1349.9	2	2.72	0.47	1079.5	1	15/16		2.39	3.31	1.38
2139 - 2140	K.QNCDQFEK.L	1345.8	2	3.05	0.27	918.8	1	14/14		3.35	3.32	0.99
2199 - 2200	K.QEPERNECFLSHK.D	1951.2	3	4.38	0.38	1403.5	1	28/48		4.83	4.12	0.85
2309 - 2310	R.FKDLGEEHFK.G	1682.1	3	5.15	0.40	3151.9	1	30/36		5.09	5.34	1.05
2324 - 2325	R.FKDLGEEHFK.G	1682.1	2	3.72	0.34	1509.3	1	18/18		4.41	3.58	0.81
2349 - 2350	R.NECFLSHK.D	1311.9	3	3.04	0.29	1199.6	1	18/28		3.24	2.71	0.83
2379 - 2380	R.NECFLSHK.D	1311.9	3	2.95	0.41	1099.2	1	14/14		3.24	3.35	1.03
2392 - 2393	K.AEFVEVTK.L	1210.8	2	3.42	0.39	1602.4	1	14/14		3.62	3.42	0.94
2399 - 2400	K.CCTESLVNR.R	1260.8	2	3.68	0.38	1417.7	1	16/16		3.43	3.83	1.12
2404 - 2405	K.AEFVEVTK.L	1210.8	2	2.87	0.40	851.4	1	14/14		2.92	2.97	1.02
2417 - 2418	K.QEPERNECFLSHKDDSPDLPK.L	2962.7	3	4.61	0.53	1721.2	1	39/80		5.79	3.57	0.62
2454 - 2455	R.ETYGDM*ADCCEK.Q	1761.0	2	4.41	0.49	1541.7	1	22/22		4.74	4.06	0.86
2472 - 2473	R.LCVLHEK.T	1175.9	3	2.78	0.17	650.8	6	14/24		2.53	2.66	1.05
2477 - 2478	R.LCVLHEK.T	1175.9	3	2.78	0.22	1231.3	1	12/12		3.08	2.91	0.94
2514 - 2515	K.LVTDLTK.V	1077.8	2	2.41	0.24	1120.8	1	12/12		2.44	2.36	0.97
2519 - 2520	K.LVTDLTK.V	1077.8	2	2.13	0.30	570.9	1	12/12		1.93	2.20	1.14
2532 - 2533	R.NECFLSHKDDSPDLPK.L	2323.4	3	4.19	0.40	1834.2	1	33/60		4.02	3.79	0.94
2559 - 2560	K.YICDNQDTISSK.L	1721.0	2	4.51	0.58	2433.1	1	22/22		5.01	4.56	0.91
2597 - 2598	K.YICDNQDTISSK.L	1721.0	2	4.76	0.63	1350.0	1	17/22		3.55	4.73	1.33
2604 - 2605	R.KVPQVSTPTLVEVSR.S	1928.3	3	4.74	0.47	1096.0	1	28/56		4.75	4.43	0.93
2617 - 2618	R.KVPQVSTPTLVEVSR.S	1928.3	2	3.82	0.57	927.7	1	23/28		4.42	3.40	0.77
2632 - 2633	R.RHPEYAVSVLLR.L	1584.0	2	3.89	0.45	596.3	1	18/22		3.99	3.05	0.76
2682 - 2683	K.ECCDKPLLEK.S	1702.2	3	3.54	0.40	1058.2	1	22/36		3.24	3.49	1.08
2717 - 2718	K.EACFAVEGPK.L	1384.9	2	3.97	0.46	1888.7	1	18/18		4.24	3.78	0.89
2744 - 2745	K.GACLLPK.I	1035.8	2	2.77	0.21	815.5	3	12/12		2.83	2.59	0.91
2759 - 2760	K.DDPHACYSTVFDK.L	1832.0	2	3.88	0.56	1700.7	1	23/24		4.17	4.03	0.97
2792 - 2793	K.YLYEIAR.R	1071.7	2	2.61	0.26	790.7	1	12/12		2.85	2.75	0.96
2814 - 2815	K.CCTESLVNR.R	1260.8	2	3.19	0.46	1007.4	1	15/16		3.17	3.25	1.02
2834 - 2835	K.DDPHACYSTVFDK.L	1832.0	3	3.18	0.36	1148.0	1	26/48		2.87	3.70	1.29
2869 - 2870	K.LKECCDKPLLEK.S	2087.6	3	2.91	0.09	858.0	1	23/44		3.13	2.65	0.85
2907 - 2908	K.KQTALVELLK.H	1575.2	3	4.74	0.22	2603.7	1	25/36		4.29	4.84	1.13
2912 - 2913	K.KQTALVELLK.H	1575.2	2	3.79	0.24	1304.2	1	18/18		4	3.49	0.87
2919 - 2920	K.VPQVSTPTLVEVSR.S	1656.0	2	3.72	0.57	867.3	1	20/26		3.54	3.47	0.98
2942 - 2943	R.HPEYAVSVLLR.L	1427.9	3	3.76	0.40	1915.3	1	27/40		3.96	2.06	0.52
2972 - 2973	R.ETYGDMADCCEK.Q	1745.0	2	5.13	0.61	2287.4	1	22/22		5.67	4.74	0.84
3012 - 3013	R.RPCFSALTPDETYVPK.A	2158.3	3	5.47	0.17	1663.3	2	30/60		5.25	5.51	1.05
3047 - 3048	K.CCAADDKEACFAVEGPK.L	2327.5	3	6.03	0.47	3804.8	1	38/64		5.89	6.06	1.03
3069 - 3070	K.CCAADDKEACFAVEGPK.L	2327.5	3	5.97	0.58	3492.9	1	28/32		6	5.55	0.92
3079 - 3080	K.DDPHACYSTVFDKLK.H	2217.4	3	4.86	0.48	1764.2	1	35/56		4.82	4.91	1.02
3082 - 3083	K.LKPDPNTLCDEFKADEK.K	2585.7	3	4.17	0.47	925.9	1	29/64		4.31	3.77	0.87
3107 - 3108	K.ECCHGDLLECADDR.A	1861.0	3	5.31	0.50	1118.3	1	26/52		4.73	4.89	1.03
3122 - 3123	K.ECCHGDLLECADDR.A	1861.0	3	5.32	0.61	2571.1	1	26/26		5.17	5.33	1.03
3124 - 3125	K.LVNELTEFAK.T	1452.0	2	2.96	0.38	1777.9	1	18/18		3.23	2.83	0.87
3197 - 3198	K.LKPDPNTLCDEFK.A	1998.3	2	3.61	0.47	676.8	1	17/24		4.2	3.00	0.71
3217 - 3218	K.YICDNQDTISSK.L	1721.0	2	2.54	0.48	300.4	1	13/22		2.33	2.25	0.96
3267 - 3268	K.QTALVELLK.H	1302.9	2	3.84	0.28	1803.4	1	16/16		3.71	4.30	1.16
3274 - 3275	K.LVNELTEFAK.T	1452.0	2	4.32	0.48	2544.9	1	18/18		4.62	4.25	0.92
3282 - 3283	K.LVNELTEFAK.T	1452.0	3	3.78	0.23	1443.9	1	22/36		3.61	3.05	0.84
3284 - 3285	K.SLHTLFGDELCK.V	1697.1	2	4.68	0.61	1907.6	1	20/22		4.46	4.55	1.02
3289 - 3290	K.LKPDPNTLCDEFK.A	1998.3	3	4.40	0.52	933.2	1	27/48		4.25	3.15	0.74
3372 - 3373	K.EYEATLEECCAK.D	1769.1	3	4.37	0.44	1945.9	1	28/44		4.19	4.11	0.98
3374 - 3375	K.EYEATLEECCAK.D	1769.1	2	5.54	0.56	3457.1	1	22/22		5.69	5.35	0.94
3419 - 3420	K.DAIPENLPPLTADFAEDKDVCK.N	2879.7	3	4.66	0.53	1348.8	1	38/84		4.76	5.41	1.14
3424 - 3425	K.LVNELTEFAK.T	1452.0	2	3.43	0.46	1142.2	1	16/18		3.22	3.36	1.04
3429 - 3430	K.YNGVFQECCQAEDK.G	2014.2	2	4.27	0.54	1302.2	1	24/26		4.69	5.36	1.14
3434 - 3435	K.DAIPENLPPLTADFAEDKDVCK.N	2879.7	3	5.10	0.69	1340.0	1	27/42		4.84	4.19	0.86
3609 - 3610	K.LFTFHADICTLPDTEK.Q	2185.3	3	5.81	0.49	1483.3	1	33/60		5.19	5.45	1.05
3622 - 3623	K.LFTFHADICTLPDTEK.Q	2185.3	3	5.69	0.51	2283.6	1	25/30		5.07	5.84	1.15
3704 - 3705	K.TVMENFVAFVDK.C	1688.0	2	5.39	0.62	3777.1	1	22/22		5.31	5.18	0.97
3719 - 3720	K.DAFLGSFLYEYSR.R	1711.9	2	4.74	0.61	2051.7	1	23/24		5.27	4.67	0.89
3727 - 3728	K.TVMENFVAFVDK.C	1688.0	3	4.16	0.42	2536.7	1	27/44		3.96	4.01	1.01
3732 - 3733	K.DAFLGSFLYEYSR.R	1711.9	3	4.03	0.36	1126.6	1	26/48		3.92	2.85	0.73
3764 - 3765	R.M*PCTEDYLSLILNR.L	1874.1	2	3.80	0.59	1278.8	1	23/26		3.96	4.16	1.05
3839 - 3840	K.TVMENFVAFVDK.C	1688.0	2	5.15	0.55	3060.9	1	22/22		4.95	4.77	0.96
3847 - 3848	K.DAFLGSFLYEYSR.R	1711.9	2	4.69	0.66	2108.9	1	23/24		4.98	4.13	0.83
3977 - 3978	R.MPCTEDYLSLILNR.L	1858.1	2	5.18	0.62	1416.6	1	24/26		5.35	5.12	0.96
3979 - 3980	R.MPCTEDYLSLILNR.L	1858.1	3	3.88	0.35	1144.8	1	25/52		3.42	3.61	1.05
3997 - 3998	K.LFTFHADICTLPDTEK.Q	2185.3	3	4.47	0.41	986.6	1	20/30		3.84	4.21	1.10
4009 - 4010	K.DAFLGSFLYEYSR.R	1711.9	2	4.84	0.61	2002.4	1	23/24		5.15	4.40	0.85
4102 - 4103	R.MPCTEDYLSLILNR.L	1858.1	2	4.97	0.60	1369.0	1	24/26		5.08	4.28	0.84
4129 - 4130	K.DAFLGSFLYEYSR.R	1711.9	2	4.77	0.67	2026.1	1	23/24		4.65	4.09	0.88
4342 - 4343	R.MPCTEDYLSLILNR.L	1858.1	2	2.91	0.32	882.0	1	18/26		2.91	3.14	1.08
4359 - 4360	K.DAIPENLPPLTADFAEDKDVCK.N	2879.7	3	3.73	0.45	552.0	1	26/84		3.32	2.54	0.76
4387 - 4388	K.LVNELTEFAK.T	1452.0	2	2.39	0.32	367.0	3	13/18		2.6	1.75	0.67
4452 - 4453	R.MPCTEDYLSLILNR.L	1858.1	2	4.41	0.62	990.9	1	20/26		4.37	3.87	0.88
4459 - 4460	K.LKPDPNTLCDEFK.A	1998.3	3	3.27	0.40	562.8	1	19/48		3.09	2.51	0.81
4464 - 4465	K.DAFLGSFLYEYSR.R	1711.9	2	4.34	0.66	2017.1	1	24/24		4.47	3.06	0.68
4522 - 4523	K.LFTFHADICTLPDTEK.Q	2185.3	3	3.65	0.41	1044.2	1	26/60		3.15	3.74	1.19
4544 - 4545	K.DDPHACYSTVFDK.L	1832.0	3	3.00	0.34	948.8	1	24/48		2.25	3.04	1.35
4569 - 4570	K.LVNELTEFAK.T	1452.0	2	2.92	0.40	828.1	1	17/18		2.99	2.53	0.84
4577 - 4578	R.MPCTEDYLSLILNR.L	1858.1	3	3.31	0.44	1056.4	1	20/26		3.39	3.50	1.03
