

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
1	Protein IDs	Majority protein IDs	Peptide counts (all)	Peptide counts (razor+unique)	Peptide counts (unique)	Protein names	Gene names	Fasta headers	Number of proteins	Peptides	Razor + unique peptides	Unique peptides	Peptides WT Pooled LPS IgG	Peptides WT Pooled LPS_ATP IgG	Peptides WT1 LPS NLRP3 IP	Peptides WT1 LPS-ATP NLRP3 IP
2	A0A140T8P9; A0A075B5K0; P01638;P01637	A0A140T8P9;A0 A075B5K0;P0163 8;P01637	1;1;1;1	1;1;1;1	1;1;1;1	Ig kappa chain V-V region L6;Ig kappa chain V- V region T1	Igkv14-126	tr A0A140T8P9 A0A140T8P9_ MOUSE Immunoglobulin kappa variable 14-111 (Fragment) OS=Mus musculus OX=10090 GN=Igkv14-111 PE=4 SV=2;tr A0A075B5K0 A0A075 B5K0_MOUSE Immunoglobulin kappa variable 14-126 (Fragment) OS=Mus musculus OX=10090 GN=Igkv14-126 PE=4 SV=7;	4	1	1	1	0	0	1	1
3	A0A075B5N4; A0A140T8P7; A0A0G2JF28;A 0A140T8P5;A 0A140T8M3;A 0A075B5N3;A 0A0G2JE47	A0A075B5N4;A0 A140T8P7;A0A0 G2JF28;A0A140T 8P5;A0A140T8M 3;A0A075B5N3; A0A0G2JE47	2;2;2;2;2;1; 1	2;2;2;2;2;1; 1	2;2;2;2;2;1; 1	Igkv8- 27;lgkv8-28	Igkv8- 27;lgkv8-28	tr A0A075B5N4 A0A075B5N4_ MOUSE Immunoglobulin kappa chain variable 8-27 OS=Mus musculus OX=10090 GN=lgkv8-27 PE=4 SV=1;tr A0A140T8P7 A0A140T 8P7_MOUSE Immunoglobulin kappa variable 8-21 (Fragment) OS=Mus musculus OX=10090 GN=lgkv8-21 PE=1 SV=2;tr A0A0G2JF28	7	2	2	2	2	2	0	0
4	A0A075B5N5	A0A075B5N5	1	1	1		Igkv8-26	tr A0A075B5N5 A0A075B5N5_ MOUSE Immunoglobulin kappa variable 8-26 (Fragment) OS=Mus musculus OX=10090 GN=lgkv8-26 PE=4 SV=7	1	1	1	1	1	0	0	0
5	A0A075B5P4; A0A0A6YWR2	A0A075B5P4;A0 A0A6YWR2	9;9	1;1	1;1		Ighg1	tr A0A075B5P4 A0A075B5P4_ MOUSE Ig gamma-1 chain C region secreted form (Fragment) OS=Mus musculus OX=10090 GN=Ighg1 PE=1 SV=1;tr A0A0A6YWR2 A0A0A 6YWR2_MOUSE Ig gamma-1 chain C region secreted form (Fragment) OS=Mus musculus OX=10090 GN=Ighg1 PE=1 SV=1	2	9	1	1	8	9	0	1

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
6	A0A087WNW 2;E9Q171;A0A 087WR56;E9P W06;A0A087 WPX3;Q810U	A0A087WNW2;E 9Q171;A0A087 WR56;E9PW06; A0A087WPX3;Q 810U3	1;1;1;1;1;1	1;1;1;1;1;1	1;1;1;1;1;1	Neurofascin	Nfasc	tr A0A087WNW2 A0A087WN W2_MOUSE Neurofascin OS=Mus musculus OX=10090 GN=Nfasc PE=1 SV=1;tr E9Q171 E9Q171_MO USE Neurofascin OS=Mus musculus OX=10090 GN=Nfasc PE=1 SV=1;tr A0A087WR56 A0A087 WR56_MOUSE Neurofascin (Fragment) OS=Mus musculus OX=10090 GN=Nfasc PE	6	1	1	1	0	0	1	0
7	J3QPQ6;A0A0 87WPA0	J3QPQ6;A0A087 WPA0	1;1	1;1	1;1		Lbhd1	tr J3QPQ6 J3QPQ6_MOUSE Predicted gene, 49403 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Gm49403 PE=4 SV=1;tr A0A087WPA0 A0A087 WPA0_MOUSE LBH domain- containing 1 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Lbhd1 PE=4 SV=1	2	1	1	1	0	0	0	1
8	S4R257;S4R1 W1;A0A0A0M QF6;P16858;A 0A1D5RLD8;A 0A0R4J0X7;S4 R2G5;Q64467; S4R1W8	S4R257;S4R1W1; A0A0A0MQF6;P 16858;A0A1D5R LD8;A0A0R4J0X7 ;S4R2G5;Q64467	4;4;4;4;3;2; 2;2;1	4;4;4;4;3;2; 2;2;1	4;4;4;4;3;2; 2;2;1	Glyceraldehyde- 3-phosphate dehydrogenase ;Glyceraldehyd e-3-phosphate dehydrogenase , testis-specific	Gapdh;Gm38 39;Gapdhs	tr S4R257 S4R257_MOUSE Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (Fragment) OS=Mus musculus OX=10090 GN=Gapdh PE=1 SV=1;tr S4R1W1 S4R1W1_MO USE Glyceraldehyde-3- phosphate dehydrogenase OS=Mus musculus OX=10090 GN=Gm3839 PE=1 SV=1;tr A0A0A0MQF6 A0A0A 0MQF6_MOU	9	4	4	4	0	1	2	2
9	A0A0A6YVN9; P29387	A0A0A6YVN9;P2 9387	1;1	1;1	1;1	Guanine nucleotide- binding protein subunit beta-4	Gnb4	tr A0A0A6YVN9 A0A0A6YVN9 _MOUSE Guanine nucleotide- binding protein subunit beta-4 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Gnb4 PE=1 SV=1;sp P29387 GBB4_MOUS E Guanine nucleotide-binding protein subunit beta-4 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Gnb4 PE=1 SV=4	2	1	1	1	1	0	0	0

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
13	A0A0A6YY53; F6TQW2;P01864; A0A075B5P3; A0A0A6YVPO; P01863;P01865	A0A0A6YY53;F6TQW2;P01864	8;8;5;1;1;1;1	8;8;5;1;1;1;1	8;8;5;1;1;1;1	lg gamma-2A chain C region secreted form	Ighg2c	tr A0A0A6YY53 A0A0A6YY53_MOUSE Immunoglobulin heavy constant gamma 2C (Fragment) OS=Mus musculus OX=10090 GN=Ighg2c PE=1 SV=1;tr F6TQW2 F6TQW2_MOUSE Immunoglobulin heavy constant gamma 2C (Fragment) OS=Mus musculus OX=10090 GN=Ighg2c PE=1 SV=2;sp P01864 GC	7	8	8	8	0	1	8	7
14	A0A0G2JDF1; A0A0G2JDN3	A0A0G2JDF1;A0A0G2JDN3	1;1	1;1	1;1			tr A0A0G2JDF1 A0A0G2JDF1_MOUSE Serrate RNA effector molecule homolog (Fragment) OS=Mus musculus OX=10090 GN=Srrt PE=1 SV=1;tr A0A0G2JDN3 A0A0G2JDN3_MOUSE Serrate RNA effector molecule homolog OS=Mus musculus OX=10090 GN=Srrt PE=1 SV=1	2	1	1	1	0	0	1	0
15	A0A1W2P777; A0A0G2JDL9; Q99JI6;P6283	A0A1W2P777;A0A0G2JDL9;Q99JI6;P6283	1;1;1;1	1;1;1;1	1;1;1;1	Ras-related protein Rap-1b;Ras-related protein Rap-1A	Rap1b;Rap1a	tr A0A1W2P777 A0A1W2P777_MOUSE Ras-related protein Rap-1b (Fragment) OS=Mus musculus OX=10090 GN=Rap1b PE=1 SV=1;tr A0A0G2JDL9 A0A0G2JDL9_MOUSE MCG10748, isoform CRA_b OS=Mus musculus OX=10090 GN=Rap1a PE=1 SV=1;sp Q99JI6 RAP1B_MOUSE E Ras-related protein Ra	4	1	1	1	0	0	1	0

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
16	A0A0G2JE63; A0A0G2JEY3; A0A0G2JGY6; Q7TT00	A0A0G2JE63;A0 A0G2JEY3;A0A0 G2JGY6;Q7TT00	1;1;1;1	1;1;1;1	1;1;1;1	Transcription factor SPT20 homolog	Supt20h	tr A0A0G2JE63 A0A0G2JE63_ MOUSE Suppressor of Ty 20 (Fragment) OS=Mus musculus OX=10090 GN=Supt20 PE=1 SV=1;tr A0A0G2JEY3 A0A0G2J EY3_MOUSE Suppressor of Ty 20 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Supt20 PE=1 SV=1;tr A0A0G2JGY6 A0A0G2J GY6_MOUSE Suppressor of Ty 20 OS	4	1	1	1	0	0	1	0
17	A0A0G2JEK1; Q8CBQ5	A0A0G2JEK1;Q8 CBQ5	1;1	1;1	1;1	Phosphatidylin ositol 4-kinase type 2-beta	Pi4k2b	tr A0A0G2JEK1 A0A0G2JEK1_ MOUSE Phosphatidylinositol 4- kinase type 2-beta OS=Mus musculus OX=10090 GN=Pi4k2b PE=1 SV=1;sp Q8CBQ5 P4K2B_MO USE Phosphatidylinositol 4- kinase type 2-beta OS=Mus musculus OX=10090 GN=Pi4k2b PE=1 SV=1	2	1	1	1	0	0	0	1
18	F7A4H5;A0A0 G2JEM5	F7A4H5;A0A0G2 JEM5	1;1	1;1	1;1		D3Ert254e	tr F7A4H5 F7A4H5_MOUSE DNA segment, Chr 3, ERATO Doi 254,-expressed OS=Mus musculus OX=10090 GN=D3Ert254e PE=4 SV=1;tr A0A0G2JEM5 A0A0G2 JEM5_MOUSE DNA segment, Chr 3, ERATO Doi 254,- expressed OS=Mus musculus OX=10090 GN=D3Ert254e PE=4 SV=1	2	1	1	1	1	0	1	0
19	A0A0G2JEU1; P47738;A0A0 G2JFQ0;A0A0 G2JF60	A0A0G2JEU1;P4 7738;A0A0G2JF Q0	4;4;2;1	4;4;2;1	4;4;2;1	Aldehyde dehydrogenase , mitochondrial	Aldh2	tr A0A0G2JEU1 A0A0G2JEU1_ MOUSE Aldehyde dehydrogenase, mitochondrial OS=Mus musculus OX=10090 GN=Aldh2 PE=1 SV=1;sp P47738 ALDH2_MO USE Aldehyde dehydrogenase, mitochondrial OS=Mus musculus OX=10090 GN=Aldh2 PE=1 SV=1;tr A0A0G2JFQ0 A0A0G2J FQ0_MOUSE Aldehyde	4	4	4	4	0	0	4	1