4592 - 4593	K.TVMENFVAFVDK.C	1688.0	2	3.74	0.51	2145.9	1	22/22		3.87	3.36	0.87
4652 - 4653	R.KVPQVSTPTLVEVSR.S	1928.3	3	3.96	0.49	1116.8	1	28/56		4.08	3.67	0.90
4662 - 4663	R.RPCFSALTPDETYVPK.A	2158.3	3	4.72	0.32	1781.6	1	30/60		4.42	4.22	0.95
4682 - 4683	K.DDPHACYSTVFDK.L	1832.0	3	2.87	0.34	852.3	1	23/48		2.58	3.11	1.20
4689 - 4690	R.MPCTEDYLSLILNR.L	1858.1	2	4.13	0.52	769.1	1	18/26		3.71	3.50	0.94
4702 - 4703	K.LKPDPNTLCDEFK.A	1998.3	3	2.71	0.25	588.0	3	20/48		2.83	1.88	0.66
4727 - 4728	K.ECCHGDLLECADDR.A	1861.0	3	4.06	0.27	1487.9	1	26/52		3.74	3.52	0.94
4749 - 4750	K.LFTFHADICTLPDTEK.Q	2185.3	3	4.92	0.51	1251.9	1	30/60		4.4	4.81	1.09
4762 - 4763	R.KVPQVSTPTLVEVSR.S	1928.3	3	4.04	0.50	1032.1	1	28/56		4.07	4.00	0.98
4799 - 4800	R.MPCTEDYLSLILNR.L	1858.1	2	3.45	0.51	920.0	1	19/26		3.45	3.44	1.00
4802 - 4803	K.DDPHACYSTVFDK.L	1832.0	3	3.00	0.28	844.5	1	23/48		2.11	3.04	1.44
4839 - 4840	K.ECCHGDLLECADDR.A	1861.0	3	4.63	0.34	1221.3	1	26/52		4.55	4.14	0.91

4854 - 4855	K.LFTFHADICTLPDTEK.Q	2185.3	3	2.85	0.17	672.1	1	23/60	2.66	3.12	1.17
4869 - 4870	R.KVPQVSTPTLVEVSR.S	1928.3	3	4.13	0.50	1292.1	1	30/56	4.21	3.58	0.85
4907 - 4908	K.DDPHACYSTVFDK.L	1832.0	3	2.58	0.34	772.4	1	22/48	2.18	2.73	1.25
4909 - 4910	R.MPCTEDYLSLILNR.L	1858.1	3	3.80	0.44	1005.1	1	20/26	3.73	3.60	0.96
4937 - 4938	K.KQTALVELLK.H	1575.2	3	2.93	0.18	970.4	1	22/36	2.22	3.22	1.45
4977 - 4978	K.LFTFHADICTLPDTEK.Q	2185.3	3	5.69	0.52	1495.3	1	32/60	5	4.37	0.87
5009 - 5010	R.RPCFSALTPDETYVPK.A	2158.3	3	5.14	0.30	1925.5	1	33/60	5.23	3.69	0.70
5049 - 5050	R.KVPQVSTPTLVEVSR.S	1928.3	3	4.26	0.47	820.4	1	25/56	4.08	3.68	0.90
5059 - 5060	R.MPCTEDYLSLILNR.L	1858.1	3	3.39	0.44	820.4	1	19/26	3.28	3.59	1.09
5092 - 5093	K.LFTFHADICTLPDTEK.Q	2185.3	3	4.85	0.55	1283.9	1	31/60	4.47	4.19	0.94
5159 - 5160	K.ECCHGDLLECADDR.A	1861.0	3	4.78	0.41	1423.3	1	26/52	4.89	4.00	0.82
5182 - 5183	R.MPCTEDYLSLILNR.L	1858.1	2	2.20	0.11	334.3	3	14/26	1.98	2.30	1.16
5254 - 5255	R.KVPQVSTPTLVEVSR.S	1928.3	3	4.35	0.47	1048.0	1	28/56	4.32	3.89	0.90
5279 - 5280	K.ECCHGDLLECADDR.A	1861.0	3	4.94	0.38	1624.5	1	26/52	4.79	4.32	0.90
5282 - 5283	R.MPCTEDYLSLILNR.L	1858.1	3	3.21	0.35	830.0	1	18/26	3.07	2.89	0.94
5327 - 5328	R.RPCFSALTPDETYVPK.A	2158.3	3	5.13	0.33	1463.9	1	27/60	4.98	4.37	0.88
5367 - 5368	K.LVNELTEFAK.T	1452.0	2	3.66	0.45	1007.8	1	18/18	3.75	3.24	0.86
5369 - 5370	K.SLHTLFGDELCK.V	1697.1	3	3.78	0.52	1653.0	1	28/44	3.64	3.10	0.85
5374 - 5375	K.KQTALVELLK.H	1575.2	3	2.90	0.13	1040.2	1	21/36	2.69	3.06	1.14
5392 - 5393	R.MPCTEDYLSLILNR.L	1858.1	3	2.53	0.19	523.5	1	16/26	2.54	2.57	1.01
5409 - 5410	K.ECCHGDLLECADDR.A	1861.0	3	4.76	0.42	1584.1	1	27/52	4.52	4.02	0.89
5457 - 5458	K.LKPDPNTLCDEFK.A	1998.3	3	2.91	0.40	335.9	2	20/48	3.4	1.85	0.54
5544 - 5545	R.KVPQVSTPTLVEVSR.S	1928.3	3	4.24	0.44	920.7	1	27/56	3.92	3.95	1.01
5587 - 5588	R.MPCTEDYLSLILNR.L	1858.1	3	2.78	0.27	682.5	1	18/26	2.83	2.38	0.84
5644 - 5645	K.ECCHGDLLECADDR.A	1861.0	3	3.30	0.17	347.2	4	20/52	3.02	2.49	0.82
5779 - 5780	R.KVPQVSTPTLVEVSR.S	1928.3	3	3.91	0.52	761.5	1	26/56	4.22	3.61	0.85
6414 - 6415	K.KQTALVELLK.H	1575.2	3	2.89	0.13	1704.7	1	25/36	3.01	2.91	0.97
6489 - 6490	K.TCVADESHAGCEK.S	1730.0	3	2.82	0.30	890.0	1	21/48	2.92	2.93	1.00
6514 - 6515	R.KVPQVSTPTLVEVSR.S	1928.3	3	4.28	0.55	1020.7	1	27/56	4.24	4.46	1.05
6584 - 6585	K.TCVADESHAGCEK.S	1730.0	3	3.93	0.54	1674.8	1	28/48	3.61	3.82	1.06
6654 - 6655	K.TCVADESHAGCEK.S	1730.0	3	3.68	0.53	1288.9	1	27/48	3.37	3.96	1.17
6819 - 6820	K.CCTESLVNR.R	1260.8	3	2.23	0.26	399.2	2	12/16	0.89	2.37	2.66

Reference File, Scan(s)	Sequence	MH+	Charge	Xcorr (merged CID/PQD)	Score Delta Cn	Accession Sp	RSp	Peptides (Hits) Ions	Count	Xcorr (CID)	Xcorr (PQD)	Ratio (PQD/CID)
gi|136191|sp|P02787|TRFE_HUMAN Serotransferrin precursor (Transferrin)								132 (132 0 0 0 0)				
1367 - 1368	K.HQTVPQNTGGK.N	1454.9	2	2.98	0.55	724.5	1	18/20		2.96	3.45	1.16
1392 - 1393	K.HQTVPQNTGGK.N	1454.9	3	4.01	0.44	1358.8	1	25/40		3.79	3.74	0.99
1462 - 1463	R.APNHAVVTR.K	1108.7	3	2.78	0.51	585.2	1	14/16		2.69	2.80	1.04
1504 - 1505	K.LHDRNTYEK.Y	1463.9	3	2.63	0.30	485.3	1	16/32		2.7	2.76	1.02
1574 - 1575	R.KDKEACVHK.I	1680.3	3	3.77	0.32	1169.9	1	23/32		4.05	3.18	0.78
1659 - 1660	K.EACVHK.I	1020.7	3	2.21	0.21	610.6	1	10/10		2.26	2.24	0.99
1684 - 1685	K.DKEACVHK.I	1408.0	2	2.70	0.26	825.2	1	14/14		3.09	2.29	0.74
1687 - 1688	R.KPVDEYK.D	1310.9	3	3.39	0.30	858.7	2	17/24		3.18	3.37	1.06
1692 - 1693	R.KPVDEYK.D	1310.9	2	2.62	0.32	770.2	1	11/12		2.74	2.47	0.90
1844 - 1845	K.KDSGFQM*NQLR.G	1628.0	3	3.62	0.31	1553.9	1	30/40		3.72	3.30	0.89
1892 - 1893	K.KDSSLCK.L	1259.0	3	2.72	0.28	654.6	1	16/24		2.63	2.92	1.11
1987 - 1988	K.DSGFQM*NQLR.G	1355.7	3	3.41	0.52	825.0	1	18/18		2.94	2.80	0.95
1989 - 1990	K.DSAHGFLK.V	1162.8	2	3.12	0.48	1501.9	1	14/14		3.28	3.23	0.98
2054 - 2055	K.CQSFR.D	830.5	2	1.62	0.23	149.8	1	8/8		1.44	1.63	1.13
2102 - 2103	K.DSSLCK.L	986.7	2	2.23	0.24	646.8	1	10/10		2.08	2.40	1.15
2207 - 2208	K.GDVAFVK.H	1023.7	2	3.08	0.40	1296.5	1	12/12		3.4	3.09	0.91
2249 - 2250	K.NPDPWAK.N	1115.7	2	2.26	0.34	530.0	1	11/12		2	2.63	1.31
2274 - 2275	K.GDVAFVK.H	1023.7	2	2.49	0.19	774.8	2	11/12		2.39	2.26	0.94
2277 - 2278	K.WCALSHHER.L	1328.8	3	3.74	0.36	1843.3	1	22/32		3.28	3.50	1.07
2307 - 2308	K.DCHLAQVPSHTVVAR.S	1823.1	3	5.33	0.48	1478.7	1	33/56		5.79	4.72	0.81
2314 - 2315	K.DCHLAQVPSHTVVAR.S	1823.1	3	5.40	0.54	1800.9	1	25/28		5.37	4.44	0.83
2332 - 2333	K.DGAGDVAFVK.H	1266.8	2	3.61	0.52	1868.2	1	18/18		4.14	3.47	0.84
2337 - 2338	R.KPVEEYANCHLAR.A	1864.2	2	4.38	0.61	1034.6	1	21/24		4.77	3.57	0.75
2359 - 2360	K.GDVAFVK.H	1023.7	2	3.13	0.31	1409.6	1	12/12		2.89	3.04	1.05
2367 - 2368	K.DGAGDVAFVK.H	1266.8	3	2.70	0.18	1287.7	1	21/36		2.7	2.58	0.95
2424 - 2425	R.DDTVCLAK.L	1198.8	2	3.40	0.47	1573.6	1	14/14		3.44	3.59	1.04
2432 - 2433	R.WCAVSEHEATK.C	1595.0	2	4.46	0.55	2216.7	1	20/20		4.83	4.47	0.92
2437 - 2438	R.WCAVSEHEATK.C	1595.0	3	3.61	0.49	1003.9	1	22/40		3.58	3.80	1.06
2442 - 2443	K.DSGFQMNQLR.G	1339.7	3	4.24	0.38	1436.7	1	18/18		4.5	4.00	0.89
2452 - 2453	K.YLGEEYVK.A	1288.8	2	3.19	0.47	1255.6	1	14/14		3.21	3.29	1.02
2479 - 2480	R.EGTCPEAPTDECKPVK.W	2228.4	3	5.55	0.56	1609.0	1	34/60		5.58	4.69	0.84
2494 - 2495	K.YLGEEYVK.A	1288.8	1	2.92	0.45	952.0	1	14/14		2.49	2.99	1.20
2569 - 2570	K.HSTIFENLANK.A	1562.0	3	3.65	0.32	870.2	2	21/40		3.56	3.64	1.02
2572 - 2573	K.KSASDLTWDNLK.G	1810.2	3	5.40	0.36	2319.2	1	30/44		5.05	4.21	0.83