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
20	A0A0G2JF30; G3UW75;Q8B UL5	A0A0G2JF30;G3 UW75;Q8BUL5	1;1;1	1;1;1	1;1;1	Kelch-like protein 7	Klhl7	tr A0A0G2JF30 A0A0G2JF30_ MOUSE Kelch-like 7 (Drosophila), isoform CRA_c OS=Mus musculus OX=10090 GN=Klhl7 PE=1 SV=1;tr G3UW75 G3UW75_M OUSE Kelch-like 7 (Drosophila), isoform CRA_a OS=Mus musculus OX=10090 GN=Klhl7 PE=1 SV=1;sp Q8BUL5 KLHL7_MOU SE Kelch-like	3	1	1	1	1	0	0	0
21	A0A0G2JGC1; A0A0G2JFF1;P 63087;P62141 7;P62137	A0A0G2JGC1;A0 A0G2JFF1;P6308 7;P62141;P6213 7	1;1;1;1;1	1;1;1;1;1	1;1;1;1;1	Serine/threoni ne-protein phosphatase PP1-gamma catalytic subunit;Serine/ threonine- protein phosphatase PP1-beta catalytic subunit;Serine/ threonine-	Ppp1cc;Ppp1 cb;Ppp1ca	tr A0A0G2JGC1 A0A0G2JGC1_ MOUSE Serine/threonine- protein phosphatase OS=Mus musculus OX=10090 GN=Ppp1cc PE=1 SV=1;tr A0A0G2JFF1 A0A0G2J FF1_MOUSE Serine/threonine- protein phosphatase (Fragment) OS=Mus musculus OX=10090 GN=Ppp1cc PE=1 SV=1;sp P63087 PP1G_MOUS	5	1	1	1	0	0	1	0
22	A0A0N4SV29; Q80V62	A0A0N4SV29;Q8 0V62	1;1	1;1	1;1	Fanconi anemia group D2 protein homolog	Fancd2	tr A0A0N4SV29 A0A0N4SV29_ MOUSE Fanconi anemia group D2 protein homolog OS=Mus musculus OX=10090 GN=Fancd2 PE=1 SV=1;sp Q80V62 FACD2_MOU SE Fanconi anemia group D2 protein homolog OS=Mus musculus OX=10090 GN=Fancd2 PE=1 SV=2	2	1	1	1	0	0	0	0
23	A0A0N4SV66; Q8CGP4;COHK E9;COHKE8;CO HKE7;COHKE6; COHKE5;COHK E4;COHKE3;CO HKE2;COHKE1; Q8CGP6;Q8R1 M2;Q64523;Q 8CGP7;Q8CGP 5;Q8BFU2;Q6 L7;Q3UA95;Q3 T7;G3UW75;Q8B UL5	A0A0N4SV66;Q8 CGP4;COHKE9;CO HKE8;COHKE7;CO HKE6;COHKE5;CO HKE4;COHKE3;CO HKE2;COHKE1;Q 8CGP6;Q8R1M2; Q64523;Q8CGP7 M2;Q64523;Q 8CGP5;Q8BFU 2;Q6GSS7;G3UW 75;Q8BFU2;Q6 L7;Q3UA95;Q3 T7;G3UW75;Q8B UL5	2;2;2;2;2;2; 2;2;2;2;2;2; 2;2;2;2;2;2; 2;2;2;2;2;2; 2;2;2;2;2;2; 2;2;2;2;2;2; 1;1;1;1;1;1	2;2;2;2;2;2; 2;2;2;2;2;2; 2;2;2;2;2;2; 2;2;2;2;2;2; 2;2;2;2;2;2; 2;2;2;2;2;2; 1;1;1;1;1;1	2;2;2;2;2;2; 2;2;2;2;2;2; 2;2;2;2;2;2; 2;2;2;2;2;2; 2;2;2;2;2;2; 2;2;2;2;2;2; 1;1;1;1;1;1	Histone H2A;Histone H2A type 1- H;Histone H2A.J;Histone H2A type 2- C;Histone H2A type 1- K;Histone H2A type 1- F;Histone H2A type 3;Histone	Hist1h2aa;Hi st1h2ah;H2af j;Hist2h2ac;H ist1h2ak;Hist 1h2af;Hist3h 2a;Hist2h2aa 1;H2afz;H2af v;Hist2h2ab; H2afx	tr A0A0N4SV66 A0A0N4SV66_ MOUSE Histone H2A OS=Mus musculus OX=10090 GN=H2afj PE=1 SV=1;tr Q8CGP4 Q8CGP4_MO USE Histone H2A OS=Mus musculus OX=10090 GN=Hist1h2aa PE=1 SV=1;sp COHKE9 H2A1P_MOU SE Histone H2A type 1-P OS=Mus musculus OX=10090 GN=Hist1h2ap PE=1	24	2	2	2	2	2	2	
24	A0A0N4SV90	A0A0N4SV90	1	1	1			tr A0A0N4SV90 A0A0N4SV90_ MOUSE Pre-mRNA-splicing factor ISY1 homolog (Fragment) OS=Mus musculus OX=10090 GN=Isy1 PE=4 SV=1	1	1	1	1	0	1	0	0

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
25	A0A0R4J0M9; Q8CDG3	A0A0R4J0M9;Q8 CDG3	1;1	1;1	1;1	Deubiquitinatin g protein VCIP135	Vcpi1	tr A0A0R4J0M9 A0A0R4J0M9 _MOUSE Deubiquitinating protein VCIP135 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Vcpi1 PE=1 SV=1;sp Q8CDG3 VCIP1_MOU SE Deubiquitinating protein VCIP135 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Vcpi1 PE=1 SV=1	2	1	1	1	0	0	0	1
26	A0A0R4J1B6; Q6PAL8	A0A0R4J1B6;Q6 PAL8	1;1	1;1	1;1	DENN domain- containing protein 5A	Dennd5a	tr A0A0R4J1B6 A0A0R4J1B6_ MOUSE DENN domain- containing protein 5A OS=Mus musculus OX=10090 GN=Dennd5a PE=1 SV=1;sp Q6PAL8 DEN5A_MO USE DENN domain-containing protein 5A OS=Mus musculus OX=10090 GN=Dennd5a PE=1 SV=1	2	1	1	1	0	1	0	1
27	D3Z774;Q6AX H7;A0A0R4J1 C0;Q61188;P7 0351	D3Z774;Q6AXH7 ;A0A0R4J1C0;Q6 1188;P70351	1;1;1;1;1	1;1;1;1;1	1;1;1;1;1	Histone-lysine N- methyltransfer ase EZH2;Histone- lysine N- methyltransfer ase EZH1	Ezh2;Ezh1	tr D3Z774 D3Z774_MOUSE Histone-lysine N- methyltransferase EZH2 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Ezh2 PE=1 SV=1;tr Q6AXH7 Q6AXH7_MO USE Ezh2 protein OS=Mus musculus OX=10090 GN=Ezh2 PE=1 SV=1;tr A0A0R4J1C0 A0A0R4J 1C0_MOUSE Histone-lysine N- methyltransferase EZH1	5	1	1	1	0	0	0	0
28	A0A0R4J1C8;P 31996	A0A0R4J1C8;P31 996	1;1	1;1	1;1	Macrosialin	Cd68	tr A0A0R4J1C8 A0A0R4J1C8_ MOUSE Macrosialin OS=Mus musculus OX=10090 GN=Cd68 PE=1 SV=1;sp P31996 CD68_MOUS E Macrosialin OS=Mus musculus OX=10090 GN=Cd68 PE=1 SV=1	2	1	1	1	1	1	0	1
29	D3Z7N2;D3YU Q9;D3YZT9;E9 QN08;A0A0R4 J1L2;Q91VK2; Q80T06;F6ZF U0;A0A0R4J1 E2;P57776	D3Z7N2;D3YUQ9 ;D3YZT9;E9QN08 ;A0A0R4J1L2;Q9 1VK2;Q80T06;F6 ZFU0;A0A0R4J1E 2;P57776	1;1;1;1;1;1; 1;1;1;1	1;1;1;1;1;1; 1;1;1;1	1;1;1;1;1;1; 1;1;1;1	Elongation factor 1-delta	Eef1d	tr D3Z7N2 D3Z7N2_MOUSE Elongation factor 1-delta (Fragment) OS=Mus musculus OX=10090 GN=Eef1d PE=1 SV=1;tr D3YUQ9 D3YUQ9_MO USE Elongation factor 1-delta (Fragment) OS=Mus musculus OX=10090 GN=Eef1d PE=1 SV=8;tr D3YZT9 D3YZT9_MOU SE Elongation factor 1-delta	10	1	1	1	0	0	0	0

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
30	A0A0U1RNR6; Q6NV66	A0A0U1RNR6;Q 6NV66	1;1	1;1	1;1		Zfp646	tr A0A0U1RNR6 A0A0U1RNR6 _MOUSE Zinc finger protein 646 (Fragment) OS=Mus musculus OX=10090 GN=Zfp646 PE=1 SV=1;tr Q6NV66 Q6NV66_MO USE Zinc finger protein 646 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Zfp646 PE=1 SV=1	2	1	1	1	0	1	0	0
31	J3QPY0;A0A0 U1RNT4;Q8W URO	J3QPY0;A0A0U1 RNT4;Q8WURO	1;1;1	1;1;1	1;1;1	Protein C19orf12 homolog	1600014C10 Rik	tr J3QPY0 J3QPY0_MOUSE RIKEN cDNA 1600014C10 gene OS=Mus musculus OX=10090 GN=1600014C10Rik PE=1 SV=1;tr A0A0U1RNT4 A0A0U1 RNT4_MOUSE RIKEN cDNA 1600014C10 gene OS=Mus musculus OX=10090 GN=1600014C10Rik PE=1 SV=1;sp Q8WURO CS012_MO USE Protein C19orf12 homol	3	1	1	1	0	1	0	0
32	A0A0U1RP68; D6RIL6;P5407 1	A0A0U1RP68;D6 RIL6;P54071	1;1;1	1;1;1	1;1;1	Isocitrate dehydrogenase [NADP], mitochondrial	Idh2	tr A0A0U1RP68 A0A0U1RP68 _MOUSE Isocitrate dehydrogenase [NADP], mitochondrial (Fragment) OS=Mus musculus OX=10090 GN=ldh2 PE=1 SV=1;tr D6RIL6 D6RIL6_MOUS E Isocitrate dehydrogenase [NADP], mitochondrial OS=Mus musculus OX=10090 GN=ldh2 PE=1 SV=1;sp P54071 I	3	1	1	1	0	1	0	1
33	A0A140LIJ3;A 0A140LJE2;A0 A140LIA1;A0A 140LHT5;Q8B WCO	A0A140LIJ3;A0A 140LJE2;A0A140 LIA1;A0A140LHT 5;Q8BWCO	1;1;1;1;1	1;1;1;1;1	1;1;1;1;1	Two pore calcium channel protein 2	Tpcn2	tr A0A140LIJ3 A0A140LIJ3_M OUSE Two pore calcium channel protein 2 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Tpcn2 PE=1 SV=1;tr A0A140LJE2 A0A140LJ E2_MOUSE Two pore calcium channel protein 2 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Tpcn2 PE=1 SV=1;tr A0A140LIA1 A0A140LI A1_MOUSE Two p	5	1	1	1	0	1	0	0