2574 - 2575	K.HSTIFENLANK.A	1562.0	2	4.47	0.55	1901.2	1	20/20		4.95	4.48	0.90
2584 - 2585	K.EGYYGYTGAFR.C	1427.7	2	4.02	0.52	1795.1	1	20/20		4.04	3.68	0.91
2599 - 2600	K.DGAGDVAFVK.H	1266.8	2	2.81	0.38	1455.3	1	17/18		2.84	3.08	1.08
2607 - 2608	R.WCAVSEHEATK.C	1595.0	3	3.40	0.43	1610.0	1	23/40		3.33	3.40	1.02
2672 - 2673	K.KASYLDCIR.A	1403.0	3	3.38	0.42	1119.8	1	19/32		3.85	3.47	0.90
2704 - 2705	K.CDEWSVNSVGK.I	1557.9	2	4.93	0.56	2356.5	1	20/20		4.97	4.98	1.00
2712 - 2713	K.EFQLFSSPHGK.D	1565.0	3	4.34	0.30	2323.4	1	20/20		4.67	3.82	0.82
2722 - 2723	K.EFQLFSSPHGK.D	1565.0	3	4.10	0.45	1310.5	1	27/40		4.06	3.63	0.89
2742 - 2743	K.CDEWSVNSVGK.I	1557.9	3	3.33	0.26	512.9	4	16/40		3.08	3.17	1.03
2807 - 2808	K.SASDLTWDNLK.G	1537.9	2	4.81	0.44	2317.1	1	20/20		5.11	4.53	0.89
2809 - 2810	K.SASDLTWDNLK.G	1537.9	3	3.67	0.32	1144.6	1	22/40		2.81	3.41	1.21
2864 - 2865	K.SVIPSDGPSVACVK.K	1693.1	3	3.96	0.51	1219.9	1	27/52		3.64	2.98	0.82
2867 - 2868	K.SVIPSDGPSVACVK.K	1693.1	2	4.42	0.52	1226.6	1	24/26		4.4	3.77	0.86
2999 - 3000	K.GDVAFVK.H	1023.7	2	2.11	0.25	873.1	1	12/12		2.08	2.40	1.15
3004 - 3005	K.YLGEEYVK.A	1288.8	2	2.39	0.41	1199.4	1	14/14		2.89	2.60	0.90
3089 - 3090	K.ADRDQYELLCLDNTR.K	2015.1	3	5.27	0.26	2149.1	1	34/56		5.36	4.88	0.91
3109 - 3110	K.M*YLGYEYVTAIR.N	1638.9	2	4.36	0.47	1252.8	1	21/22		4.07	3.89	0.95
3144 - 3145	R.FDEFFSEGCAPGSKK.D	2127.3	3	5.67	0.46	2485.8	1	36/56		5.4	6.06	1.12
3157 - 3158	K.IECVSAETTEDCIAK.I	1992.2	3	3.97	0.46	1765.0	1	27/56		3.36	4.00	1.19
3159 - 3160	K.IECVSAETTEDCIAK.I	1992.2	3	5.82	0.49	1782.4	1	24/28		5.58	4.66	0.83
3182 - 3183	K.NLNEKDYELLCLDGTR.K	2230.3	3	4.96	0.55	1883.0	1	32/60		5.13	4.83	0.94
3192 - 3193	K.NLNEKDYELLCLDGTR.K	2230.3	2	5.63	0.60	1205.7	1	24/30		5.8	4.06	0.70
3224 - 3225	K.ADRDQYELLCLDNTR.K	2015.1	3	5.37	0.31	1702.0	1	31/56		5.13	4.83	0.94
3252 - 3253	K.SDNCEDTPEAGYFAVAVVK.K	2349.3	3	5.99	0.61	2187.5	1	35/72		5.62	6.37	1.13
3254 - 3255	K.SDNCEDTPEAGYFAVAVVK.K	2349.3	3	6.97	0.70	3232.9	1	32/36		6.84	6.23	0.91
3264 - 3265	K.EDPQTFYYAVAVVK.K	1918.1	3	5.87	0.58	2325.2	1	25/26		6.15	5.63	0.91
3279 - 3280	K.DLLFRDDTVCLAK.L	1843.2	3	5.30	0.52	1828.6	1	30/48		4.79	5.26	1.10
3297 - 3298	K.EDPQTFYYAVAVVK.K	1918.1	3	3.58	0.35	1082.3	1	22/52		3.82	3.39	0.89
3312 - 3313	K.NLNEKDYELLCLDGTR.K	2230.3	3	4.76	0.46	1795.5	1	31/60		4.86	4.12	0.85
3314 - 3315	R.TAGWNIPM*GLLYNK.I	1882.1	3	4.36	0.52	1345.0	1	29/52		4.06	3.97	0.98
3339 - 3340	R.DQYELLCLDNTR.K	1672.9	2	5.31	0.60	2724.4	1	22/22		5.63	4.89	0.87
3347 - 3348	K.MYLGYEYVTAIR.N	1622.9	2	4.18	0.26	1575.7	2	20/22		4.4	3.67	0.83
3349 - 3350	R.FDEFFSEGCAPGSK.K	1855.0	3	4.42	0.51	2268.3	1	33/52		4.15	4.17	1.00
3352 - 3353	R.FDEFFSEGCAPGSK.K	1855.0	2	5.22	0.60	3719.7	1	26/26		5.43	5.32	0.98
3447 - 3448	K.DYELLCLDGTR.K	1487.9	2	3.72	0.61	2192.5	1	20/20		3.72	3.61	0.97
3524 - 3525	K.IMNGEADAMSLDGGFVYIAGK.C	2447.3	3	5.98	0.53	2621.3	1	36/80		5.9	6.48	1.10
3532 - 3533	R.KCSTSSLLEACTFR.R	1926.2	3	4.13	0.34	1279.7	1	26/52		3.52	4.00	1.13
3544 - 3545	K.LCMGSGLNLCEPNNK.E	1973.2	3	5.91	0.56	2982.5	1	26/28		5.92	5.46	0.92
3597 - 3598	R.TAGWNIPMGLLYNK.I	1866.1	3	4.61	0.47	1311.6	1	25/52		4.69	3.74	0.80
3607 - 3608	R.TAGWNIPMGLLYNK.I	1866.1	2	5.29	0.47	1523.0	1	25/26		5.18	4.61	0.89
3624 - 3625	K.MYLGYEYVTAIR.N	1622.9	2	3.92	0.14	1404.1	2	20/22		4.12	3.14	0.76
3634 - 3635	K.DYELLCLDGTR.K	1487.9	2	2.69	0.45	455.9	1	13/20		2.85	2.36	0.83
3634 - 3635	K.NLNEKDYELLCLDGTR.K	2230.3	3	3.33	0.37	445.2	1	22/60		3.01	2.70	0.90

3639 - 3640	R.TAGWNIPMGLLYNK.I	1866.1	2	5.97	0.47	1628.7	1	25/26	5.31	5.43	1.02
3657 - 3658	K.IMNGEADAMSLDGGFVYIAGK.C	2447.3	3	4.32	0.29	1122.4	1	27/80	4.25	4.12	0.97
3672 - 3673	K.LCMGSGLNLCEPNNKEGYYGYTGAFR.C	3237.8	3	6.46	0.45	1835.9	1	41/100	6.24	6.70	1.07
3792 - 3793	K.SVIPSDGPSVACVK.K	1693.1	2	2.12	0.14	425.9	1	15/26	2.75	1.77	0.64
3809 - 3810	K.CSTSSLLEACTFR.R	1654.0	2	4.89	0.69	2666.9	1	23/24	4.85	5.00	1.03
3944 - 3945	K.CSTSSLLEACTFR.R	1654.0	2	5.05	0.65	2102.1	1	23/24	4.87	4.84	0.99
4159 - 4160	K.EDLIWELLNQAQEHFGK.D	2358.3	3	6.30	0.51	1843.8	1	34/64	6.41	5.69	0.89
4174 - 4175	R.SAGWNIPIGLLYCDLPEPR.K	2304.3	3	5.99	0.54	1658.8	1	27/36	4.92	5.65	1.15
4187 - 4188	R.SAGWNIPIGLLYCDLPEPR.K	2304.3	3	3.34	0.45	1135.0	1	28/72	2.43	3.56	1.46
4277 - 4278	R.SAGWNIPIGLLYCDLPEPR.K	2304.3	3	5.32	0.52	1681.7	1	27/36	5.23	5.61	1.07
4434 - 4435	R.WCAVSEHEATK.C	1595.0	3	2.89	0.29	1589.0	1	24/40	2.64	3.26	1.23
4439 - 4440	K.NLNEKDYELLCLDGTR.K	2230.3	3	3.40	0.41	250.1	5	19/60	2.75	1.85	0.67
4472 - 4473	R.FDEFFSEGCAPGSK.K	1855.0	3	3.78	0.47	1604.3	1	21/26	3.87	3.59	0.93
4474 - 4475	R.TAGWNIPMGLLYNK.I	1866.1	3	3.72	0.32	753.6	1	22/52	3.74	3.51	0.94
4502 - 4503	K.SASDLTWDNLK.G	1537.9	2	2.27	0.13	652.9	1	15/20	2.35	2.52	1.07
4609 - 4610	R.TAGWNIPMGLLYNK.I	1866.1	3	3.84	0.37	767.4	1	22/52	3.6	3.73	1.03
4617 - 4618	K.SASDLTWDNLK.G	1537.9	2	2.30	0.20	677.0	3	14/20	2.66	2.37	0.89
4619 - 4620	R.EGTCPEAPTDECKPVK.W	2228.4	3	3.70	0.44	597.5	1	24/60	4.02	1.96	0.49
4679 - 4680	K.DGAGDVAFVK.H	1266.8	2	2.47	0.28	1124.4	1	15/18	2.48	2.66	1.07
4722 - 4723	R.TAGWNIPMGLLYNK.I	1866.1	3	3.62	0.26	822.6	1	22/52	3.69	3.36	0.91
4737 - 4738	K.SASDLTWDNLK.G	1537.9	3	2.59	0.29	944.5	1	15/20	2.61	2.44	0.93
4767 - 4768	K.SVIPSDGPSVACVK.K	1693.1	3	2.87	0.13	318.0	7	19/52	3.03	2.88	0.95
4772 - 4773	R.WCAVSEHEATK.C	1595.0	3	2.79	0.24	1193.6	1	22/40	2.75	3.07	1.11
4807 - 4808	R.FDEFFSEGCAPGSK.K	1855.0	3	3.56	0.42	1776.6	1	21/26	4.09	3.68	0.90
4864 - 4865	K.SASDLTWDNLK.G	1537.9	2	2.95	0.18	885.4	1	17/20	3.23	2.76	0.85
4879 - 4880	R.TAGWNIPMGLLYNK.I	1866.1	3	3.30	0.26	599.6	3	20/52	3.34	2.83	0.85
4899 - 4900	R.WCAVSEHEATK.C	1595.0	3	2.60	0.24	1197.9	1	21/40	2.5	3.13	1.25
4914 - 4915	K.DGAGDVAFVK.H	1266.8	2	2.55	0.20	1118.6	1	15/18	2.48	2.61	1.05
4947 - 4948	R.FDEFFSEGCAPGSK.K	1855.0	3	3.80	0.49	1602.4	1	20/26	3.84	4.27	1.11
5084 - 5085	K.SASDLTWDNLK.G	1537.9	2	2.29	0.24	576.6	2	15/20	2.54	2.40	0.94
5119 - 5120	R.WCAVSEHEATK.C	1595.0	3	2.55	0.20	810.5	1	21/40	2.38	3.33	1.40
5204 - 5205	K.GDVAFVK.H	1023.7	2	2.16	0.34	926.6	1	12/12	2.12	2.28	1.07
5217 - 5218	K.MYLGYEYVTAIR.N	1622.9	2	3.53	0.26	604.3	2	17/22	3.71	2.96	0.80
5307 - 5308	K.SASDLTWDNLK.G	1537.9	2	3.03	0.31	1255.0	1	17/20	3.47	2.88	0.83
5322 - 5323	K.DGAGDVAFVK.H	1266.8	2	2.39	0.27	691.1	1	16/18	2.31	2.60	1.12
5339 - 5340	R.WCAVSEHEATK.C	1595.0	3	2.82	0.22	1170.4	1	22/40	2.49	3.03	1.21
5377 - 5378	K.IMNGEADAMSLDGGFVYIAGK.C	2447.3	3	3.30	0.29	224.2	4	24/80		4.57	#DIV/0!
5449 - 5450	K.NLNEKDYELLCLDGTR.K	2230.3	3	3.43	0.28	690.4	1	26/60	4.07	2.78	0.68
5467 - 5468	K.DGAGDVAFVK.H	1266.8	2	2.43	0.24	773.3	1	15/18	2.6	2.64	1.01
5549 - 5550	K.DYELLCLDGTR.K	1487.9	2	2.76	0.40	301.5	1	13/20	2.96	2.29	0.77
5557 - 5558	K.DGAGDVAFVK.H	1266.8	3	2.48	0.29	596.2	1	14/18	2.47	2.67	1.08
6017 - 6018	K.DGAGDVAFVK.H	1266.8	3	2.09	0.16	302.6	7	14/18	2.02	2.06	1.02
6059 - 6060	K.YLGEEYVK.A	1288.8	3	2.63	0.41	729.1	1	14/14	2.8	2.91	1.04
6374 - 6375	K.DGAGDVAFVK.H	1266.8	3	2.23	0.26	601.3	1	15/18	2.27	2.39	1.05
6402 - 6403	R.WCAVSEHEATK.C	1595.0	3	2.61	0.15	1482.9	1	23/40	2.54	2.90	1.14
6444 - 6445	K.YLGEEYVK.A	1288.8	2	2.33	0.28	926.2	1	13/14	2.46	2.45	0.99
6549 - 6550	K.EFQLFSSPHGK.D	1565.0	3	3.19	0.40	1969.7	1	26/40	3.36	3.23	0.96
6554 - 6555	R.KPVDEYK.D	1310.9	3	3.20	0.23	895.7	1	18/24	3.17	3.02	0.95
6607 - 6608	R.WCAVSEHEATK.C	1595.0	3	2.68	0.21	1444.5	1	24/40	2.37	3.10	1.31
6619 - 6620	R.KPVDEYK.D	1310.9	3	3.38	0.21	939.5	1	18/24	3.37	3.12	0.92
6629 - 6630	R.APNHAVVTR.K	1108.7	3	2.74	0.33	674.9	1	17/32	2.08	2.83	1.36
6684 - 6685	R.KPVDEYK.D	1310.9	3	3.28	0.24	653.5	2	17/24	3.09	3.15	1.02
6744 - 6745	K.HQTVPQNTGGK.N	1454.9	3	2.94	0.21	580.9	1	20/40	2.64	1.97	0.74
6749 - 6750	R.KPVDEYK.D	1310.9	3	3.24	0.25	903.2	2	17/24	3.18	3.09	0.97
6837 - 6838	K.HQTVPQNTGGK.N	1454.9	3	2.78	0.39	801.2	1	20/40	2.68	2.08	0.77

Reference File, Scan(s)	Sequence	MH+	Charge	Xcorr (merged CID/PQD)	Score Delta Cn	Accession Sp	RSp	Peptides (Hits) Ions	Count	Xcorr (CID)	Xcorr (PQD)	Ratio (PQD/CID)
gi|114939|sp|P00722|BGAL_ECOLI Beta-galactosidase (Lactase)								51 (51 0 0 0 0)				
1437 - 1438	R.TDRPSQQLR.S	1244.7	3	3.11	0.37	471.1	2	17/32		3.12	2.85	0.91
1857 - 1858	K.QNNFNAVR.C	1106.6	2	2.52	0.13	1020.7	1	14/14		2.79	2.58	0.92
1867 - 1868	R.TPHPALTEAK.H	1352.9	2	2.75	0.46	344.2	1	14/18		3.23	3.00	0.93
1994 - 1995	R.YSQQQLMETSHR.H	1651.9	3	5.05	0.54	1844.2	1	21/22		5.18	4.53	0.87
2219 - 2220	R.WVGYGQDSR.L	1211.7	2	2.97	0.43	1226.6	1	16/16		3.23	3.11	0.96
2222 - 2223	R.FNDDFSR.A	1044.5	2	2.52	0.33	1210.7	1	12/12		2.19	2.52	1.15
2284 - 2285	R.RDWENPGVTQLNR.L	1728.9	2	4.25	0.44	1002.1	1	21/24		4.67	3.01	0.64
2434 - 2435	R.APLDNDIGVSEATR.I	1601.9	2	4.16	0.62	1836.9	1	24/26		3.76	3.92	1.04
2512 - 2513	R.DWENPGVTQLNR.L	1572.8	3	4.22	0.41	1945.0	1	22/22		4	3.88	0.97
2537 - 2538	K.TLFISR.K	880.6	2	2.28	0.15	550.1	2	10/10		2.23	2.52	1.13
2542 - 2543	R.MSGIFR.D	854.5	2	2.05	0.13	334.9	1	8/10		2.08	2.06	0.99
2579 - 2580	K.HQQQFFQFR.L	1409.8	3	3.69	0.49	941.8	1	19/32		3.66	3.51	0.96
2587 - 2588	K.HQQQFFQFR.L	1409.8	2	2.65	0.41	979.0	1	16/16		2.58	2.98	1.15
2657 - 2658	R.VDEDQPFPAVPK.W	1630.0	2	3.98	0.51	2147.0	1	22/22		3.81	4.63	1.21
2659 - 2660	R.DVSLLHKPTTQISDFHVATR.F	2553.5	3	5.48	0.55	1460.4	1	33/76		5.5	5.79	1.05
2739 - 2740	R.GDFQFNISR.Y	1227.7	2	3.83	0.47	900.5	1	16/16		3.77	3.55	0.94
2757 - 2758	R.LAAHPPFASWR.N	1396.8	3	2.78	0.49	804.8	1	19/20		2.92	3.05	1.04
2797 - 2798	R.IDPNAWVER.W	1243.7	2	2.58	0.37	712.7	1	16/16		2.66	2.70	1.01
2822 - 2823	K.YWQAFR.Q	1014.6	2	2.02	0.27	565.9	1	10/10		2.07	2.06	0.99
2842 - 2843	R.LAAHPPFASWR.N	1396.8	3	2.83	0.31	307.4	2	16/40		2.57	2.83	1.10
2872 - 2873	K.QLLTPLRDQFTR.A	1632.0	3	2.86	0.38	515.8	1	22/44		2.71	2.93	1.08
2892 - 2893	R.WLPAMSER.V	1133.6	2	2.23	0.23	656.6	1	14/14		2.38	2.25	0.94
3022 - 3023	K.YDENGNPWSAYGGDFGDTPNDR.Q	2591.1	3	6.88	0.75	2510.7	1	28/42		6.29	6.33	1.01
3102 - 3103	R.LAVMVLR.W	945.7	2	3.26	0.11	797.3	1	12/12		3.41	2.85	0.83
3137 - 3138	R.QSGFLSQMWIGDKK.Q	2057.3	3	5.49	0.45	3220.5	1	36/52		5.26	5.86	1.11
3177 - 3178	R.WSDGSYLEDQDMWR.M	1931.9	2	4.97	0.62	2178.4	1	26/26		5.31	5.15	0.97
3187 - 3188	R.WSDGSYLEDQDMWR.M	1931.9	3	4.59	0.39	1690.7	1	27/52		4.39	3.68	0.84
3232 - 3233	R.VVQPNATAWSEAGHISAWQQWR.L	2666.4	3	6.90	0.62	1638.0	1	36/84		6.39	6.62	1.04
3269 - 3270	R.VNWLGLGPQENYPDR.L	1902.0	3	5.71	0.54	2217.3	1	25/28		5.29	5.35	1.01
3277 - 3278	R.IGLNCQLAQVAER.V	1605.0	2	4.63	0.55	1685.4	1	21/24		4.76	4.94	1.04
3294 - 3295	R.YGLYVVDEANIETHGMVPMNR.L	2552.3	3	6.92	0.52	3614.0	1	42/80		6.44	7.15	1.11
3497 - 3498	R.AVVELHTADGTLIEAEACDVGFR.E	2606.4	3	7.66	0.66	2740.8	1	41/88		7.11	7.44	1.05
3502 - 3503	R.QFCMNGLVFADR.T	1590.9	2	4.07	0.40	1884.2	1	22/22		4.36	3.33	0.76
3529 - 3530	R.LSGQTIEVTSEYLFR.H	1887.1	3	6.36	0.58	2667.0	1	26/28		6.24	6.33	1.01
3534 - 3535	R.LSGQTIEVTSEYLFR.H	1887.1	3	5.03	0.48	1933.5	1	30/56		4.49	3.68	0.82
3554 - 3555	R.VTVSLWQGETQVASGTAPFGGEIIDER.G	2991.6	2	6.22	0.75	2201.6	1	32/52		5.5	5.52	1.00
3664 - 3665	R.AVLEAEVQMCGELR.D	1738.0	2	5.45	0.63	3942.1	1	26/26		5.47	5.09	0.93
3677 - 3678	R.IENGLLLLNGKPLLIR.G	2064.4	3	4.44	0.39	1708.0	1	31/60		4.15	4.08	0.98
3812 - 3813	R.AVLEAEVQMCGELR.D	1738.0	2	4.53	0.44	1825.3	1	23/26		4.57	4.47	0.98
3844 - 3845	R.IDGSGQMAITVDVEVASDTPHPAR.I	2610.4	3	3.39	0.23	428.8	1	26/92		3.56	2.22	0.62
3934 - 3935	R.LPSEFDLSAFLR.A	1538.9	2	4.23	0.59	992.5	1	21/22		4.28	3.71	0.87
3949 - 3950	R.LPSEFDLSAFLR.A	1538.9	3	4.46	0.40	1231.7	1	24/44		4.12	3.28	0.79
3957 - 3958	-.MTMITDSLAVVLQR.R	1722.0	3	2.63	0.37	614.1	1	15/26		2.64	2.20	0.83
3967 - 3968	K.QLIELPELPQPESAGQLWLTVR.V	2661.5	3	6.87	0.61	2579.9	1	39/84		5.94	6.32	1.06
3972 - 3973	K.QLIELPELPQPESAGQLWLTVR.V	2661.5	3	5.05	0.57	1724.0	1	30/42		4.48	4.84	1.08
4047 - 4048	R.WSDGSYLEDQDMWR.M	1931.9	3	4.04	0.56	1411.5	1	24/26		3.83	4.32	1.13
4099 - 4100	R.LQGGFVWDWVDQSLIK.Y	2179.3	3	7.81	0.57	4176.5	1	29/30		7.39	7.35	0.99
4114 - 4115	R.LTAACFDRWDLPLSDMYTPYVFPSENGLR.C	3567.8	3	8.34	0.64	1665.7	1	43/112		7.77	7.40	0.95
4132 - 4133	R.LQGGFVWDWVDQSLIK.Y	2179.3	3	4.66	0.37	1020.4	1	26/60		4.26	4.86	1.14
4349 - 4350	R.VVQPNATAWSEAGHISAWQQWR.L	2666.4	3	3.28	0.34	450.4	1	26/84		3.12	3.20	1.02
6707 - 6708	R.TDRPSQQLR.S	1244.7	3	2.60	0.18	658.9	1	17/32		2.21	2.83	1.28

Reference	Score	Accession	Peptides (Hits)

File, Scan(s)	Sequence	MH+	Charge	Xcorr (merged CID/PQD)	Delta Cn	Sp	RSp	Ions	Count	Xcorr (CID)	Xcorr (PQD)	Ratio (PQD/CID)
gi|125910|sp|P02754|LACB_BOVIN Beta-lactoglobulin precursor (Beta-LG)								137 (137 0 0 0 0)				
2004 - 2005	K.IDALNENK.V	1204.8	2	2.51	0.31	965.2	1	14/14		2.95	2.72	0.92
2107 - 2108	K.GLDIQK.V	961.7	2	2.18	0.11	701.1	2	10/10		2.26	2.68	1.18
2109 - 2110	K.IDALNENK.V	1204.8	1	2.88	0.29	621.2	1	14/14		2.8	2.92	1.04
2117 - 2118	K.GLDIQK.V	961.7	2	1.77	0.17	457.2	2	10/10		1.81	1.83	1.01
2162 - 2163	K.IDALNENK.V	1204.8	2	3.18	0.42	1619.5	1	14/14		3.48	3.00	0.86
2202 - 2203	K.ALPMHIR.L	981.6	3	2.60	0.30	715.4	2	14/24		2.52	2.65	1.05
2209 - 2210	K.WENGECAQK.K	1398.9	2	3.71	0.44	1591.7	1	16/16		3.76	3.73	0.99
2247 - 2248	R.TPEVDDEALEK.F	1533.9	2	4.10	0.56	1751.8	1	19/20		3.7	4.40	1.19
2254 - 2255	K.GLDIQK.V	961.7	2	2.39	0.16	719.2	1	10/10		2.19	2.54	1.16
2257 - 2258	K.IDALNENK.V	1204.8	2	3.48	0.32	1737.2	1	14/14		3.43	3.35	0.98
2272 - 2273	R.TPEVDDEALEK.F	1533.9	1	3.93	0.48	1221.6	1	17/20		3.39	3.97	1.17
2352 - 2353	K.ALPMHIR.L	981.6	3	2.51	0.31	797.9	1	15/24		2.08	2.71	1.30
2357 - 2358	K.WENGECAQK.K	1398.9	2	2.68	0.19	1224.1	1	16/16		2.83	2.42	0.85
2419 - 2420	K.IDALNENK.V	1204.8	3	2.68	0.31	1172.2	1	14/14		2.73	2.89	1.06
2447 - 2448	K.TKIPAVFK.I	1336.0	3	3.88	0.40	1771.2	1	23/28		3.83	3.94	1.03
2449 - 2450	K.TKIPAVFK.I	1336.0	2	2.94	0.38	896.0	1	14/14		3.04	3.41	1.12
2567 - 2568	K.VLVLDTDYKK.Y	1626.2	2	4.38	0.50	1768.5	1	18/18		4.67	4.25	0.91
2619 - 2620	K.TKIPAVFK.I	1336.0	3	3.71	0.41	938.2	1	19/28		3.59	3.48	0.97