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
34	A0A140LIW0; A0A286YDU8	A0A140LIW0;A0 A286YDU8	1;1	1;1	1;1			tr A0A140LIW0 A0A140LIW0_ MOUSE Coiled-coil and C2 domain-containing 2B OS=Mus musculus OX=10090 GN=Cc2d2b PE=1 SV=1;tr A0A286YDU8 A0A286YDU8_MOUSE Coiled-coil and C2 domain-containing 2B OS=Mus musculus OX=10090 GN=Cc2d2b PE=1 SV=1	2	1	1	1	1	1	0	0
35	A0A140LJD4	A0A140LJD4	1	1	1			tr A0A140LJD4 A0A140LJD4_ MOUSE Epithelial cell-transforming sequence 2 oncogene-like OS=Mus musculus OX=10090 GN=Ect2l PE=1 SV=1	1	1	1	1	1	0	0	0
36	A0A140LJF0;Q 3UPT4;P7021 8	A0A140LJF0;Q3U PT4;P70218	1;1;1	1;1;1	1;1;1	Mitogen- activated protein kinase kinase kinase kinase;Mitogen- activated protein kinase kinase kinase kinase 1	Map4k1	tr A0A140LJF0 A0A140LJF0_ MOUSE Mitogen activated protein kinase kinase kinase 1, isoform CRA_a OS=Mus musculus OX=10090 GN=Map4k1 PE=1 SV=1;tr Q3UPT4 Q3UPT4_ MOUSE Mitogen-activated protein kinase kinase kinase kinase OS=Mus musculus OX=10090 GN=Map4	3	1	1	1	1	0	0	0
37	A0A140T8S5; Q8K327	A0A140T8S5;Q8 K327	1;1	1;1	1;1	Chromosome alignment- maintaining phosphoprotei n 1	Champ1	tr A0A140T8S5 A0A140T8S5_ MOUSE Chromosome alignment-maintaining phosphoprotein 1 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Champ1 PE=1 SV=2;sp Q8K327 CHAP1_MOUSE Chromosome alignment-maintaining phosphoprotein 1 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Champ1 PE=1 SV=1	2	1	1	1	0	0	0	1
38	A0A1B0GT41; A0A1B0GQX5; D3YZQ9;A0A1 B0GSR9;Q564 E2;A0A1B0GS X0;P06151;A0 A1B0GRC1;A0 A1B0GRS2;A0 A1B0GRW9;A 0A1B0GSL7;A 0A1B0GS79	A0A1B0GT41;A0 A1B0GQX5;D3YZ Q9;A0A1B0GSR9 ;Q564E2;A0A1B0 GSX0;P06151;A0 A1B0GRC1;A0A1 B0GRS2;A0A1B0 GRW9;A0A1B0G SL7;A0A1B0GS79	2;2;2;2;2;2; 2;1;1;1;1;1	2;2;2;2;2;2; 2;1;1;1;1;1	2;2;2;2;2;2; 2;1;1;1;1;1	L-lactate dehydrogenase ;L-lactate dehydrogenase A chain	Ldha	tr A0A1B0GT41 A0A1B0GT41_ MOUSE L-lactate dehydrogenase A chain (Fragment) OS=Mus musculus OX=10090 GN=Ldha PE=1 SV=1;tr A0A1B0GQX5 A0A1B0GQX5_MOUSE L-lactate dehydrogenase OS=Mus musculus OX=10090 GN=Ldha PE=1 SV=1;tr D3YZQ9 D3YZQ9_ MOUSE L-lactate dehydrog	12	2	2	2	0	1	2	1

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
39	A0A1B0GRY7; A0A1B0GRG4; A0A1B0GSG5; Q91VI7	A0A1B0GRY7;A0 A1B0GRG4;A0A1 B0GSG5;Q91VI7	1;1;1;1	1;1;1;1	1;1;1;1	Ribonuclease inhibitor	Rnh1	tr A0A1B0GRY7 A0A1B0GRY7 _MOUSE Ribonuclease inhibitor (Fragment) OS=Mus musculus OX=10090 GN=Rnh1 PE=1 SV=1;tr A0A1B0GRG4 A0A1B0 GRG4_MOUSE Ribonuclease inhibitor (Fragment) OS=Mus musculus OX=10090 GN=Rnh1 PE=1 SV=1;tr A0A1B0GSG5 A0A1B0 GSG5_MOUSE Ribonucle	4	1	1	1	0	0	0	0
40	D3YY11;E9PZA 7;E9QLK7;E9P WT1;A0A1D5 RLL4	D3YY11;E9PZA7; E9QLK7;E9PWT1 ;A0A1D5RLL4	1;1;1;1;1	1;1;1;1;1	1;1;1;1;1		Trrap	tr D3YY11 D3YY11_MOUSE Transformation/transcription domain-associated protein (Fragment) OS=Mus musculus OX=10090 GN=Trrap PE=1 SV=8;tr E9PZA7 E9PZA7_MOU SE Transformation/transcription domain-associated protein OS=Mus musculus OX=10090 GN=Trrap PE=1 SV=1;t	5	1	1	1	0	1	0	0
41	A0A1L1SQ42; D3YWRO;A0A 1D5RLT6;Q80 TI0	A0A1L1SQ42;D3 YWRO;A0A1D5RL T6;Q80TI0	1;1;1;1	1;1;1;1	1;1;1;1	GRAM domain- containing protein 1B	Gramd1b	tr A0A1L1SQ42 A0A1L1SQ42_ MOUSE Protein Aster-B OS=Mus musculus OX=10090 GN=Gramd1b PE=1 SV=1;tr D3YWRO D3YWRO_M OUSE Protein Aster-B OS=Mus musculus OX=10090 GN=Gramd1b PE=1 SV=2;tr A0A1D5RLT6 A0A1D5 RLT6_MOUSE Protein Aster-B OS=Mus musculus OX=10090 GN=Gra	4	1	1	1	0	1	0	0
42	A0A1D5RMD1	A0A1D5RMD1	1	1	1			tr A0A1D5RMD1 A0A1D5RMD 1_MOUSE IQ motif-containing N OS=Mus musculus OX=10090 GN=lqcn PE=4 SV=1	1	1	1	1	0	0	1	0
43	E7FLY0;A0A1D 5RMD4;B1AV Y7	E7FLY0;A0A1D5R MD4;B1AVY7	1;1;1	1;1;1	1;1;1	Kinesin-like protein;Kinesin- like protein	Kif16b	tr E7FLY0 E7FLY0_MOUSE Kinesin superfamily protein 16B OS=Mus musculus OX=10090 GN=Kif16b PE=1 SV=1;tr A0A1D5RMD4 A0A1D 5RMD4_MOUSE Kinesin-like protein KIF16B OS=Mus musculus OX=10090 GN=Kif16b PE=1 SV=1;sp B1AVY7 KI16B_MOUS E Kinesin-like protein KIF16B OS	3	1	1	1	0	1	0	1

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
44	A0A1D5RMI8; Q8K4E0	A0A1D5RMI8; Q8K4E0	1;1	1;1	1;1	Alstrom syndrome protein 1 homolog	Alms1	tr A0A1D5RMI8 A0A1D5RMI8_MOUSE Alstrom syndrome protein 1 homolog OS=Mus musculus OX=10090 GN=Alms1 PE=1 SV=1;sp Q8K4E0 ALMS1_MOUSE Alstrom syndrome protein 1 homolog OS=Mus musculus OX=10090 GN=Alms1 PE=1 SV=2	2	1	1	1	0	0	1	0
45	A0A1L1SQS5	A0A1L1SQS5	1	1	1			tr A0A1L1SQS5 A0A1L1SQS5_MOUSE Protein FAM76B (Fragment) OS=Mus musculus OX=10090 GN=Fam76b PE=1 SV=1	1	1	1	1	1	0	0	0
46	D3Z685;A0A1L1SS23;D3Z6K8;P70392	D3Z685;A0A1L1S23;D3Z6K8;P70392	1;1;1;1	1;1;1;1	1;1;1;1	Ras-specific guanine nucleotide-releasing factor 2	Rasgrf2	tr D3Z685 D3Z685_MOUSE Ras-specific guanine nucleotide-releasing factor 2 (Fragment) OS=Mus musculus OX=10090 GN=Rasgrf2 PE=1 SV=1;tr A0A1L1SS23 A0A1L1S23_MOUSE Ras-specific guanine nucleotide-releasing factor 2 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Rasgrf2 PE=1 SV=1	4	1	1	1	0	0	1	0
47	A0A1L1STC6; Q6ZWR6	A0A1L1STC6; Q6ZWR6	1;1	1;1	1;1	Nesprin-1	Syne1	tr A0A1L1STC6 A0A1L1STC6_MOUSE Nesprin-1 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Syne1 PE=1 SV=1;sp Q6ZWR6 SYNE1_MOUSE Nesprin-1 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Syne1 PE=1 SV=2	2	1	1	1	0	0	0	1
48	A0A1L1STZ4;P29477	A0A1L1STZ4;P29477	1;1	1;1	1;1	Nitric oxide synthase, inducible	Nos2	tr A0A1L1STZ4 A0A1L1STZ4_MOUSE Nitric oxide synthase, inducible OS=Mus musculus OX=10090 GN=Nos2 PE=1 SV=1;sp P29477 NOS2_MOUSE Nitric oxide synthase, inducible OS=Mus musculus OX=10090 GN=Nos2 PE=1 SV=1	2	1	1	1	0	0	0	1
49	A0A1W2P6V6	A0A1W2P6V6	1	1	1			tr A0A1W2P6V6 A0A1W2P6V6_MOUSE Nuclear protein MDM1 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Mdm1 PE=1 SV=1	1	1	1	1	0	0	1	0

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
50	A0A1W2P6V7;Q924W5	A0A1W2P6V7;Q924W5	1;1	1;1	1;1	Structural maintenance of chromosomes protein 6	Smc6	tr A0A1W2P6V7 A0A1W2P6V7_MOUSE Structural maintenance of chromosomes protein 6 (Fragment) OS=Mus musculus OX=10090 GN=Smc6 PE=1 SV=1;sp Q924W5 SMC6_MOUSE Structural maintenance of chromosomes protein 6 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Smc6 PE=1 SV=1	2	1	1	1	0	0	0	1
51	A2AB60;A0A1W2P6X3;Q9JL26	A2AB60;A0A1W2P6X3;Q9JL26	1;1;1	1;1;1	1;1;1	Formin-like protein 1	Fmnl1	tr A2AB60 A2AB60_MOUSE Formin-like 1, isoform CRA_c OS=Mus musculus OX=10090 GN=Fmnl1 PE=1 SV=1;tr A0A1W2P6X3 A0A1W2P6X3_MOUSE Formin-like protein 1 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Fmnl1 PE=1 SV=1;sp Q9JL26 FMNL1_MOUSE Formin-like protein 1 OS=Mus musculus OX=	3	1	1	1	0	0	0	0
52	A0A286YDM3;H3BK96;H3BKDO;B2M1R6;P61979;Q8BT23;A0A286YDH1;A0A286YEC4;H3BK18;A0A286YCM2;H3BLP7;H3BLL4	A0A286YDM3;H3BK96;H3BKDO;B2M1R6;P61979;Q8BT23;A0A286YDH1;A0A286YEC4;H3BK18;A0A286YCM2;H3BLP7;H3BLL4	2;2;2;2;2;1;1;1;1;1;1;1	2;2;2;2;2;1;1;1;1;1;1;1	2;2;2;2;2;1;1;1;1;1;1;1	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein K	Hnrnpk	tr A0A286YDM3 A0A286YDM3_MOUSE Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein K (Fragment) OS=Mus musculus OX=10090 GN=Hnrnpk PE=1 SV=1;tr H3BK96 H3BK96_MOUSE Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein K (Fragment) OS=Mus musculus OX=10090 GN=Hnrnpk PE=1 SV=8;tr H3B	12	2	2	2	0	0	2	1
53	A0A2R8VHF9;E9QPE7;A0A338P6K2	A0A2R8VHF9;E9QPE7;A0A338P6K2	1;1;1	1;1;1	1;1;1		Myh11	tr A0A2R8VHF9 A0A2R8VHF9_MOUSE Myosin-11 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Myh11 PE=1 SV=1;tr E9QPE7 E9QPE7_MOUSE Myosin-11 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Myh11 PE=1 SV=2;tr A0A338P6K2 A0A338P6K2_MOUSE Myosin-11 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Myh11 PE=1 SV=1	3	1	1	1	0	0	0	0
54	A0A2R8VHQ0	A0A2R8VHQ0	1	1	1			tr A0A2R8VHQ0 A0A2R8VHQ0_MOUSE Tensin-2 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Tns2 PE=1 SV=1	1	1	1	1	1	0	0	0

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
55	A0A338P6A7; Q8C9K6;B7ZN N5;Q8BRB1;P 29319	A0A338P6A7;Q8 C9K6;B7ZNN5;Q 8BRB1;P29319	1;1;1;1;1	1;1;1;1;1	1;1;1;1;1	Receptor protein- tyrosine kinase;Ephrin type-A receptor 3	Epha3	tr A0A338P6A7 A0A338P6A7_ MOUSE Ephrin type-A receptor 3 (Fragment) OS=Mus musculus OX=10090 GN=Epha3 PE=1 SV=1;tr Q8C9K6 Q8C9K6_MO USE Eph receptor A3, isoform CRA_b OS=Mus musculus OX=10090 GN=Epha3 PE=1 SV=1;tr B7ZNN5 B7ZNN5_MO USE Epha3 protein OS=Mus mus	5	1	1	1	0	1	0	0
56	A0A338P7E3; A0A338P711; COHKG6;COHK G5	A0A338P7E3;A0 A338P711;COHK G6;COHKG5	1;1;1;1	1;1;1;1	1;1;1;1			tr A0A338P7E3 A0A338P7E3_ MOUSE Ribonuclease T2-B OS=Mus musculus OX=10090 GN=Rnaset2b PE=1 SV=1;tr A0A338P711 A0A338P 711_MOUSE Ribonuclease T2- B (Fragment) OS=Mus musculus OX=10090 GN=Rnaset2b PE=1 SV=1;sp COHKG6 RNT2B_MO USE Ribonuclease T2-B OS=Mus muscul	4	1	1	1	0	1	0	0
57	A0A338P733; A0A338P7D0; E0CYI5;Q6S9I0 ;Q6S9I2;Q6S9I 3	A0A338P733;A0 A338P7D0;E0CYI 5;Q6S9I0;Q6S9I2 ;Q6S9I3	1;1;1;1;1;1	1;1;1;1;1;1	1;1;1;1;1;1		Kng2	tr A0A338P733 A0A338P733_ MOUSE Kininogen 2 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Kng2 PE=1 SV=1;tr A0A338P7D0 A0A338 P7D0_MOUSE Kininogen 2 (Fragment) OS=Mus musculus OX=10090 GN=Kng2 PE=1 SV=1;tr E0CYI5 E0CYI5_MOUS E Kininogen 2 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Kng2 PE=1	6	1	1	1	0	0	1	0
58	A0A3B2WB08 ;A0A3B2WD8 6;A0A3B2W3S 2;D3Z7M3	A0A3B2WB08;A 0A3B2WD86;A0 A3B2W3S2;D3Z7 M3	1;1;1;1	1;1;1;1	1;1;1;1		Vmn2r73	tr A0A3B2WB08 A0A3B2WB0 8_MOUSE Vomeronasal 2, receptor 73 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Vmn2r73 PE=3 SV=1;tr A0A3B2WD86 A0A3B 2WD86_MOUSE Vomeronasal 2, receptor 73 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Vmn2r73 PE=3 SV=1;tr A0A3B2W3S2 A0A3B2 W3S2_MOUSE Vomeronasal 2, re	4	1	1	1	0	1	0	0

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
59	A0A3B2WBD2;Q64378	A0A3B2WBD2;Q64378	1;1	1;1	1;1	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase FKBP5;Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase FKBP5, N-terminally processed	Fkbp5	tr A0A3B2WBD2 A0A3B2WBD2_MOUSE Peptidylprolyl isomerase OS=Mus musculus OX=10090 GN=Fkbp5 PE=1 SV=1;sp Q64378 FKBP5_MOUSE Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase FKBP5 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Fkbp5 PE=1 SV=1	2	1	1	1	1	0	0	0
60	A1L314	A1L314	1	1	1	Macrophage-expressed gene 1 protein	Mpeg1	sp A1L314 MPEG1_MOUSE Macrophage-expressed gene 1 protein OS=Mus musculus OX=10090 GN=Mpeg1 PE=1 SV=1	1	1	1	1	1	0	0	0
61	E9Q7P0;A2A520;K3W4R0;Q69Z23	E9Q7P0;A2A520;K3W4R0;Q69Z23	1;1;1;1	1;1;1;1	1;1;1;1	Dynein heavy chain 17, axonemal	Dnah17	tr E9Q7P0 E9Q7P0_MOUSE Dynein heavy chain 17, axonemal OS=Mus musculus OX=10090 GN=Dnah17 PE=1 SV=1;tr A2A520 A2A520_MOUSE Dynein heavy chain 17, axonemal OS=Mus musculus OX=10090 GN=Dnah17 PE=1 SV=3;tr K3W4R0 K3W4R0_MOUSE Dynein heavy chain 17, axonemal O	4	1	1	1	0	0	0	0
62	A2A6Z8;Q8CDM4	A2A6Z8;Q8CDM4	1;1	1;1	1;1	Coiled-coil domain-containing protein 73	Ccdc73	tr A2A6Z8 A2A6Z8_MOUSE Coiled-coil domain containing 73 (Fragment) OS=Mus musculus OX=10090 GN=Ccdc73 PE=4 SV=1;sp Q8CDM4 CCD73_MOUSE Coiled-coil domain-containing protein 73 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Ccdc73 PE=2 SV=2	2	1	1	1	0	0	1	0
63	A2ACG7;Q9DBG6	A2ACG7;Q9DBG6	2;2	2;2	2;2	Dolichyl-diphosphooligosaccharide--protein glycosyltransferase subunit 2	Rpn2	tr A2ACG7 A2ACG7_MOUSE Dolichyl-diphosphooligosaccharide--protein glycosyltransferase subunit 2 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Rpn2 PE=1 SV=1;sp Q9DBG6 RPN2_MOUSE Dolichyl-diphosphooligosaccharide--protein glycosyltransferase subunit 2 OS=Mus musculus OX=1009	2	2	2	2	0	0	0	1

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
64	A2AFN3;E9Q160;E9Q098;E9Q886;Q6DIC6	A2AFN3;E9Q160;E9Q098;E9Q886;Q6DIC6	1;1;1;1;1	1;1;1;1;1	1;1;1;1;1		Tro	tr A2AFN3 A2AFN3_MOUSE Trophinin (Fragment) OS=Mus musculus OX=10090 GN=Tro PE=1 SV=8;tr E9Q160 E9Q160_MOUSE Trophinin OS=Mus musculus OX=10090 GN=Tro PE=1 SV=1;tr E9Q098 E9Q098_MOUSE Trophinin OS=Mus musculus OX=10090 GN=Tro PE=1 SV=1;tr E9Q886 E9Q886_MOUSE	5	1	1	1	1	0	0	0
65	A2AG83;Q9Z2X2	A2AG83;Q9Z2X2	1;1	1;1	1;1	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 10	Psm10	tr A2AG83 A2AG83_MOUSE 26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 10 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Psm10 PE=1 SV=1;sp Q9Z2X2 PSD10_MOUSE 26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 10 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Psm10 PE=1 SV=3	2	1	1	1	0	0	0	0
66	A2AGX3	A2AGX3	1	1	1	PR domain-containing protein 11	Prdm11	sp A2AGX3 PRD11_MOUSE PR domain-containing protein 11 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Prdm11 PE=1 SV=1	1	1	1	1	0	0	1	0
67	Q8CBM2;A2AL85;Q8BSY0	Q8CBM2;A2AL85;Q8BSY0	1;1;1	1;1;1	1;1;1	Aspartyl/asparaginyl beta-hydroxylase	Asph	tr Q8CBM2 Q8CBM2_MOUSE Aspartyl/asparaginyl beta-hydroxylase OS=Mus musculus OX=10090 GN=Asph PE=1 SV=1;tr A2AL85 A2AL85_MOUSE Aspartyl/asparaginyl beta-hydroxylase OS=Mus musculus OX=10090 GN=Asph PE=1 SV=1;sp Q8BSY0 ASPH_MOUSE Aspartyl/asparaginyl beta-hydroxylase OS=Mus musculus OX=10090 GN=Asph PE=1 SV=1	3	1	1	1	0	0	1	0
68	E9Q8N1;E9Q8K5;A2ASS6;A2AT70;F7CR78	E9Q8N1;E9Q8K5;A2ASS6;A2AT70;F7CR78	2;2;2;1;1	2;2;2;1;1	2;2;2;1;1	Titin	Ttn	tr E9Q8N1 E9Q8N1_MOUSE Titin OS=Mus musculus OX=10090 GN=Ttn PE=1 SV=1;tr E9Q8K5 E9Q8K5_MOUSE Titin OS=Mus musculus OX=10090 GN=Ttn PE=1 SV=1;sp A2ASS6 TITIN_MOUSE Titin OS=Mus musculus OX=10090 GN=Ttn PE=1 SV=1;tr A2AT70 A2AT70_MOUSE Titin (Fragment) OS=M	5	2	2	2	1	0	1	0