2669 - 2670	R.TPEVDDEALEKFDK.A	2068.3	3	5.24	0.54	1542.8	1	32/52		4.96	5.18	1.04
2702 - 2703	K.VLVLDTDYKK.Y	1626.2	3	3.69	0.56	1640.1	1	26/36		3.44	4.02	1.17
2762 - 2763	K.IPAVFK.I	962.7	2	2.02	0.28	440.2	1	10/10		2.12	2.04	0.96
2784 - 2785	K.IPAVFK.I	962.7	2	1.54	0.28	426.9	2	9/10		1.46	1.98	1.35
2914 - 2915	K.VLVLDTDYK.K	1353.9	2	2.80	0.46	1156.7	1	16/16		2.42	2.74	1.13
2967 - 2968	K.VLVLDTDYK.K	1353.9	2	3.70	0.32	1551.0	1	16/16		3.48	3.54	1.02
3099 - 3100	K.VLVLDTDYK.K	1353.9	2	3.17	0.33	1479.6	1	16/16		3.16	3.01	0.95
3517 - 3518	R.VYVEELKPTPEGDLEILLQK.W	2745.7	3	6.92	0.57	3000.0	1	38/76		7.4	6.83	0.92
3527 - 3528	R.VYVEELKPTPEGDLEILLQK.W	2745.7	3	5.05	0.57	1173.9	1	26/38		5	4.39	0.88
3652 - 3653	R.VYVEELKPTPEGDLEILLQK.W	2745.7	3	7.13	0.57	2808.7	1	37/76		7.54	6.70	0.89
3694 - 3695	R.LSFNPTQLEEQCHI.-	1849.0	2	4.42	0.52	1195.1	1	19/26		4.1	3.85	0.94
3799 - 3800	R.VYVEELKPTPEGDLEILLQK.W	2745.7	3	6.06	0.56	1584.6	1	34/76		5.73	5.76	1.00
3817 - 3818	R.LSFNPTQLEEQCHI.-	1849.0	2	4.98	0.58	2280.4	1	24/26		4.97	5.00	1.01
3932 - 3933	R.VYVEELKPTPEGDLEILLQK.W	2745.7	3	7.03	0.54	2976.9	1	38/76		7.08	6.37	0.90
3952 - 3953	R.LSFNPTQLEEQCHI.-	1849.0	2	5.53	0.56	2374.4	1	24/26		5.3	4.81	0.91
4072 - 4073	R.LSFNPTQLEEQCHI.-	1849.0	2	5.58	0.56	2370.5	1	24/26		5.08	5.33	1.05
4074 - 4075	R.TPEVDDEALEKFDK.A	2068.3	3	3.19	0.19	875.2	1	24/52		2.91	3.72	1.28
4122 - 4123	K.VAGTWYSLAM*AASDISLLDAQSAPLR.V	2867.5	3	3.95	0.31	399.0	1	25/100		2.93	3.32	1.13
4137 - 4138	K.VAGTWYSLAM*AASDISLLDAQSAPLR.V	2867.5	3	7.01	0.71	3087.8	1	29/50		6.12	7.42	1.21
4169 - 4170	K.VAGTWYSLAMAASDISLLDAQSAPLR.V	2851.5	3	6.69	0.58	2363.3	1	39/100		6.16	5.79	0.94
4192 - 4193	R.LSFNPTQLEEQCHI.-	1849.0	2	4.66	0.54	2492.9	1	25/26		4.32	5.06	1.17
4264 - 4265	K.VAGTWYSLAMAASDISLLDAQSAPLR.V	2851.5	3	7.57	0.64	2644.6	1	41/100		6.94	6.13	0.88
4282 - 4283	R.LSFNPTQLEEQCHI.-	1849.0	2	4.81	0.57	1965.5	1	22/26		4.22	5.22	1.24
4292 - 4293	R.VYVEELKPTPEGDLEILLQK.W	2745.7	3	6.58	0.50	3459.5	1	39/76		6.58	6.27	0.95
4374 - 4375	K.VAGTWYSLAMAASDISLLDAQSAPLR.V	2851.5	3	7.99	0.60	2283.4	1	43/100		7.72	7.46	0.97
4392 - 4393	R.LSFNPTQLEEQCHI.-	1849.0	2	4.70	0.59	2656.9	1	25/26		4.42	4.77	1.08
4409 - 4410	R.VYVEELKPTPEGDLEILLQK.W	2745.7	3	6.78	0.53	3225.0	1	38/76		6.5	6.17	0.95
4424 - 4425	K.VLVLDTDYK.K	1353.9	2	3.28	0.31	1417.7	1	15/16		3.25	2.94	0.90
4482 - 4483	K.VAGTWYSLAMAASDISLLDAQSAPLR.V	2851.5	3	7.85	0.60	2672.5	1	41/100		7.18	7.26	1.01
4507 - 4508	K.VLVLDTDYKK.Y	1626.2	3	3.50	0.37	555.2	1	23/36		3.42	3.69	1.08
4514 - 4515	R.LSFNPTQLEEQCHI.-	1849.0	3	4.26	0.56	2450.4	1	24/26		3.93	4.00	1.02
4517 - 4518	R.VYVEELKPTPEGDLEILLQK.W	2745.7	3	7.24	0.52	3060.6	1	38/76		7.12	6.61	0.93
4584 - 4585	K.VLVLDTDYK.K	1353.9	2	2.70	0.31	1192.1	1	15/16		2.5	2.96	1.18
4597 - 4598	K.VAGTWYSLAMAASDISLLDAQSAPLR.V	2851.5	3	7.76	0.60	2369.4	1	43/100		7.13	7.82	1.10
4627 - 4628	R.LSFNPTQLEEQCHI.-	1849.0	3	4.80	0.58	2413.4	1	24/26		4.73	5.16	1.09
4632 - 4633	R.VYVEELKPTPEGDLEILLQK.W	2745.7	3	6.99	0.56	2625.0	1	37/76		7.13	6.40	0.90
4707 - 4708	K.VAGTWYSLAMAASDISLLDAQSAPLR.V	2851.5	3	7.08	0.58	2354.2	1	41/100		6.82	6.78	0.99
4719 - 4720	K.VLVLDTDYK.K	1353.9	2	3.04	0.23	1426.3	1	15/16		2.92	3.02	1.03
4732 - 4733	R.LSFNPTQLEEQCHI.-	1849.0	3	5.31	0.53	2400.1	1	25/26		5.14	4.97	0.97
4734 - 4735	K.TKIPAVFK.I	1336.0	3	2.86	0.36	1020.9	1	19/28		2.91	2.69	0.92
4742 - 4743	R.VYVEELKPTPEGDLEILLQK.W	2745.7	3	6.82	0.56	2643.2	1	38/76		7	6.52	0.93
4744 - 4745	K.VLVLDTDYKK.Y	1626.2	3	3.78	0.37	1110.9	1	24/36		3.71	4.10	1.10
4847 - 4848	R.VYVEELKPTPEGDLEILLQK.W	2745.7	3	7.20	0.52	2428.9	1	37/76		7.24	6.34	0.88
4852 - 4853	K.VLVLDTDYKK.Y	1626.2	3	3.92	0.43	1067.6	1	23/36		3.53	4.12	1.17
4867 - 4868	K.VLVLDTDYK.K	1353.9	2	2.76	0.22	947.1	1	14/16		2.47	2.62	1.06
4934 - 4935	K.TKIPAVFK.I	1336.0	3	3.59	0.36	906.0	1	20/28		3.34	3.89	1.16
4952 - 4953	R.LSFNPTQLEEQCHI.-	1849.0	2	5.66	0.53	2651.1	1	25/26		5.14	4.94	0.96
4957 - 4958	R.VYVEELKPTPEGDLEILLQK.W	2745.7	3	6.88	0.51	3144.9	1	38/76		7.15	6.70	0.94
4959 - 4960	K.VLVLDTDYKK.Y	1626.2	3	3.93	0.46	1126.4	1	24/36		3.81	4.15	1.09
4967 - 4968	K.IDALNENK.V	1204.8	2	3.14	0.41	1587.0	1	14/14		3.34	3.46	1.03
5034 - 5035	K.TKIPAVFK.I	1336.0	3	3.61	0.37	1269.7	1	20/28		3.37	4.04	1.20
5052 - 5053	R.LSFNPTQLEEQCHI.-	1849.0	2	5.02	0.57	2627.8	1	25/26		4.69	4.79	1.02
5057 - 5058	R.VYVEELKPTPEGDLEILLQK.W	2745.7	3	7.16	0.54	2605.9	1	37/76		7.39	6.09	0.82
5062 - 5063	K.VLVLDTDYKK.Y	1626.2	3	4.02	0.38	969.2	1	22/36		4.12	4.30	1.04
5124 - 5125	R.TPEVDDEALEKFDK.A	2068.3	3	3.34	0.34	760.6	1	24/52		3.45	2.50	0.72
5134 - 5135	K.IDALNENK.V	1204.8	2	3.28	0.34	1379.2	1	14/14		3.34	3.48	1.04
5147 - 5148	K.VAGTWYSLAMAASDISLLDAQSAPLR.V	2851.5	3	7.39	0.57	2252.9	1	41/100		7.18	6.62	0.92
5149 - 5150	K.TKIPAVFK.I	1336.0	3	3.75	0.39	1127.1	1	19/28		3.69	3.93	1.06
5152 - 5153	R.LSFNPTQLEEQCHI.-	1849.0	3	5.23	0.56	2689.1	1	25/26		4.95	5.25	1.06
5164 - 5165	K.VLVLDTDYKK.Y	1626.2	3	4.17	0.40	1290.3	1	25/36		3.8	4.26	1.12
5169 - 5170	R.VYVEELKPTPEGDLEILLQK.W	2745.7	3	7.18	0.52	2870.6	1	37/76		7.43	6.89	0.93
5249 - 5250	R.LSFNPTQLEEQCHI.-	1849.0	3	5.16	0.54	2486.1	1	25/26		5.12	4.91	0.96
5259 - 5260	K.VLVLDTDYKK.Y	1626.2	3	3.76	0.42	1316.6	1	23/36		3.61	4.10	1.13
5264 - 5265	R.VYVEELKPTPEGDLEILLQK.W	2745.7	3	7.17	0.54	2344.0	1	37/76		7.42	6.43	0.87
5269 - 5270	R.TPEVDDEALEKFDK.A	2068.3	3	3.31	0.35	932.8	1	26/52		3.09	2.76	0.89
5337 - 5338	K.VAGTWYSLAMAASDISLLDAQSAPLR.V	2851.5	3	4.25	0.31	790.0	1	30/100		4.17	3.42	0.82
5344 - 5345	R.LSFNPTQLEEQCHI.-	1849.0	2	5.26	0.56	2411.6	1	25/26		5.11	5.11	1.00
5352 - 5353	K.VLVLDTDYKK.Y	1626.2	3	4.08	0.46	1080.9	1	23/36		3.75	3.98	1.06
5359 - 5360	R.VYVEELKPTPEGDLEILLQK.W	2745.7	3	7.08	0.54	2727.4	1	39/76		7.38	6.26	0.85
5379 - 5380	R.TPEVDDEALEKFDK.A	2068.3	3	4.49	0.52	850.5	1	28/52		3.45	3.83	1.11
5394 - 5395	K.IDALNENK.V	1204.8	2	3.12	0.32	1487.7	1	14/14		3.36	3.46	1.03
5417 - 5418	K.VLVLDTDYK.K	1353.9	2	2.56	0.38	450.7	1	15/16		2.76	2.16	0.78
5439 - 5440	R.LSFNPTQLEEQCHI.-	1849.0	2	5.55	0.52	2010.2	1	24/26		5.18	5.41	1.04
5454 - 5455	R.VYVEELKPTPEGDLEILLQK.W	2745.7	3	6.69	0.52	2351.3	1	37/76		6.7	6.51	0.97
5462 - 5463	K.VLVLDTDYKK.Y	1626.2	3	3.79	0.50	1107.4	1	25/36		3.63	4.34	1.19
5509 - 5510	K.VLVLDTDYK.K	1353.9	2	2.12	0.25	349.4	1	14/16		2.61	2.00	0.76
5529 - 5530	R.LSFNPTQLEEQCHI.-	1849.0	2	5.40	0.57	2626.9	1	25/26		5.22	4.87	0.93
5547 - 5548	R.TPEVDDEALEKFDK.A	2068.3	3	2.97	0.39	732.7	1	27/52		3.57	2.56	0.72
5552 - 5553	K.VLVLDTDYKK.Y	1626.2	3	3.90	0.43	1145.3	1	23/36		3.48	4.09	1.17
5554 - 5555	R.VYVEELKPTPEGDLEILLQK.W	2745.7	3	7.44	0.54	2612.4	1	37/76		7.32	6.73	0.92
5604 - 5605	K.IDALNENK.V	1204.8	2	3.26	0.35	1587.4	1	14/14		3.22	3.49	1.08
5619 - 5620	R.LSFNPTQLEEQCHI.-	1849.0	3	5.05	0.53	2250.7	1	25/26		5.18	4.79	0.92
5699 - 5700	R.LSFNPTQLEEQCHI.-	1849.0	3	5.34	0.52	1956.4	1	24/26		5.01	4.87	0.97
5717 - 5718	K.VAGTWYSLAMAASDISLLDAQSAPLR.V	2851.5	3	5.12	0.44	969.2	1	33/100		4.47	4.31	0.96
5727 - 5728	K.VLVLDTDYKK.Y	1626.2	3	3.62	0.46	935.9	1	23/36		3.35	3.95	1.18
5747 - 5748	K.TKIPAVFK.I	1336.0	3	3.14	0.35	664.1	1	18/28		3.22	2.96	0.92
5784 - 5785	R.LSFNPTQLEEQCHI.-	1849.0	3	5.47	0.53	1994.1	1	25/26		5	5.09	1.02
5827 - 5828	K.VAGTWYSLAMAASDISLLDAQSAPLR.V	2851.5	3	6.72	0.62	2538.4	1	43/100		7.29	5.28	0.72
5859 - 5860	K.VLVLDTDYKK.Y	1626.2	3	3.67	0.40	708.6	1	20/36		3.61	3.52	0.97
5882 - 5883	R.LSFNPTQLEEQCHI.-	1849.0	3	5.42	0.54	2462.5	1	25/26		4.81	5.17	1.07