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
69	A2BDW0;P35991	A2BDW0;P35991	1;1	1;1	1;1	Tyrosine-protein kinase BTK	Btk	tr A2BDW0 A2BDW0_MOUSE Tyrosine-protein kinase OS=Mus musculus OX=10090 GN=Btk PE=1 SV=1;sp P35991 BTK_MOUSE Tyrosine-protein kinase BTK OS=Mus musculus OX=10090 GN=Btk PE=1 SV=4	2	1	1	1	0	0	0	1
70	A2CG35;P35283	A2CG35;P35283	1;1	1;1	1;1	Ras-related protein Rab-12	Rab12	tr A2CG35 A2CG35_MOUSE Ras-related protein Rab-12 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Rab12 PE=1 SV=1;sp P35283 RAB12_MOUSE SE Ras-related protein Rab-12 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Rab12 PE=1 SV=3	2	1	1	1	1	1	0	0
71	A6BLY7	A6BLY7	1	1	1	Keratin, type I cytoskeletal 28	Krt28	sp A6BLY7 K1C28_MOUSE Keratin, type I cytoskeletal 28 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Krt28 PE=1 SV=1	1	1	1	1	1	1	1	1
72	A6ZI44;P05064;D3Z510;A0A0U1RPN8;D3YWI1;A0A0U1RPT5;Q9CPQ9;A6ZI46;D3YV98;A6ZI47;P05063	A6ZI44;P05064;D3Z510;A0A0U1RPN8;D3YWI1;A0A0U1RPT5;Q9CPQ9;A6ZI46	5;5;4;4;4;3;3;3;2;2;1	5;5;4;4;4;3;3;3;2;2;1	5;5;4;4;4;3;3;3;2;2;1	Fructose-bisphosphate aldolase;Fructose-bisphosphate aldolase A	Aldoa;Aldoart1	tr A6ZI44 A6ZI44_MOUSE Fructose-bisphosphate aldolase OS=Mus musculus OX=10090 GN=Aldoa PE=1 SV=1;sp P05064 ALDOA_MOUSE SE Fructose-bisphosphate aldolase A OS=Mus musculus OX=10090 GN=Aldoa PE=1 SV=2;tr D3Z510 D3Z510_MOUSE SE Fructose-bisphosphate aldolase A (Fr	11	5	5	5	0	0	4	0
73	A8DIL0;Q9JL15	A8DIL0;Q9JL15	1;1	1;1	1;1	Galectin;Galectin-8	Lgals8	tr A8DIL0 A8DIL0_MOUSE Galectin OS=Mus musculus OX=10090 GN=Lgals8 PE=1 SV=1;sp Q9JL15 LEG8_MOUSE Galectin-8 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Lgals8 PE=1 SV=1	2	1	1	1	0	0	1	0
74	E9Q223;CON_P02070;A8DUK4;CON_Q35X09;P02104;P02089;P02088	E9Q223;CON_P02070;A8DUK4;CON_Q35X09;P02104;P02089;P02088	1;1;1;1;1;1;1	1;1;1;1;1;1;1	1;1;1;1;1;1;1	Hemoglobin subunit epsilon-Y2;Hemoglobin subunit beta-2;Hemoglobin subunit beta-1	Hbb-bs;Hbbt1;Hbb-y;Hbb-b2;Hbb-b1	tr E9Q223 E9Q223_MOUSE Hemoglobin, beta adult s chain (Fragment) OS=Mus musculus OX=10090 GN=Hbb-bs PE=1 SV=1;;tr A8DUK4 A8DUK4_MOUSE Beta-globin OS=Mus musculus OX=10090 GN=Hbb-bs PE=1 SV=1;;sp P02104 HBE_MOUSE Hemoglobin subunit epsilon-Y2 OS=Mus musculus	7	1	1	1	0	0	0	0

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
75	G5E8D1;A9JTY7;O70562;O70558;O70554;O7055	G5E8D1;A9JTY7;O70562;O70558;O70559	1	1	1	Small proline-rich protein 2K;Small proline-rich protein 2G;Small proline-rich protein 2D;Small proline-rich protein 2B;Small	Sprr2k;Sprr2b;Sprr2g;Sprr2d;Sprr2h	tr G5E8D1 G5E8D1_MOUSE Small proline-rich protein 2K OS=Mus musculus OX=10090 GN=Sprr2k PE=4 SV=1;tr A9JTY7 A9JTY7_MOUSE E MCG119409 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Sprr2b PE=2 SV=1;sp O70562 SPR2K_MOUSE SE Small proline-rich protein 2K OS=Mus musculus OX=10090 GN=	7	1	1	1	0	1	0	0
76	BOR081	BOR081	1	1	1		Tbc1d20	tr BOR081 BOR081_MOUSE TBC1 domain family member 20 (Fragment) OS=Mus musculus OX=10090 GN=Tbc1d20 PE=1 SV=1	1	1	1	1	1	0	0	0
77	BOR0C6	BOR0C6	1	1	1		Myt1	tr BOR0C6 BOR0C6_MOUSE Myelin transcription factor 1 (Fragment) OS=Mus musculus OX=10090 GN=Myt1 PE=1 SV=1	1	1	1	1	1	0	0	0
78	B1ARV3	B1ARV3	1	1	1		Lao1	tr B1ARV3 B1ARV3_MOUSE Amine oxidase OS=Mus musculus OX=10090 GN=Lao1 PE=3 SV=1	1	1	1	1	0	0	0	0
79	B1AZS9;O08807	B1AZS9;O08807	1;1	1;1	1;1	Peroxiredoxin-4	Prdx4	tr B1AZS9 B1AZS9_MOUSE Peroxiredoxin-4 (Fragment) OS=Mus musculus OX=10090 GN=Prdx4 PE=1 SV=1;sp O08807 PRDX4_MOUSE SE Peroxiredoxin-4 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Prdx4 PE=1 SV=1	2	1	1	1	0	0	1	0
80	G3UXK5;B2KG46;Q8BR07	G3UXK5;B2KG46;Q8BR07	1;1;1	1;1;1	1;1;1	Protein bicaudal D homolog 1	Bicd1	tr G3UXK5 G3UXK5_MOUSE Protein bicaudal D homolog 1 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Bicd1 PE=1 SV=1;tr B2KG46 B2KG46_MOUSE Protein bicaudal D homolog 1 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Bicd1 PE=1 SV=1;sp Q8BR07 BICD1_MOUSE SE Protein bicaudal D homolog 1 OS=Mus muscul	3	1	1	1	0	0	0	0
81	B2RXC1	B2RXC1	1	1	1	Trafficking protein particle complex subunit 11	Trappc11	sp B2RXC1 TPC11_MOUSE Trafficking protein particle complex subunit 11 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Trappc11 PE=1 SV=1	1	1	1	1	0	0	0	0

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
82	F6Z2C0;B7FAU9;Q8BTM8	F6Z2C0;B7FAU9;Q8BTM8	1;1;1	1;1;1	1;1;1	Filamin-A	Flna	tr F6Z2C0 F6Z2C0_MOUSE Filamin-A (Fragment) OS=Mus musculus OX=10090 GN=Flna PE=1 SV=8;tr B7FAU9 B7FAU9_MOUSE USE Filamin, alpha OS=Mus musculus OX=10090 GN=Flna PE=1 SV=1;sp Q8BTM8 FLNA_MOUSE SE Filamin-A OS=Mus musculus OX=10090 GN=Flna PE=1 SV=5	3	1	1	1	0	1	1	0
83	D6REF6;B7ZY0;Q91WK7	D6REF6;B7ZY0;Q91WK7	1;1;1	1;1;1	1;1;1	Ankyrin repeat domain-containing protein 54	Ankrd54	tr D6REF6 D6REF6_MOUSE Ankyrin repeat domain-containing protein 54 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Ankrd54 PE=1 SV=1;tr B7ZY0 B7ZY0_MOUSE SE Ankyrin repeat domain-containing protein 54 (Fragment) OS=Mus musculus OX=10090 GN=Ankrd54 PE=1 SV=8;sp Q91WK7 ANR54_MOUSE	3	1	1	1	0	0	1	0
84	B9EHC9	B9EHC9	1	1	1		Zc2hc1b	tr B9EHC9 B9EHC9_MOUSE Fam164b protein OS=Mus musculus OX=10090 GN=Zc2hc1b PE=2 SV=1	1	1	1	1	0	0	0	0
85	Q3TY91;B9EK G2;E9PUJ8	Q3TY91;B9EKG2;E9PUJ8	1;1;1	1;1;1	1;1;1		Mroh5	tr Q3TY91 Q3TY91_MOUSE Maestro heat-like repeat family member 5 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Mroh5 PE=2 SV=1;tr B9EKG2 B9EKG2_MOUSE USE Gm628 protein OS=Mus musculus OX=10090 GN=Mroh5 PE=2 SV=1;tr E9PUJ8 E9PUJ8_MOUSE SE Maestro heat-like repeat family member 5 OS=	3	1	1	1	1	0	0	0
86	CON__ENSEM BL:ENSBTAP0	CON__ENSEMBL :ENSBTAP00000	1	1	1				1	1	1	1	0	0	0	0
87	CON__ENSEM BL:ENSBTAP0	CON__ENSEMBL :ENSBTAP00000	1	1	1				1	1	1	1	0	0	0	1
88	CON__ENSEM BL:ENSBTAP0	CON__ENSEMBL :ENSBTAP00000	1	1	1				1	1	1	1	1	0	0	0
89	CON__ENSEM BL:ENSBTAP0000024466;CON__ENSEMBL:ENSBTAP0000024466;CON__ENSEMBL:ENSBTAP0000024462	CON__ENSEMBL :ENSBTAP00000 024466;CON__ENSEMBL:ENSBTAP0000024462	6;5	6;5	6;5			;	2	6	6	6	1	3	4	5
90	CON__ENSEM BL:ENSP0000377550;CON__P1364-	CON__ENSEMBL :ENSP0000377550;CON__P1364-	6;6;4;4	1;1;0;0	0;0;0;0	Keratin, type I cytoskeletal 13	Krt13	;;;sp P08730 K1C13_MOUSE Keratin, type I cytoskeletal 13 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Krt13 PE=1 SV=2	4	6	1	0	2	4	1	4

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
91	CON__O43790; CON__Q6NT21; CON__P78	CON__O43790; CON__Q6NT21; CON__P78385; CO	2;2;2;2	1;1;1;1	1;1;1;1			;;;	4	2	1	1	0	0	1	2
92	CON__P00711	CON__P00711	4	4	4				1	4	4	4	0	3	0	4
93	CON__P00761	CON__P00761	11	11	11				1	11	11	11	7	8	7	6
94	CON__P02533; CON__Q6IFX2; Q6IFX2; CON__Q61782	CON__P02533	18;7;7;4	17;7;7;4	4;1;1;1				4	18	17	4	3	15	2	4

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
95	CON__P02538 ;CON__P4866 8;CON__O956 78;Q6IFZ8	CON__P02538;C ON__P48668	18;17;7;1	12;11;3;1	2;1;0;0			;	4	18	12	2	7	14	8	11
96	Q5SX49;CON_ _P02584;P629 62	Q5SX49;CON__P 02584;P62962	1;1;1	1;1;1	1;1;1	Profilin;Profilin- 1	Pfn1	tr Q5SX49 Q5SX49_MOUSE Profilin OS=Mus musculus OX=10090 GN=Pfn1 PE=1 SV=1;;sp P62962 PROF1_MO USE Profilin-1 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Pfn1 PE=1 SV=2	3	1	1	1	0	0	1	0
97	CON__P02662	CON__P02662	6	6	6				1	6	6	6	3	4	3	5
98	CON__P02663	CON__P02663	6	6	6				1	6	6	6	1	6	2	3

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
99	CON__P02666	CON__P02666	1	1	1				1	1	1	1	1	1	1	1
100	CON__P02668	CON__P02668	6	6	6				1	6	6	6	0	4	2	4
101	CON__P02754	CON__P02754	9	9	9				1	9	9	9	3	8	2	8

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
102	CON_P02769 ;CON_P0276 8-1;P07724	CON_P02769	47;4;1	47;4;1	47;4;1				3	47	47	47	34	35	42	35
103	CON_P04259	CON_P04259	17	1	1				1	17	1	1	7	13	8	11