5939 - 5940	R.TPEVDDEALEKFDK.A	2068.3	3	2.63	0.10	305.2	1	23/52		2.73	2.14	0.78
5967 - 5968	K.VLVLDTDYKK.Y	1626.2	3	3.58	0.46	802.5	1	22/36		3.31	3.67	1.11
5989 - 5990	R.LSFNPTQLEEQCHI.-	1849.0	3	5.16	0.52	1881.5	1	23/26		5	4.77	0.95
6064 - 6065	K.VLVLDTDYKK.Y	1626.2	3	3.19	0.38	872.5	1	21/36		3.22	2.94	0.91

6164 - 6165	K.VLVLDTDYKK.Y	1626.2	3	3.78	0.46	604.4	1	19/36		3.38	3.35	0.99
6267 - 6268	K.VLVLDTDYK.K	1353.9	2	2.47	0.30	419.8	1	15/16		2.45	1.72	0.70
6277 - 6278	K.VLVLDTDYKK.Y	1626.2	3	3.26	0.42	826.9	1	22/36		3.02	3.27	1.08
6302 - 6303	K.VAGTWYSLAMAASDISLLDAQSAPLR.V	2851.5	3	4.90	0.50	797.0	1	34/100		5.44	4.40	0.81
6372 - 6373	K.VLVLDTDYKK.Y	1626.2	3	3.69	0.47	933.9	1	23/36		3.68	3.82	1.04
6384 - 6385	K.IDALNENK.V	1204.8	2	3.33	0.36	1640.3	1	14/14		3.42	3.53	1.03
6397 - 6398	R.LSFNPTQLEEQCHI.-	1849.0	3	4.84	0.53	2233.3	1	24/26		4.79	5.26	1.10
6422 - 6423	K.TKIPAVFK.I	1336.0	3	3.56	0.34	843.5	1	18/28		3.5	3.17	0.90
6429 - 6430	K.VLVLDTDYK.K	1353.9	2	3.31	0.33	1447.5	1	16/16		3.34	2.62	0.78
6447 - 6448	K.VLVLDTDYKK.Y	1626.2	3	3.92	0.45	1108.0	1	24/36		3.79	3.90	1.03
6457 - 6458	K.IDALNENK.V	1204.8	2	3.38	0.24	1715.0	1	14/14		3.35	3.14	0.94
6462 - 6463	K.ALPMHIR.L	981.6	3	2.68	0.31	875.7	1	15/24		2.13	2.74	1.28
6492 - 6493	K.TKIPAVFK.I	1336.0	3	2.80	0.33	646.3	1	16/28		2.93	2.63	0.90
6519 - 6520	K.VLVLDTDYK.K	1353.9	2	3.30	0.23	1592.7	1	16/16		3.21	2.99	0.93
6524 - 6525	K.VLVLDTDYKK.Y	1626.2	3	3.68	0.53	1125.8	1	24/36		3.54	3.59	1.01
6529 - 6530	K.IDALNENK.V	1204.8	2	3.25	0.37	1754.4	1	14/14		3.29	3.32	1.01
6532 - 6533	K.ALPMHIR.L	981.6	3	2.62	0.31	902.9	1	15/24		2.41	2.72	1.13
6557 - 6558	K.TKIPAVFK.I	1336.0	3	3.86	0.41	1368.9	1	21/28		3.63	3.44	0.95
6587 - 6588	K.VLVLDTDYKK.Y	1626.2	3	4.12	0.56	1101.4	1	24/36		3.77	4.82	1.28
6592 - 6593	K.IDALNENK.V	1204.8	2	3.54	0.36	1663.2	1	14/14		3.46	3.45	1.00
6597 - 6598	K.ALPMHIR.L	981.6	3	2.60	0.29	909.8	1	15/24		2.37	2.84	1.20
6662 - 6663	K.ALPMHIR.L	981.6	3	2.63	0.30	915.8	1	15/24		2.41	2.67	1.11
6664 - 6665	K.IDALNENK.V	1204.8	2	3.71	0.34	1705.9	1	14/14		3.61	3.45	0.95
6669 - 6670	K.GLDIQK.V	961.7	3	2.17	0.15	668.4	1	10/10		2.26	2.68	1.18
6734 - 6735	K.GLDIQK.V	961.7	3	2.38	0.11	674.9	2	10/10		2.37	2.56	1.08

Reference File, Scan(s)	Sequence	MH+	Charge	Xcorr (merged CID/PQD)	Score Delta Cn	Accession Sp	RSp	Peptides (Hits) Ions	Count	Xcorr (CID)	Xcorr (PQD)	Ratio (PQD/CID)
gi|125996|sp|P00711|LALBA_BOVIN Alpha-lactalbumin precursor								47 (47 0 0 0 0)				
2114 - 2115	K.ALCSEK.L	984.7	2	1.88	0.32	328.4	1	10/10		2.02	2.01	0.99
2562 - 2563	K.CEVFR.E	843.6	1	1.84	0.20	250.6	1	8/8		1.69	1.82	1.07
2874 - 2875	K.DDQNPHSSNICNISCDK.F	2270.3	3	5.89	0.54	2286.4	1	32/64		5.6	5.43	0.97
2887 - 2888	K.DDQNPHSSNICNISCDK.F	2270.3	3	5.60	0.54	1776.8	1	26/32		5.44	5.34	0.98
2969 - 2970	K.VGINYWLAHK.A	1489.0	3	4.14	0.39	1546.8	1	24/36		4.07	3.63	0.89
2984 - 2985	K.VGINYWLAHK.A	1489.0	3	4.70	0.42	1993.8	1	18/18		5.08	4.56	0.90
3104 - 3105	K.VGINYWLAHK.A	1489.0	3	4.27	0.44	1673.1	1	24/36		4.2	3.64	0.87
3159 - 3160	K.IWCKDDQNPHSSNICNISCDK.F	2990.8	3	3.65	0.25	346.4	1	24/80		3.95	3.89	0.98
3299 - 3300	K.LDQWLCEK.L	1368.9	2	3.52	0.34	1504.3	1	14/14		3.39	3.35	0.99
3317 - 3318	K.ILDKVGINYWLAHK.A	2102.4	3	6.94	0.61	4456.3	1	37/52		6.74	6.46	0.96
3479 - 3480	K.FLDDDLTDDIMCVKK.I	2249.4	3	6.16	0.49	3427.9	1	37/56		5.96	6.46	1.08
3489 - 3490	K.FLDDDLTDDIM*CVK.K	1993.1	3	4.64	0.36	1511.4	1	30/52		4.17	4.00	0.96
3492 - 3493	K.FLDDDLTDDIM*CVK.K	1993.1	3	5.31	0.54	3090.6	1	26/26		5.7	5.02	0.88
3697 - 3698	K.FLDDDLTDDIMCVK.K	1977.1	3	5.26	0.49	2228.8	1	32/52		4.39	5.43	1.24
3699 - 3700	K.FLDDDLTDDIMCVK.K	1977.1	2	6.08	0.46	3379.2	1	26/26		6.38	6.08	0.95
3762 - 3763	K.LDQWLCEKL.-	1482.0	2	3.44	0.45	1513.1	1	15/16		3.64	3.54	0.97
3824 - 3825	K.FLDDDLTDDIMCVK.K	1977.1	3	6.02	0.55	4235.2	1	26/26		6.02	5.84	0.97
3892 - 3893	K.LDQWLCEKL.-	1482.0	2	3.60	0.39	1755.8	1	15/16		3.73	3.45	0.92
3954 - 3955	K.ALCSEKLDQWLCEKL.-	2303.5	3	4.38	0.52	1512.1	1	28/56		4.31	3.76	0.87
4022 - 4023	K.LDQWLCEKL.-	1482.0	2	3.93	0.46	1198.6	1	15/16		3.63	3.57	0.98
4147 - 4148	K.LDQWLCEKL.-	1482.0	2	3.87	0.47	1385.5	1	15/16		3.92	3.39	0.86
4377 - 4378	K.LDQWLCEKL.-	1482.0	3	3.98	0.48	1395.1	1	15/16		3.95	3.47	0.88
4489 - 4490	K.LDQWLCEKL.-	1482.0	2	3.49	0.41	1206.2	1	15/16		3.73	3.23	0.86
4534 - 4535	K.CEVFR.E	843.6	3	2.12	0.19	550.3	2	8/8		1.66	2.19	1.32
4604 - 4605	K.LDQWLCEKL.-	1482.0	2	3.97	0.51	1550.4	1	15/16		4	3.47	0.87
4674 - 4675	K.CEVFR.E	843.6	3	2.08	0.17	574.1	2	8/8		1.7	2.17	1.27
4714 - 4715	K.LDQWLCEKL.-	1482.0	2	3.47	0.37	1268.7	1	15/16		3.73	3.39	0.91
4784 - 4785	K.CEVFR.E	843.6	3	2.15	0.18	619.0	2	8/8		1.71	2.28	1.33
4824 - 4825	K.LDQWLCEKL.-	1482.0	2	3.86	0.48	1084.4	1	15/16		3.66	3.36	0.92
4884 - 4885	K.VGINYWLAHK.A	1489.0	3	2.58	0.23	1365.6	1	23/36		2.75	2.08	0.75
4929 - 4930	K.LDQWLCEKL.-	1482.0	2	3.55	0.41	1068.9	1	15/16		3.62	3.43	0.95
5002 - 5003	K.CEVFR.E	843.6	3	2.17	0.16	555.2	1	8/8		1.4	2.28	1.63
5029 - 5030	K.LDQWLCEKL.-	1482.0	2	3.87	0.46	1131.5	1	15/16		3.85	3.42	0.89
5129 - 5130	K.LDQWLCEKL.-	1482.0	2	3.54	0.40	1266.8	1	15/16		3.65	3.40	0.93
5202 - 5203	K.CEVFR.E	843.6	3	2.22	0.11	559.1	1	8/8		1.62	2.25	1.39
5224 - 5225	K.LDQWLCEKL.-	1482.0	2	3.84	0.48	1242.7	1	15/16		3.81	3.43	0.90
5297 - 5298	K.CEVFR.E	843.6	3	2.14	0.12	598.0	2	8/8		1.44	2.14	1.48
5319 - 5320	K.LDQWLCEKL.-	1482.0	2	3.59	0.44	1118.2	1	15/16		3.78	3.48	0.92
5414 - 5415	K.LDQWLCEKL.-	1482.0	2	3.93	0.46	1261.2	1	15/16		4.01	3.44	0.86
5489 - 5490	K.VGINYWLAHK.A	1489.0	3	2.70	0.26	827.3	1	21/36		2.51	2.14	0.85
5504 - 5505	K.LDQWLCEKL.-	1482.0	2	3.43	0.38	1269.1	1	15/16		3.69	3.41	0.92
5569 - 5570	K.LDQWLCEK.L	1368.9	3	3.02	0.11	603.7	2	13/14		3.05	3.30	1.08
5597 - 5598	K.LDQWLCEKL.-	1482.0	3	3.49	0.40	1637.5	1	15/16		3.57	3.63	1.02
5682 - 5683	K.LDQWLCEKL.-	1482.0	3	3.27	0.38	922.6	1	15/16		3.31	3.17	0.96
5774 - 5775	K.LDQWLCEKL.-	1482.0	2	3.55	0.43	1254.6	1	15/16		3.57	3.42	0.96
6494 - 6495	K.VGINYWLAHK.A	1489.0	3	3.68	0.43	1638.2	1	25/36		3.42	3.51	1.02
6497 - 6498	K.ALCSEK.L	984.7	3	2.08	0.13	446.0	2	9/10		2.13	2.08	0.97

Reference File, Scan(s)	Sequence	MH+	Charge	Xcorr (merged CID/PQD)	Score Delta Cn	Accession Sp	RSp	Peptides (Hits) Ions	Count	Xcorr (CID)	Xcorr (PQD)	Ratio (PQD/CID)
gi|126608|sp|P00698|LYSC_CHICK Lysozyme C precursor (1,4-beta-N-acetylmuramida								200 (200 0 0 0 0)				
1549 - 1550	R.HGLDNYR.G	1018.6	2	2.15	0.23	766.3	1	12/12		2.13	2.06	0.96
2204 - 2205	K.FESNFNTQATNR.N	1572.8	2	4.99	0.55	1823.0	1	21/22		4.49	4.73	1.05
2347 - 2348	K.FESNFNTQATNR.N	1572.8	2	4.59	0.49	2108.8	1	22/22		4.7	4.13	0.88
2354 - 2355	R.CELAAAM*K.R	1186.8	2	2.71	0.35	966.4	1	14/14		2.65	2.69	1.01
2377 - 2378	R.CELAAAM*K.R	1186.8	3	3.25	0.27	1709.5	1	20/28		3.13	2.65	0.85
2737 - 2738	K.FESNFNTQATNR.N	1572.8	2	5.04	0.55	1592.8	1	21/22		4.7	4.55	0.97
2754 - 2755	K.GTDVQAWIR.G	1189.7	2	3.28	0.39	1068.0	1	16/16		3.81	3.21	0.84
2764 - 2765	R.CELAAAMK.R	1170.8	2	3.58	0.33	2112.9	1	14/14		3.68	3.36	0.91
2767 - 2768	K.GTDVQAWIR.G	1189.7	2	2.67	0.21	580.8	1	15/16		2.43	2.09	0.86
2774 - 2775	R.CELAAAMK.R	1170.8	2	2.61	0.30	952.4	1	14/14		2.51	2.50	0.99
2787 - 2788	R.NTDGSTDYGILQINSR.W	1898.0	2	6.30	0.65	3274.6	1	28/30		5.64	6.07	1.08
2812 - 2813	R.NTDGSTDYGILQINSR.W	1898.0	1	3.56	0.70	536.1	1	18/30		3.65	3.94	1.08
2889 - 2890	K.KIVSDGNGM*NAWVAWR.N	2108.2	3	3.61	0.25	1844.2	1	31/60		3.25	3.06	0.94
2894 - 2895	K.GTDVQAWIR.G	1189.7	2	2.79	0.29	1139.7	1	16/16		3.03	2.74	0.90
2902 - 2903	R.CELAAAMK.R	1170.8	2	3.58	0.30	2146.0	1	14/14		3.52	3.71	1.05
2917 - 2918	R.NTDGSTDYGILQINSR.W	1898.0	2	5.71	0.63	3539.3	1	28/30		5.46	5.96	1.09
2932 - 2933	R.NTDGSTDYGILQINSR.W	1898.0	3	4.51	0.46	1836.6	1	31/60		4.36	3.74	0.86
2987 - 2988	R.WWCNDGR.T	1126.6	2	2.43	0.33	764.5	1	12/12		2.64	2.30	0.87
3039 - 3040	K.GTDVQAWIR.G	1189.7	2	2.79	0.31	841.6	1	15/16		2.76	2.99	1.08
3049 - 3050	R.CELAAAMK.R	1170.8	2	3.32	0.31	2030.1	1	14/14		3.33	3.36	1.01
3094 - 3095	K.KIVSDGNGMNAWVAWR.N	2092.2	3	5.76	0.43	4182.6	1	40/60		5.78	5.57	0.96
3152 - 3153	R.WWCNDGR.T	1126.6	2	2.82	0.24	791.8	1	12/12		2.89	2.66	0.92
3174 - 3175	K.GTDVQAWIR.G	1189.7	2	3.94	0.34	1029.9	1	16/16		3.89	3.74	0.96
3219 - 3220	K.IVSDGNGM*NAWVAWR.N	1836.0	2	3.53	0.41	711.4	1	19/28		3.31	3.30	1.00
3304 - 3305	R.WWCNDGR.T	1126.6	2	2.35	0.29	805.4	1	12/12		2.34	2.43	1.04
3319 - 3320	K.GTDVQAWIR.G	1189.7	2	3.25	0.38	1111.4	1	16/16		3.48	3.33	0.96
3354 - 3355	K.IVSDGNGMNAWVAWR.N	1820.0	3	5.86	0.50	3475.8	1	28/28		5.22	5.47	1.05
3367 - 3368	R.GYSLGNWVCAAK.F	1603.0	2	4.85	0.65	2741.4	1	22/22		4.78	4.86	1.02
3377 - 3378	R.GYSLGNWVCAAK.F	1603.0	2	4.47	0.59	1622.0	1	18/22		3.64	4.40	1.21
3392 - 3393	R.GYSLGNWVCAAK.F	1603.0	3	3.25	0.33	1215.1	1	23/44		3.09	2.87	0.93
3437 - 3438	R.WWCNDGR.T	1126.6	2	2.38	0.30	790.1	1	12/12		2.41	2.36	0.98
3452 - 3453	K.IVSDGNGMNAWVAWR.N	1820.0	2	2.57	0.51	677.4	1	20/28		2.3	3.81	1.65

3469 - 3470	K.GTDVQAWIR.G	1189.7	3	3.63	0.36	1045.9	1 16/16	3.58	3.47	0.97
3477 - 3478	K.IVSDGNGMNAWVAWR.N	1820.0	3	3.97	0.43	3165.0	1 28/28	3.94	3.99	1.01
3577 - 3578	R.GYSLGNWVCAAK.F	1603.0	3	4.65	0.59	2865.4	1 21/22	4.49	4.64	1.03
3582 - 3583	R.GYSLGNWVCAAK.F	1603.0	3	3.23	0.36	1271.1	1 24/44	2.91	3.48	1.19
3592 - 3593	R.WWCNDGR.T	1126.6	2	2.32	0.30	789.3	1 12/12	2.69	2.47	0.92
3632 - 3633	K.IVSDGNGMNAWVAWR.N	1820.0	2	4.63	0.52	2804.0	1 26/28	4.64	4.34	0.93
3752 - 3753	R.GYSLGNWVCAAK.F	1603.0	2	4.89	0.65	2856.6	1 22/22	4.93	4.79	0.97
3814 - 3815	K.IVSDGNGMNAWVAWR.N	1820.0	2	4.89	0.57	2426.7	1 26/28	4.59	3.59	0.78
3819 - 3820	R.GYSLGNWVCAAK.F	1603.0	3	2.88	0.26	1254.9	1 24/44	2.65	3.29	1.24
3894 - 3895	R.GYSLGNWVCAAK.F	1603.0	3	4.43	0.66	2550.7	1 22/22	4.66	4.71	1.01
3959 - 3960	K.IVSDGNGMNAWVAWR.N	1820.0	3	4.90	0.59	2712.2	1 27/28	4.97	4.64	0.93
3994 - 3995	R.WWCNDGR.T	1126.6	2	2.12	0.19	798.5	1 12/12	2.37	2.14	0.90
4034 - 4035	R.GYSLGNWVCAAK.F	1603.0	2	4.58	0.66	2797.7	1 22/22	4.71	5.02	1.06
4119 - 4120	R.WWCNDGR.T	1126.6	2	2.07	0.17	549.6	2 10/12	2.18	2.17	0.99
4127 - 4128	K.IVSDGNGMNAWVAWR.N	1820.0	3	5.01	0.53	2728.7	1 27/28	4.68	4.58	0.98
4159 - 4160	K.FESNFNTQATNR.N	1572.8	2	3.13	0.33	767.3	1 18/22	3.06	2.19	0.71
4162 - 4163	R.GYSLGNWVCAAK.F	1603.0	3	3.51	0.28	1622.0	1 26/44	3.08	3.34	1.08
4172 - 4173	R.NLCNIPCSALLSSDITASVNCAK.K	2763.7	3	4.08	0.47	619.8	1 32/88	3.99	3.77	0.94
4184 - 4185	R.CELAAAMK.R	1170.8	2	3.37	0.31	1944.6	1 14/14	3.28	3.28	1.00
4222 - 4223	R.NLCNIPCSALLSSDITASVNCAK.K	2763.7	3	7.47	0.71	1756.4	1 28/44	6.46	6.46	1.00
4257 - 4258	R.WWCNDGR.T	1126.6	2	2.45	0.25	820.0	1 12/12	2.63	2.74	1.04
4262 - 4263	R.NLCNIPCSALLSSDITASVNCAK.K	2763.7	3	6.28	0.58	2129.5	1 38/88	5.87	6.50	1.11
4324 - 4325	K.GTDVQAWIR.G	1189.7	2	3.63	0.37	1062.4	1 16/16	3.63	3.90	1.07
4329 - 4330	R.GYSLGNWVCAAK.F	1603.0	3	2.89	0.29	1345.1	1 25/44	2.82	3.30	1.17
4344 - 4345	R.GYSLGNWVCAAK.F	1603.0	2	4.50	0.68	2676.2	1 22/22	4.55	4.82	1.06
4347 - 4348	R.NLCNIPCSALLSSDITASVNCAK.K	2763.7	3	7.13	0.73	1666.3	1 27/44	6.1	6.69	1.10
4379 - 4380	R.WWCNDGR.T	1126.6	2	2.18	0.23	761.2	1 12/12	2.12	2.22	1.04
4412 - 4413	K.IVSDGNGMNAWVAWR.N	1820.0	3	5.14	0.58	2387.5	1 26/28	4.7	4.90	1.04
4417 - 4418	R.CELAAAMK.R	1170.8	2	3.52	0.31	2080.7	1 14/14	3.56	3.24	0.91
4429 - 4430	K.KIVSDGNGMNAWVAWR.N	2092.2	3	3.30	0.31	1933.3	1 28/60	3.7	2.54	0.69
4432 - 4433	K.GTDVQAWIR.G	1189.7	2	4.00	0.34	1036.9	1 16/16	3.99	3.31	0.83
4437 - 4438	R.GYSLGNWVCAAK.F	1603.0	3	3.19	0.35	997.0	1 22/44	3.04	3.53	1.16
4454 - 4455	R.GYSLGNWVCAAK.F	1603.0	2	5.14	0.65	2091.9	1 22/22	4.97	5.42	1.09
4477 - 4478	R.NTDGSTDYGILQINSR.W	1898.0	2	5.00	0.65	2581.9	1 26/30	4.7	5.11	1.09
4479 - 4480	K.FESNFNTQATNR.N	1572.8	2	4.25	0.56	1542.8	1 20/22	4.37	3.24	0.74
4484 - 4485	K.IVSDGNGMNAWVAWR.N	1820.0	3	3.19	0.25	1365.4	1 24/56	3.43	2.40	0.70
4487 - 4488	R.WWCNDGR.T	1126.6	2	2.17	0.24	765.0	1 12/12	2.12	2.12	1.00
4492 - 4493	R.NLCNIPCSALLSSDITASVNCAK.K	2763.7	3	6.15	0.54	1647.4	1 36/88	5.88	5.52	0.94
4529 - 4530	R.CELAAAMK.R	1170.8	2	3.48	0.30	1992.8	1 14/14	3.44	3.34	0.97
4532 - 4533	K.IVSDGNGMNAWVAWR.N	1820.0	3	5.21	0.52	2806.1	1 27/28	4.94	4.57	0.92
4552 - 4553	R.GYSLGNWVCAAK.F	1603.0	3	2.90	0.34	1147.3	1 22/44	2.96	2.77	0.93
4554 - 4555	K.GTDVQAWIR.G	1189.7	3	3.46	0.26	1036.4	1 16/16	3.59	4.08	1.14
4582 - 4583	R.GYSLGNWVCAAK.F	1603.0	3	5.34	0.66	2560.0	1 21/22	5.36	5.52	1.03
4594 - 4595	K.FESNFNTQATNR.N	1572.8	3	4.25	0.55	1702.5	1 21/22	4.38	4.38	1.00
4602 - 4603	R.WWCNDGR.T	1126.6	3	2.19	0.33	648.5	1 11/12	2.22	2.12	0.95
4607 - 4608	R.NLCNIPCSALLSSDITASVNCAK.K	2763.7	3	5.91	0.51	1876.0	1 35/88	5.53	5.23	0.94
4642 - 4643	R.CELAAAMK.R	1170.8	2	2.42	0.39	885.5	1 14/14	2.55	2.57	1.01
4647 - 4648	K.IVSDGNGMNAWVAWR.N	1820.0	3	5.31	0.51	2594.8	1 26/28	5.28	4.57	0.86
4654 - 4655	R.NTDGSTDYGILQINSR.W	1898.0	2	4.84	0.59	2482.5	1 26/30	4.51	5.38	1.19
4669 - 4670	R.GYSLGNWVCAAK.F	1603.0	3	3.06	0.30	1245.3	1 24/44	2.65	3.44	1.30
4672 - 4673	K.GTDVQAWIR.G	1189.7	2	4.02	0.28	1020.3	1 16/16	4.12	3.81	0.92
4679 - 4680	R.NTDGSTDYGILQINSR.W	1898.0	3	3.37	0.30	1357.8	1 28/60	3.39	3.26	0.96
4692 - 4693	R.GYSLGNWVCAAK.F	1603.0	2	5.21	0.68	2704.2	1 21/22	5.22	5.36	1.03
4717 - 4718	R.NLCNIPCSALLSSDITASVNCAK.K	2763.7	3	5.97	0.54	1500.7	1 34/88	5.5	5.16	0.94
4752 - 4753	R.CELAAAMK.R	1170.8	2	3.51	0.32	2066.5	1 14/14	3.46	3.33	0.96
4759 - 4760	K.IVSDGNGMNAWVAWR.N	1820.0	3	5.09	0.51	3031.8	1 28/28	4.89	4.39	0.90
4777 - 4778	R.GYSLGNWVCAAK.F	1603.0	3	3.35	0.27	1013.5	1 22/44	3.23	3.28	1.01
4787 - 4788	K.GTDVQAWIR.G	1189.7	2	4.13	0.24	999.7	1 16/16	4.13	3.87	0.94
4794 - 4795	K.FESNFNTQATNR.N	1572.8	2	4.28	0.52	1882.1	1 22/22	4.16	4.13	0.99
4804 - 4805	R.GYSLGNWVCAAK.F	1603.0	2	4.81	0.63	2525.5	1 21/22	4.74	4.97	1.05
4822 - 4823	R.NLCNIPCSALLSSDITASVNCAK.K	2763.7	3	5.56	0.59	2149.5	1 37/88	5.42	4.81	0.89
4859 - 4860	R.CELAAAMK.R	1170.8	2	3.55	0.29	2086.6	1 14/14	3.53	3.45	0.98
4862 - 4863	K.IVSDGNGMNAWVAWR.N	1820.0	2	5.25	0.51	3071.7	1 28/28	5.08	4.69	0.92
4882 - 4883	R.GYSLGNWVCAAK.F	1603.0	3	2.55	0.17	956.0	1 21/44	2.49	2.75	1.10
4892 - 4893	K.GTDVQAWIR.G	1189.7	2	3.73	0.29	1052.8	1 16/16	3.74	3.87	1.03
4914 - 4915	R.NTDGSTDYGILQINSR.W	1898.0	3	4.04	0.38	1505.9	1 28/60	4.01	3.34	0.83
4917 - 4918	K.FESNFNTQATNR.N	1572.8	2	4.84	0.54	2223.0	1 21/22	4.78	4.29	0.90
4924 - 4925	R.GYSLGNWVCAAK.F	1603.0	2	4.94	0.64	1748.0	1 21/22	4.87	5.10	1.05
4927 - 4928	R.NLCNIPCSALLSSDITASVNCAK.K	2763.7	3	5.85	0.53	1640.2	1 35/88	5.6	5.52	0.98
4942 - 4943	R.WWCNDGR.T	1126.6	2	2.08	0.26	767.5	1 12/12	2.16	2.22	1.03
4962 - 4963	R.CELAAAMK.R	1170.8	2	3.44	0.28	2144.4	1 14/14	3.45	3.38	0.98
4972 - 4973	K.IVSDGNGMNAWVAWR.N	1820.0	2	4.99	0.50	2752.7	1 27/28	4.74	4.37	0.92
4984 - 4985	K.KIVSDGNGMNAWVAWR.N	2092.2	3	4.42	0.36	2692.8	1 36/60	4.08	3.02	0.74
4994 - 4995	R.NTDGSTDYGILQINSR.W	1898.0	2	5.87	0.63	3217.9	1 28/30	5.29	5.66	1.07