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
	CON__P04264 ;P04104;CON_ _Q6IFZ6;Q6IF Z6;CON__H- INV:HIT00001															
104	6045	CON__P04264	27;3;2;2;1	25;2;1;1;1	18;2;0;0;0				5	27	25	18	18	22	15	20
105	CON__P07477	CON__P07477	1	1	1				1	1	1	1	0	0	1	0
	CON__P08779 ;CON__Q9Z2K 1;CON__Q3ZA W8;Q9Z2K1;C ON__A2A4G1; B1AQ77;Q614 14;CON__P08 727;CON__P1 9001;CON__P															
106	35900;CON__	CON__P08779	17;5;5;5;4;4 ;4;2;2;2;2;2; 2;1;1	10;1;1;1;0;0 ;0;0;0;0;0;0; 0;0;0	10;1;1;1;0; 0;0;0;0;0;0; 0;0;0				15	17	10	10	7	14	2	3

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	
107	CON__P13645 ;A2A513;CON__P02535-1;P02535;CON__Q7Z3Y7;CON__Q7Z3Z0;CON__Q7Z3Y8;CON__Q148H6;CON__Q7Z3Y9;CON__Q2M2I5;Q8VCW2;Q9Z320	CON__P13645	28;7;7;7;3;2;2;2;1;1;1;1	28;7;7;7;3;2;2;2;1;1;1;1	25;4;4;4;2;1;1;1;0;0;0;0					12	28	28	25	20	24	21	23
108	CON__P13647;CON__Q8VE D5;Q8VED5	CON__P13647	18;3;3	9;0;0	5;0;0					3	18	9	5	8	13	8	8
109	CON__P19013	CON__P19013	2	1	1					1	2	1	1	1	1	1	2
110	CON__P34955	CON__P34955	1	1	1					1	1	1	1	0	0	1	0

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
111	CON__P35527	CON__P35527	23	23	23				1	23	23	23	17	20	14	15

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
112	CON_P35908 ;CON_Q6NX H9;Q6NXH9;C ON_Q7RTS7; CON_Q32M B2;P19246	CON_P35908	34;3;3;2;2;2	34;3;3;2;2;2	24;0;0;0;0; 0				6	34	34	24	19	25	17	27
113	CON_Q0154 6;CON_P077 44;P07744;CO N_Q8N1N4- 2;CON_Q7RT T2	CON_Q01546	10;4;4;2;2	4;0;0;0;0	4;0;0;0;0				5	10	4	4	4	7	3	6
114	CON_Q0469 5;CON_Q9Q WL7;Q9QWL7	CON_Q04695;C ON_Q9QWL7;Q 9QWL7	10;8;8	2;0;0	2;0;0	Keratin, type I cytoskeletal 17	Krt17	:::sp Q9QWL7 K1C17_MOUSE Keratin, type I cytoskeletal 17 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Krt17 PE=1 SV=3	3	10	2	2	3	9	1	2
115	CON_Q1RM N8	CON_Q1RMN8	3	3	3				1	3	3	3	2	1	3	2
116	CON_Q32PJ2	CON_Q32PJ2	1	1	1				1	1	1	1	0	0	0	0
117	CON_Q3KUS	CON_Q3KUS7	1	1	1				1	1	1	1	0	0	0	0
118	CON_Q5D86	CON_Q5D862	1	1	1				1	1	1	1	0	1	0	1
119	CON_Q7Z79 4	CON_Q7Z794	2	1	1				1	2	1	1	1	2	2	1
120	CON_Q86YZ	CON_Q86YZ3	2	2	2				1	2	2	2	0	1	0	0

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
121	D3YTQ4;O70628	D3YTQ4;O70628	1;1	1;1	1;1	High affinity cGMP-specific 3,5-cyclic phosphodiesterase 9A	Pde9a	tr D3YTQ4 D3YTQ4_MOUSE Phosphodiesterase OS=Mus musculus OX=10090 GN=Pde9a PE=1 SV=1;sp O70628 PDE9A_MOUSE High affinity cGMP-specific 3,5-cyclic phosphodiesterase 9A OS=Mus musculus OX=10090 GN=Pde9a PE=1 SV=1	2	1	1	1	1	0	0	0
122	D3YUF5;P97343	D3YUF5;P97343	1;1	1;1	1;1	Serine/threonine-protein kinase Kist	Uhmk1	tr D3YUF5 D3YUF5_MOUSE Serine/threonine-protein kinase Kist OS=Mus musculus OX=10090 GN=Uhmk1 PE=1 SV=1;sp P97343 UHMK1_MOUSE Serine/threonine-protein kinase Kist OS=Mus musculus OX=10090 GN=Uhmk1 PE=1 SV=3	2	1	1	1	0	1	0	0
123	D3YUQ5;Q6PDC0	D3YUQ5;Q6PDC0	1;1	1;1	1;1	RUN domain-containing protein 3B	Rundc3b	tr D3YUQ5 D3YUQ5_MOUSE Gene model 440, (NCBI) OS=Mus musculus OX=10090 GN=Rundc3b PE=1 SV=1;sp Q6PDC0 RUN3B_MOUSE RUN domain-containing protein 3B OS=Mus musculus OX=10090 GN=Rundc3b PE=1 SV=1	2	1	1	1	0	0	0	0
124	D3YWC7	D3YWC7		1	1	1	Fam47e	tr D3YWC7 D3YWC7_MOUSE Family with sequence similarity 47, member E OS=Mus musculus OX=10090 GN=Fam47e PE=4 SV=2	1	1	1	1	0	0	0	0
125	D3YYG2;D3Z7C5;Q60665	D3YYG2;D3Z7C5;Q60665	1;1;1	1;1;1	1;1;1	Ski-like protein	Skil	tr D3YYG2 D3YYG2_MOUSE Ski-like protein (Fragment) OS=Mus musculus OX=10090 GN=Skil PE=1 SV=1;tr D3Z7C5 D3Z7C5_MOUSE Ski-like protein OS=Mus musculus OX=10090 GN=Skil PE=1 SV=1;sp Q60665 SKIL_MOUSE Ski-like protein OS=Mus musculus OX=10090 GN=Skil PE=1 SV=	3	1	1	1	1	0	0	0
126	D3Z0M9	D3Z0M9		1	1	1	Ddx23	tr D3Z0M9 D3Z0M9_MOUSE DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) box polypeptide 23 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Ddx23 PE=1 SV=1	1	1	1	1	1	0	0	0

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
127	D3Z1A5	D3Z1A5	1	1	1		Adamts6	tr D3Z1A5 D3Z1A5_MOUSE A disintegrin-like and metallopeptidase (reprolysin type) with thrombospondin type 1 motif, 6 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Adamts6 PE=4 SV=1	1	1	1	1	0	0	0	0
128	D3Z624;E0CZ22 2	D3Z624;E0CZ22	1;1	1;1	1;1		Mroh1	tr D3Z624 D3Z624_MOUSE Maestro heat-like repeat family member 1 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Mroh1 PE=1 SV=2;tr E0CZ22 E0CZ22_MOUSE Maestro heat-like repeat family member 1 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Mroh1 PE=1 SV=1	2	1	1	1	1	0	0	0
129	D3Z6F5;Q032 65;D6RJ16	D3Z6F5;Q03265	6;6;1	6;6;1	6;6;1	ATP synthase subunit alpha;ATP synthase subunit alpha, mitochondrial	Atp5a1	tr D3Z6F5 D3Z6F5_MOUSE ATP synthase subunit alpha OS=Mus musculus OX=10090 GN=Atp5a1 PE=1 SV=1;sp Q03265 ATPA_MOUSE E ATP synthase subunit alpha, mitochondrial OS=Mus musculus OX=10090 GN=Atp5f1a PE=1 SV=1	3	6	6	6	0	0	1	3
130	D3Z7S3;Q9QY P6	D3Z7S3;Q9QYP6	1;1	1;1	1;1	5-azacytidine-induced protein 2	Azi2	tr D3Z7S3 D3Z7S3_MOUSE 5-azacytidine-induced protein 2 (Fragment) OS=Mus musculus OX=10090 GN=Azi2 PE=1 SV=1;sp Q9QYP6 AZI2_MOUSE E 5-azacytidine-induced protein 2 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Azi2 PE=1 SV=1	2	1	1	1	1	0	0	0
131	D6RFV1;Q8VD 46	D6RFV1;Q8VD46	1;1	1;1	1;1	Ankyrin repeat, SAM and basic leucine zipper domain-containing protein 1	Asz1	tr D6RFV1 D6RFV1_MOUSE Ankyrin repeat, SAM and basic leucine zipper domain-containing protein 1 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Asz1 PE=1 SV=1;sp Q8VD46 ASZ1_MOUSE E Ankyrin repeat, SAM and basic leucine zipper domain-containing protein 1 OS=Mus musculus OX=1009 GN=Asz1 PE=1 SV=1	2	1	1	1	0	1	0	0
132	D6RHK9	D6RHK9	1	1	1		Dgkz	tr D6RHK9 D6RHK9_MOUSE Diacylglycerol kinase zeta OS=Mus musculus OX=10090 GN=Dgkz PE=1 SV=1	1	1	1	1	0	0	1	0

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
133	D6RIK9;Q8CG73	D6RIK9;Q8CG73	1;1	1;1	1;1	Protein fantom	Rpgrip1l	tr D6RIK9 D6RIK9_MOUSE Protein fantom OS=Mus musculus OX=10090 GN=Rpgrip1l PE=1 SV=1;sp Q8CG73 FTM_MOUSE E Protein fantom OS=Mus musculus OX=10090 GN=Rpgrip1l PE=1 SV=2	2	1	1	1	0	0	0	1
134	D6RIL1	D6RIL1	1	1	1		Nr3c2	tr D6RIL1 D6RIL1_MOUSE Mineralocorticoid receptor OS=Mus musculus OX=10090 GN=Nr3c2 PE=1 SV=1	1	1	1	1	0	1	0	0
135	E9Q6Z0;E9PV12;G3X914;Q9D5V5	E9Q6Z0;E9PV12;G3X914;Q9D5V5	1;1;1;1	1;1;1;1	1;1;1;1	Cullin-5	Cul5	tr E9Q6Z0 E9Q6Z0_MOUSE Cullin-5 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Cul5 PE=1 SV=1;tr E9PV12 E9PV12_MOUSE SE Cullin-5 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Cul5 PE=1 SV=1;tr G3X914 G3X914_MOUSE USE Cullin-5 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Cul5 PE=1 SV=1;sp Q9D5V5 CUL5_MOUSE E Cullin-5 O	4	1	1	1	0	1	0	0
136	E9PV48;Q64345	E9PV48;Q64345	1;1	1;1	1;1	Interferon-induced protein with tetratricopeptide repeats 3	I830012016Rik;Ifit3	tr E9PV48 E9PV48_MOUSE Interferon-induced protein with tetratricopeptide repeats 3B OS=Mus musculus OX=10090 GN=Ifit3b PE=1 SV=1;sp Q64345 IFIT3_MOUSE E Interferon-induced protein with tetratricopeptide repeats 3 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Ifit3 PE=1 SV=1	2	1	1	1	0	0	0	0
137	E9PVT6;Q499F0;Q3UL33	E9PVT6;Q499F0;Q3UL33	1;1;1	1;1;1	1;1;1		Gm3286;D5Ert577e;E330014E10Rik	tr E9PVT6 E9PVT6_MOUSE Predicted gene 3286 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Gm3286 PE=4 SV=1;tr Q499F0 Q499F0_MOUSE USE D5Ert577e protein OS=Mus musculus OX=10090 GN=D5Ert577e PE=2 SV=1;tr Q3UL33 Q3UL33_MOUSE USE Predicted gene 3286 OS=Mus musculus OX=10090 GN=E33001	3	1	1	1	0	1	0	0
138	E9PX95	E9PX95	1	1	1		Abca17	sp E9PX95 ABCAH_MOUSE ATP-binding cassette sub-family A member 17 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Abca17 PE=1 SV=1	1	1	1	1	0	1	0	0