4997 - 4998	K.GTDVQAWIR.G	1189.7	2	3.58	0.27	1004.8	1 16/16	3.81	3.49	0.91
5027 - 5028	R.NLCNIPCSALLSSDITASVNCAK.K	2763.7	3	5.99	0.57	1952.4	1 37/88	5.71	5.13	0.90
5032 - 5033	R.GYSLGNWVCAAK.F	1603.0	2	5.24	0.65	2322.4	1 22/22	5.24	5.13	0.98
5069 - 5070	R.CELAAAMK.R	1170.8	2	3.53	0.30	2075.4	1 14/14	3.48	3.50	1.00
5072 - 5073	K.IVSDGNGMNAWVAWR.N	1820.0	3	5.06	0.50	2878.9	1 27/28	5.05	4.53	0.90
5077 - 5078	K.FESNFNTQATNR.N	1572.8	2	4.78	0.56	2120.0	1 21/22	4.72	4.52	0.96
5089 - 5090	R.GYSLGNWVCAAK.F	1603.0	3	3.58	0.38	1093.5	1 22/44	3.41	3.12	0.91
5097 - 5098	K.GTDVQAWIR.G	1189.7	2	3.83	0.29	1033.6	1 16/16	3.8	3.68	0.97
5112 - 5113	K.IVSDGNGMNAWVAWR.N	1820.0	3	3.58	0.25	1876.5	1 26/56	3.84	3.04	0.79
5132 - 5133	R.GYSLGNWVCAAK.F	1603.0	2	5.21	0.64	1367.7	1 21/22	5.32	5.58	1.05
5167 - 5168	R.CELAAAMK.R	1170.8	2	3.52	0.29	2070.7	1 14/14	3.55	3.47	0.98
5172 - 5173	K.IVSDGNGMNAWVAWR.N	1820.0	3	4.50	0.50	2791.8	1 27/28	4.57	4.59	1.00
5177 - 5178	K.FESNFNTQATNR.N	1572.8	2	4.37	0.54	1376.8	1 22/22	4.45	4.68	1.05
5197 - 5198	K.GTDVQAWIR.G	1189.7	2	3.90	0.34	1048.3	1 16/16	3.91	3.52	0.90
5222 - 5223	R.NLCNIPCSALLSSDITASVNCAK.K	2763.7	3	5.46	0.47	1661.1	1 36/88	5.34	4.20	0.79
5227 - 5228	R.NTDGSTDYGILQINSR.W	1898.0	3	3.47	0.33	491.4	1 24/60	3.72	2.92	0.78
5229 - 5230	R.GYSLGNWVCAAK.F	1603.0	3	5.17	0.64	1463.1	1 21/22	5.17	5.38	1.04
5237 - 5238	R.WWCNDGR.T	1126.6	3	2.24	0.30	768.4	1 12/12	2.15	2.25	1.04
5262 - 5263	R.CELAAAMK.R	1170.8	3	3.33	0.31	2077.5	1 14/14	3.34	3.41	1.02
5267 - 5268	K.IVSDGNGMNAWVAWR.N	1820.0	3	5.13	0.49	2771.6	1 27/28	4.76	5.05	1.06
5287 - 5288	K.KIVSDGNGMNAWVAWR.N	2092.2	3	4.03	0.32	1677.5	1 31/60	3.85	3.55	0.92
5292 - 5293	K.GTDVQAWIR.G	1189.7	2	3.24	0.35	1077.9	1 16/16	3.35	3.74	1.11
5299 - 5300	K.FESNFNTQATNR.N	1572.8	2	4.64	0.53	1599.3	1 22/22	4.38	4.06	0.93
5317 - 5318	R.NLCNIPCSALLSSDITASVNCAK.K	2763.7	3	5.42	0.56	1653.8	1 34/88	5.11	5.62	1.10
5322 - 5323	R.NTDGSTDYGILQINSR.W	1898.0	3	3.44	0.27	625.8	1 26/60	3.29	2.94	0.89
5347 - 5348	R.GYSLGNWVCAAK.F	1603.0	3	4.75	0.66	1894.8	1 21/22	4.82	4.66	0.97
5357 - 5358	R.CELAAAMK.R	1170.8	2	3.26	0.32	1928.0	1 14/14	3.47	3.63	1.04
5372 - 5373	K.IVSDGNGMNAWVAWR.N	1820.0	3	4.60	0.51	2781.4	1 27/28	4.76	4.54	0.95
5387 - 5388	K.GTDVQAWIR.G	1189.7	2	3.11	0.33	959.5	1 16/16	3.55	3.26	0.92
5389 - 5390	K.KIVSDGNGMNAWVAWR.N	2092.2	3	3.84	0.15	1445.2	1 31/60	3.71	3.40	0.92
5412 - 5413	R.NLCNIPCSALLSSDITASVNCAK.K	2763.7	3	6.01	0.57	1491.5	1 34/88	5.67	5.60	0.99
5419 - 5420	K.FESNFNTQATNR.N	1572.8	2	4.69	0.55	1165.0	1 22/22	4.56	4.69	1.03
5452 - 5453	R.CELAAAMK.R	1170.8	2	3.37	0.29	2047.4	1 14/14	3.38	3.46	1.02
5467 - 5468	R.NTDGSTDYGILQINSR.W	1898.0	3	3.46	0.27	953.6	1 28/60	3.44	3.19	0.93
5477 - 5478	K.GTDVQAWIR.G	1189.7	2	3.67	0.30	1055.7	1 16/16	3.64	3.70	1.02
5482 - 5483	R.GYSLGNWVCAAK.F	1603.0	3	2.55	0.20	968.2	1 21/44	2.66	2.43	0.91
5502 - 5503	R.NLCNIPCSALLSSDITASVNCAK.K	2763.7	3	6.16	0.57	2224.5	1 38/88	5.65	5.80	1.03
5507 - 5508	R.GYSLGNWVCAAK.F	1603.0	3	5.02	0.66	1657.0	1 21/22	5.01	5.12	1.02
5512 - 5513	K.FESNFNTQATNR.N	1572.8	2	4.60	0.51	1187.9	1 21/22	4.89	3.83	0.78
5517 - 5518	R.WWCNDGR.T	1126.6	2	2.08	0.15	611.6	1 12/12	2.24	1.84	0.82

5542 - 5543	R.CELAAAMK.R	1170.8	2	3.53	0.30	2118.1	1 14/14	3.53	3.34	0.94
5557 - 5558	R.NTDGSTDYGILQINSR.W	1898.0	3	3.73	0.32	976.0	1 29/60	3.78	3.01	0.79
5572 - 5573	K.GTDVQAWIR.G	1189.7	2	3.62	0.34	1056.2	1 16/16	3.63	3.78	1.04
5592 - 5593	R.NLCNIPCSALLSSDITASVNCAK.K	2763.7	3	5.79	0.50	1894.3	1 35/88	5.78	4.08	0.71
5602 - 5603	R.GYSLGNWVCAAK.F	1603.0	3	5.10	0.64	1908.1	1 21/22	5.17	5.21	1.01
5612 - 5613	R.WWCNDGR.T	1126.6	3	2.23	0.22	808.9	1 12/12	2.32	2.31	0.99
5634 - 5635	R.CELAAAMK.R	1170.8	3	3.49	0.31	2192.0	1 14/14	3.46	3.45	1.00
5652 - 5653	R.NTDGSTDYGILQINSR.W	1898.0	3	3.53	0.27	290.0	4 23/60	3.24	2.08	0.64
5662 - 5663	K.GTDVQAWIR.G	1189.7	2	3.71	0.36	1084.9	1 16/16	3.73	3.73	1.00
5677 - 5678	R.NLCNIPCSALLSSDITASVNCAK.K	2763.7	3	6.03	0.59	1773.3	1 36/88	5.6	6.22	1.11
5687 - 5688	R.GYSLGNWVCAAK.F	1603.0	3	3.03	0.26	1063.7	1 22/44	2.71	3.11	1.15
5692 - 5693	R.WWCNDGR.T	1126.6	2	2.11	0.15	790.0	1 12/12	2.19	2.46	1.12
5719 - 5720	R.CELAAAMK.R	1170.8	2	3.53	0.31	2097.1	1 14/14	3.48	3.45	0.99
5737 - 5738	R.NTDGSTDYGILQINSR.W	1898.0	3	3.43	0.24	431.1	2 26/60	2.87	2.90	1.01
5754 - 5755	K.GTDVQAWIR.G	1189.7	2	3.74	0.38	1085.0	1 16/16	3.65	3.55	0.97
5762 - 5763	R.NLCNIPCSALLSSDITASVNCAK.K	2763.7	3	5.50	0.52	1510.9	1 33/88	5.46	5.54	1.01
5777 - 5778	R.WWCNDGR.T	1126.6	2	2.06	0.20	802.1	1 12/12	2.25	2.33	1.03
5787 - 5788	R.GYSLGNWVCAAK.F	1603.0	3	3.02	0.31	1097.6	1 23/44	2.88	3.01	1.04
5837 - 5838	R.NTDGSTDYGILQINSR.W	1898.0	3	3.24	0.28	407.9	1 25/60	3.33	2.41	0.72
5852 - 5853	K.GTDVQAWIR.G	1189.7	2	3.54	0.31	1063.8	1 16/16	3.49	3.26	0.93
5854 - 5855	R.CELAAAMK.R	1170.8	2	3.30	0.31	2088.8	1 14/14	3.33	3.02	0.91
5857 - 5858	R.NLCNIPCSALLSSDITASVNCAK.K	2763.7	3	5.09	0.52	1060.5	1 33/88	4.81	5.42	1.13
5869 - 5870	R.WWCNDGR.T	1126.6	2	2.04	0.21	667.9	1 12/12	2.12	2.11	0.99
5884 - 5885	R.GYSLGNWVCAAK.F	1603.0	3	3.00	0.30	1015.4	1 24/44	2.92	2.41	0.82
5927 - 5928	R.NTDGSTDYGILQINSR.W	1898.0	3	2.92	0.16	308.5	2 21/60	2.88	2.40	0.83
5942 - 5943	R.NLCNIPCSALLSSDITASVNCAK.K	2763.7	3	5.78	0.54	1682.2	1 36/88	5.62	4.97	0.88
5947 - 5948	R.CELAAAMK.R	1170.8	3	3.34	0.31	2174.8	1 14/14	3.48	3.02	0.87
5954 - 5955	K.GTDVQAWIR.G	1189.7	2	3.46	0.34	1090.9	1 16/16	3.47	3.29	0.95
5964 - 5965	R.GYSLGNWVCAAK.F	1603.0	3	4.49	0.65	1226.3	1 22/22	4.49	5.19	1.15
5972 - 5973	R.GYSLGNWVCAAK.F	1603.0	3	2.68	0.24	789.8	1 22/44	2.6	2.40	0.92
5979 - 5980	R.WWCNDGR.T	1126.6	2	2.01	0.22	633.6	1 12/12	2.07	2.07	1.00
6032 - 6033	R.NLCNIPCSALLSSDITASVNCAK.K	2763.7	3	6.03	0.47	1778.7	1 35/88	5.71	5.92	1.04
6047 - 6048	K.GTDVQAWIR.G	1189.7	3	2.92	0.39	1179.5	1 16/16	3.17	2.99	0.94
6084 - 6085	R.CELAAAMK.R	1170.8	3	3.15	0.30	1968.3	1 14/14	3.22	2.97	0.92
6152 - 6153	K.GTDVQAWIR.G	1189.7	3	2.40	0.22	733.5	3 15/16	2.64	2.25	0.85
6217 - 6218	R.GYSLGNWVCAAK.F	1603.0	3	4.09	0.67	762.7	1 22/22	3.89	4.37	1.12
6224 - 6225	R.NLCNIPCSALLSSDITASVNCAK.K	2763.7	3	5.45	0.55	988.5	1 34/88	5.14	5.11	0.99
6314 - 6315	R.NLCNIPCSALLSSDITASVNCAK.K	2763.7	3	3.63	0.49	342.1	1 26/88	3.43	3.62	1.05
6367 - 6368	K.GTDVQAWIR.G	1189.7	2	3.69	0.35	1089.2	1 16/16	3.61	3.55	0.98
6374 - 6375	R.NTDGSTDYGILQINSR.W	1898.0	3	3.16	0.16	474.7	1 23/60	3.06	2.97	0.97
6377 - 6378	R.GYSLGNWVCAAK.F	1603.0	3	2.82	0.23	1331.6	1 25/44	2.77	2.78	1.00
6399 - 6400	R.CELAAAMK.R	1170.8	2	3.33	0.29	2089.9	1 14/14	3.37	3.35	0.99
6439 - 6440	K.FESNFNTQATNR.N	1572.8	2	4.92	0.52	1985.6	1 22/22	4.6	4.53	0.98
6452 - 6453	K.GTDVQAWIR.G	1189.7	2	2.78	0.39	1130.9	1 16/16	3.23	3.19	0.99
6454 - 6455	R.WWCNDGR.T	1126.6	2	2.18	0.32	758.8	1 12/12	2.16	2.11	0.97
6459 - 6460	R.GYSLGNWVCAAK.F	1603.0	3	2.86	0.20	1161.0	1 23/44	2.88	2.65	0.92
6469 - 6470	R.CELAAAMK.R	1170.8	3	3.39	0.33	2023.4	1 14/14	3.39	2.74	0.81
6509 - 6510	K.FESNFNTQATNR.N	1572.8	3	4.90	0.48	2042.7	1 22/22	4.94	4.92	0.99
6522 - 6523	R.WWCNDGR.T	1126.6	3	2.64	0.35	774.4	1 12/12	2.6	2.31	0.89
6527 - 6528	K.GTDVQAWIR.G	1189.7	3	4.02	0.35	1086.2	1 16/16	4.07	3.97	0.97
6539 - 6540	R.CELAAAMK.R	1170.8	3	3.50	0.34	2083.5	1 14/14	3.43	3.43	1.00
6574 - 6575	K.FESNFNTQATNR.N	1572.8	3	4.99	0.52	2289.9	1 22/22	4.9	4.99	1.02
6642 - 6643	K.FESNFNTQATNR.N	1572.8	3	5.25	0.50	2435.4	1 21/22	5	4.98	1.00
6672 - 6673	K.FESNFNTQATNR.N	1572.8	3	3.32	0.37	844.3	1 22/44	3.14	3.20	1.02