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
139	Q8VDU4;E9PX IO;P27870	Q8VDU4;E9PXIO; P27870	1;1;1	1;1;1	1;1;1	Proto- oncogene vav	Vav1	tr Q8VDU4 Q8VDU4_MOUSE Proto-oncogene vav OS=Mus musculus OX=10090 GN=Vav1 PE=1 SV=1;tr E9PXIO E9PXIO_MOUS E Proto-oncogene vav OS=Mus musculus OX=10090 GN=Vav1 PE=1 SV=1;sp P27870 VAV_MOUSE Proto-oncogene vav OS=Mus musculus OX=10090 GN=Vav1 PE=1 SV=1	3	1	1	1	0	0	1	0
140	E9PYG9;F6TVP 2;Q60710	E9PYG9;F6TVP2; Q60710	1;1;1	1;1;1	1;1;1	Deoxynucleosi de triphosphate triphosphohydr olase SAMHD1	Samhd1	tr E9PYG9 E9PYG9_MOUSE Deoxynucleoside triphosphate triphosphohydrolase SAMHD1 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Samhd1 PE=1 SV=1;tr F6TVP2 F6TVP2_MOU SE Deoxynucleoside triphosphate triphosphohydrolase SAMHD1 (Fragment) OS=Mus musculus OX=10090 GN=Samhd1 PE=1 SV	3	1	1	1	0	0	1	0
141	E9PYY0;E9Q3Y 1;E9Q6X2;E9Q 108;E9Q0P9;K 7E6F1;F8WIV2 ;Q60854;E9PZ Q9;E9Q4R2	E9PYY0;E9Q3Y1; E9Q6X2;E9Q108; E9Q0P9;K7E6F1; F8WIV2;Q60854; E9PZQ9;E9Q4R2	2;2;2;2;2;2; 2;2;1;1	2;2;2;2;2;2; 2;2;1;1	2;2;2;2;2;2; 2;2;1;1	Serpin B6	Serpin6a;Se rpinb6	tr E9PYY0 E9PYY0_MOUSE Serine (or cysteine) peptidase inhibitor, clade B, member 6a (Fragment) OS=Mus musculus OX=10090 GN=Serpinb6a PE=1 SV=1;tr E9Q3Y1 E9Q3Y1_MO USE Serine (or cysteine) peptidase inhibitor, clade B, member 6a (Fragment) OS=Mus musculus OX	10	2	2	2	0	0	1	1
142	E9Q0E7;E9Q6I 0	E9Q0E7;E9Q6I0	1;1	1;1	1;1	Vomeronasal type-2 receptor 116	Vmn2r115;V mn2r116	tr E9Q0E7 E9Q0E7_MOUSE Vomeronasal 2, receptor 115 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Vmn2r115 PE=3 SV=2;sp E9Q6I0 V2116_MOUSE E Vomeronasal type-2 receptor 116 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Vmn2r116 PE=1 SV=1	2	1	1	1	0	1	0	0
143	E9Q1K0;Q3ZT 31	E9Q1K0;Q3ZT31	1;1	1;1	1;1	Sorting nexin- 25	Snx25	tr E9Q1K0 E9Q1K0_MOUSE Sorting nexin-25 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Snx25 PE=1 SV=1;sp Q3ZT31 SNX25_MOU SE Sorting nexin-25 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Snx25 PE=1 SV=3	2	1	1	1	0	0	1	0

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
144	E9Q1Z0	E9Q1Z0	5	1	1		4732456N10 Rik	tr E9Q1Z0 E9Q1Z0_MOUSE Keratin 90 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Krt90 PE=1 SV=1	1	5	1	1	1	2	3	3
145	E9Q3W4;Q9Q XS1	E9Q3W4;Q9QXS 1	1;1	1;1	1;1	Plectin	Plec	tr E9Q3W4 E9Q3W4_MOUSE Plectin OS=Mus musculus OX=10090 GN=Plec PE=1 SV=1;sp Q9QXS1 PLEC_MOUS E Plectin OS=Mus musculus OX=10090 GN=Plec PE=1 SV=3	2	1	1	1	0	0	0	0
146	E9Q600;Q924 C6	E9Q600;Q924C6	1;1	1;1	1;1	Lysyl oxidase homolog 4	Loxl4	tr E9Q600 E9Q600_MOUSE Lysyl oxidase homolog 4 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Loxl4 PE=1 SV=1;sp Q924C6 LOXL4_MOU SE Lysyl oxidase homolog 4 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Loxl4 PE=2 SV=2	2	1	1	1	0	0	0	0
147	E9Q616	E9Q616	3	3	3		Ahnak	tr E9Q616 E9Q616_MOUSE AHNAK nucleoprotein (desmoyokin) OS=Mus musculus OX=10090 GN=Ahnak PE=1 SV=1	1	3	3	3	0	1	2	0
148	E9Q7P6;Q058 60	E9Q7P6;Q05860	3;3	3;3	3;3	Formin-1	Fmn1	tr E9Q7P6 E9Q7P6_MOUSE Formin-1 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Fmn1 PE=1 SV=1;sp Q05860 FMN1_MOU SE Formin-1 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Fmn1 PE=1 SV=2	2	3	3	3	0	0	2	0
149	E9Q8S8;Q3TR M8;E9Q3Z4;D 6RFA3;D3Z2E 4;E9Q5B5;O08 8;E9Q3Z4;D6RFA	E9Q8S8;Q3TRM 8;E9Q3Z4;D6RFA	4;4;3;2;1;1; 1	4;4;3;2;1;1; 1	4;4;3;2;1;1; 1	Hexokinase;He xokinase-3	Hk3	tr E9Q8S8 E9Q8S8_MOUSE Hexokinase-3 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Hk3 PE=1 SV=1;sp Q3TRM8 HXX3_MOU SE Hexokinase-3 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Hk3 PE=1 SV=2;tr E9Q3Z4 E9Q3Z4_MO USE Hexokinase-3 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Hk3 PE=1 SV=1;tr D6RFA3 D6RFA3_MO USE P	7	4	4	4	0	0	1	2
150	F6TUC4	F6TUC4	1	1	1		Raf1	tr F6TUC4 F6TUC4_MOUSE RAF proto-oncogene serine/threonine-protein kinase (Fragment) OS=Mus musculus OX=10090 GN=Raf1 PE=1 SV=2	1	1	1	1	0	1	0	0

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
151	F8VQF9;Q3TLI 0	F8VQF9;Q3TLI0	1;1	1;1	1;1	Trafficking protein particle complex subunit 10	Trappc10	tr F8VQF9 F8VQF9_MOUSE Trafficking protein particle complex subunit 10 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Trappc10 PE=1 SV=1;sp Q3TLI0 TPC10_MOUSE E Trafficking protein particle complex subunit 10 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Trappc10 PE=1 SV=2	2	1	1	1	0	0	1	0
152	F8WIN7;F8WGI9;Q91YY0;P98156	F8WIN7;F8WGI9;Q91YY0;P98156	1;1;1;1	1;1;1;1	1;1;1;1	Very low-density lipoprotein receptor	Vldlr	tr F8WIN7 F8WIN7_MOUSE Very low-density lipoprotein receptor OS=Mus musculus OX=10090 GN=Vldlr PE=1 SV=1;tr F8WGI9 F8WGI9_MOUSE Very low-density lipoprotein receptor OS=Mus musculus OX=10090 GN=Vldlr PE=1 SV=1;tr Q91YY0 Q91YY0_MOUSE Very low-density lipopr	4	1	1	1	0	0	1	0
153	F8WGL3;P18760	F8WGL3;P18760	2;2	2;2	2;2	Cofilin-1	Cfl1	tr F8WGL3 F8WGL3_MOUSE Cofilin-1 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Cfl1 PE=1 SV=1;sp P18760 COF1_MOUSE E Cofilin-1 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Cfl1 PE=1 SV=3	2	2	2	2	0	0	2	0
154	F8WGV3	F8WGV3	1	1	1		Slc26a10	tr F8WGV3 F8WGV3_MOUSE Solute carrier family 26 member 10 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Slc26a10 PE=3 SV=1	1	1	1	1	0	0	0	0
155	G3UWI5;G3UZI8;F8WI37;Q8BRH4	G3UWI5;G3UZC8;F8WI37;Q8BRH4	1;1;1;1	1;1;1;1	1;1;1;1	Histone-lysine N-methyltransferase;Histone-lysine N-methyltransferase 2C	Kmt2c	tr G3UWI5 G3UWI5_MOUSE Histone-lysine N-methyltransferase 2C (Fragment) OS=Mus musculus OX=10090 GN=Kmt2c PE=1 SV=8;tr G3UZC8 G3UZC8_MOUSE Histone-lysine N-methyltransferase 2C (Fragment) OS=Mus musculus OX=10090 GN=Kmt2c PE=1 SV=1;tr F8WI37 F8WI37_MOUSE SE H	4	1	1	1	0	1	0	0

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
156	V9GXA5;Q80V18;V9GXE9;G3UW90;V9GX74;Q925H1	V9GXA5;Q80V18;V9GXE9;G3UW90;V9GX74;Q925H1	1;1;1;1;1;1	1;1;1;1;1;1	1;1;1;1;1;1	Zinc finger transcription factor Trps1	Trps1	tr V9GXA5 V9GXA5_MOUSE Zinc finger transcription factor Trps1 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Trps1 PE=1 SV=1;tr Q80V18 Q80V18_MOUSE Trichorhinophalangeal syndrome I (Human), isoform CRA_a OS=Mus musculus OX=10090 GN=Trps1 PE=1 SV=1;tr V9GXE9 V9GXE9_MOUSE Zinc	6	1	1	1	0	0	0	0
157	G3UWG2;Q60610	G3UWG2;Q60610	1;1	1;1	1;1	T-lymphoma invasion and metastasis-inducing protein 1	Tiam1	tr G3UWG2 G3UWG2_MOUSE E T-cell lymphoma invasion and metastasis 1 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Tiam1 PE=1 SV=1;sp Q60610 TIAM1_MOUSE T-lymphoma invasion and metastasis-inducing protein 1 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Tiam1 PE=1 SV=1	2	1	1	1	0	0	0	0
158	G3UWR2;G3UYG6;Q6Y7W8	G3UWR2;G3UYG6;Q6Y7W8	1;1;1	1;1;1	1;1;1	PERQ amino acid-rich with GYF domain-containing protein 2	Gigyf2	tr G3UWR2 G3UWR2_MOUSE GRB10-interacting GYF protein 2 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Gigyf2 PE=1 SV=1;tr G3UYG6 G3UYG6_MOUSE GRB10-interacting GYF protein 2 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Gigyf2 PE=1 SV=1;sp Q6Y7W8 GGYF2_MOUSE GRB10-interacting GYF protein 2 OS	3	1	1	1	1	0	1	0
159	G3X960;Q9DBZ9	G3X960;Q9DBZ9	1;1	1;1	1;1	Rho GTPase-activating protein SYDE1	Syde1	tr G3X960 G3X960_MOUSE MCG5982 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Syde1 PE=1 SV=1;sp Q9DBZ9 SYDE1_MOUSE Rho GTPase-activating protein SYDE1 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Syde1 PE=1 SV=1	2	1	1	1	0	0	0	0
160	G5E899;P22777	G5E899;P22777	1;1	1;1	1;1	Plasminogen activator inhibitor 1	Serpine1	tr G5E899 G5E899_MOUSE Plasminogen activator inhibitor 1 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Serpine1 PE=1 SV=1;sp P22777 PAI1_MOUSE Plasminogen activator inhibitor 1 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Serpine1 PE=1 SV=1	2	1	1	1	1	0	0	0

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
161	I7HJS4	I7HJS4	1	1	1		Zfp683	sp I7HJS4 ZN683_MOUSE Tissue-resident T-cell transcription regulator protein ZNF683 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Znf683 PE=2 SV=1	1	1	1	1	0	0	1	0
162	J3KMT7	J3KMT7	1	1	1		Tle3	tr J3KMT7 J3KMT7_MOUSE Transducin-like enhancer protein 3 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Tle3 PE=1 SV=1	1	1	1	1	0	0	0	0
163	J3QPE5	J3QPE5	1	1	1		Gm5849	tr J3QPE5 J3QPE5_MOUSE Predicted gene 5849 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Gm5849 PE=3 SV=1	1	1	1	1	0	0	0	0
164	K4DI62	K4DI62	1	1	1		Sp4	tr K4DI62 K4DI62_MOUSE Transcription factor Sp4 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Sp4 PE=1 SV=2	1	1	1	1	0	0	0	1
165	O35344	O35344	1	1		Importin subunit alpha-4	Kpna3	sp O35344 IMA4_MOUSE Importin subunit alpha-4 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Kpna3 PE=1 SV=1	1	1	1	1	0	0	1	0
166	Q5SVG5;Q5SV G4;O35643;H 3BKMO;H3BIY 9;Q9DBG3	Q5SVG5;Q5SVG4 ;O35643;H3BKM O;H3BIY9;Q9DBG 3	2;2;2;1;1;1	2;2;2;1;1;1	2;2;2;1;1;1	AP-1 complex subunit beta- 1;AP complex subunit beta;AP-2 complex subunit beta	Ap1b1;Ap2b1	tr Q5SVG5 Q5SVG5_MOUSE AP complex subunit beta OS=Mus musculus OX=10090 GN=Ap1b1 PE=1 SV=1;tr Q5SVG4 Q5SVG4_MO USE AP complex subunit beta OS=Mus musculus OX=10090 GN=Ap1b1 PE=1 SV=1;sp O35643 AP1B1_MOU SE AP-1 complex subunit beta- 1 OS=Mus musculus OX=10090	6	2	2	2	0	0	2	2
167	O88342	O88342	2	2	2	WD repeat- containing protein 1	Wdr1	sp O88342 WDR1_MOUSE WD repeat-containing protein 1 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Wdr1 PE=1 SV=3	1	2	2	2	0	0	1	1
168	O89053	O89053	1	1	1	Coronin-1A	Coro1a	sp O89053 COR1A_MOUSE Coronin-1A OS=Mus musculus OX=10090 GN=Coro1a PE=1 SV=5	1	1	1	1	0	0	1	1

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
169	P01837	P01837	7	7	7	Ig kappa chain C region		sp P01837 IGKC_MOUSE Immunoglobulin kappa constant OS=Mus musculus OX=10090 GN=Igkc PE=1 SV=2	1	7	7	7	3	6	3	4
170	P01868;P01869	P01868;P01869	13;13	13;13	4;4	Ig gamma-1 chain C region secreted form;Ig gamma- 1 chain C region, membrane- bound form	Ighg1	sp P01868 IGHG1_MOUSE Ig gamma-1 chain C region secreted form OS=Mus musculus OX=10090 GN=Ighg1 PE=1 SV=1;sp P01869 IGH1M_MOU SE Ig gamma-1 chain C region, membrane-bound form OS=Mus musculus OX=10090 GN=Ighg1 PE=1 SV=2	2	13	13	4	10	12	0	1

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
171	P05213;P68373;P68369;A0A2R8VHF3;A0A0M0QA5;P68368;P05214;Q9JJZ2;A0A087WRB4;A0A087WQS4;A0A087WSB0;A0A087WLS5	P05213;P68373;P68369;A0A2R8VHF3;A0A0A0M0QA5;P68368;P05214	10;9;8;6;6;6;6;4;2;2;1;1	10;9;8;6;6;6;6;4;2;2;1;1	10;9;8;6;6;6;6;4;2;2;1;1	Tubulin alpha-1B chain;Tubulin alpha-1C chain;Tubulin alpha-1A chain;Tubulin alpha-4A chain;Tubulin alpha-3 chain	Tuba1b;Tuba1c;Tuba1a;Tuba4a;Tuba3a	sp P05213 TBA1B_MOUSE Tubulin alpha-1B chain OS=Mus musculus OX=10090 GN=Tuba1b PE=1 SV=2;sp P68373 TBA1C_MOUSE SE Tubulin alpha-1C chain OS=Mus musculus OX=10090 GN=Tuba1c PE=1 SV=1;sp P68369 TBA1A_MOUSE SE Tubulin alpha-1A chain OS=Mus musculus OX=10090 GN=Tub	12	10	10	10	0	1	5	8
172	P08113;F7C312	P08113;F7C312	4;2	3;2	3;2	Endoplasmic reticulum chaperone protein	Hsp90b1	sp P08113 ENPL_MOUSE Endoplasmic reticulum chaperone protein OS=Mus musculus OX=10090 GN=Hsp90b1 PE=1 SV=2;tr F7C312 F7C312_MOUSE SE Endoplasmic reticulum chaperone protein (Fragment) OS=Mus musculus OX=10090 GN=Hsp90b1 PE=1 SV=1	2	4	3	3	0	0	1	1
173	P09411;S4R2M7;P09041	P09411;S4R2M7;P09041	6;4;4	6;4;4	6;4;4	Phosphoglycerate kinase 1;Phosphoglycerate kinase 2	Pgk1;Pgk2	sp P09411 PGK1_MOUSE Phosphoglycerate kinase 1 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Pgk1 PE=1 SV=4;tr S4R2M7 S4R2M7_MOUSE SE Phosphoglycerate kinase OS=Mus musculus OX=10090 GN=Pgk1 PE=1 SV=1;sp P09041 PGK2_MOUSE SE Phosphoglycerate kinase 2 OS=Mus musculus OX=10090 GN=P	3	6	6	6	0	0	1	3
174	P0DOV1;Q8CGE8	P0DOV1;Q8CGE8	1;1	1;1	1;1	Interferon-gamma-inducible protein 205-A	Ifi205a	sp P0DOV1 IFI5B_MOUSE Interferon-gamma-inducible protein 205-B OS=Mus musculus OX=10090 GN=Mnda PE=1 SV=1;sp Q8CGE8 IFI5A_MOUSE SE Interferon-gamma-inducible protein 205-A OS=Mus musculus OX=10090 GN=Ifi205a PE=2 SV=1	2	1	1	1	0	0	0	0
175	P10126;D3Z318;D3YZ68;P62631	P10126;D3Z318;D3YZ68;P62631	5;4;4;3	5;4;4;3	5;4;4;3	Elongation factor 1-alpha 2	Eef1a1;Eef1a2	sp P10126 EF1A1_MOUSE Elongation factor 1-alpha 1 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Eef1a1 PE=1 SV=3;tr D3Z318 D3Z318_MOUSE SE Elongation factor 1-alpha 1 (Fragment) OS=Mus musculus OX=10090 GN=Eef1a1 PE=1 SV=1;tr D3YZ68 D3YZ68_MOUSE SE Elongation factor 1-alpha 1 (Fr	4	5	5	5	0	1	3	2

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
181	Q8K469;P11928;Q05BJ7	Q8K469;P11928;Q05BJ7	2;2;1	2;2;1	2;2;1	2-5-oligoadenylate synthase 1A	Oas1g;Oas1a	tr Q8K469 Q8K469_MOUSE 2-5 oligoadenylate synthetase 1G OS=Mus musculus OX=10090 GN=Oas1g PE=2 SV=1;sp P11928 OAS1A_MOUSE 2-5-oligoadenylate synthase 1A OS=Mus musculus OX=10090 GN=Oas1a PE=1 SV=2;tr Q05BJ7 Q05BJ7_MOUSE SE 2-5 oligoadenylate synthetase	3	2	2	2	0	0	2	0
182	P14106	P14106	1	1	1	Complement C1q subcomponent subunit B	C1qb	sp P14106 C1QB_MOUSE Complement C1q subcomponent subunit B OS=Mus musculus OX=10090 GN=C1qb PE=1 SV=2	1	1	1	1	1	0	1	1
183	P15864;P43274;P43277;I7HFT9;Q07133;P43275	P15864;P43274;P43277;I7HFT9;Q07133;P43275	2;2;2;1;1;1	2;2;2;1;1;1	2;2;2;1;1;1	Histone H1.2;Histone H1.4;Histone H1.3;Histone H1t;Histone H1.1	Hist1h1c;Hist1h1e;Hist1h1d;Hist1h1t;Hist1h1a	sp P15864 H12_MOUSE Histone H1.2 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Hist1h1c PE=1 SV=2;sp P43274 H14_MOUSE Histone H1.4 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Hist1h1e PE=1 SV=2;sp P43277 H13_MOUSE Histone H1.3 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Hist1h1d PE=1 SV=2;tr I7HFT9 I7HFT9	6	2	2	2	0	2	0	0
184	P16294	P16294	1	1	1	Coagulation factor IX;Coagulation factor IXa light	F9	sp P16294 FA9_MOUSE Coagulation factor IX OS=Mus musculus OX=10090 GN=F9 PE=2 SV=3	1	1	1	1	0	0	0	0
185	P17742;A0A1L1SRX5;V9GX31;F8V PN3;A0A1L1S ST0	P17742	3;1;1;1;1;1	3;1;1;1;1;1	3;1;1;1;1;1	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase A;Peptidyl-prolyl cis-trans	Ppia	sp P17742 PPIA_MOUSE Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase A OS=Mus musculus OX=10090 GN=Ppia PE=1 SV=2	6	3	3	3	0	0	3	0
186	P17892	P17892	1	1	1	Pancreatic lipase-related protein 2	Pnliprp2	sp P17892 LIPR2_MOUSE Pancreatic lipase-related protein 2 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Pnliprp2 PE=1 SV=2	1	1	1	1	0	0	0	0
187	P20029	P20029	3	3	3	78 kDa glucose-regulated protein	Hspa5	sp P20029 BIP_MOUSE Endoplasmic reticulum chaperone BiP OS=Mus musculus OX=10090 GN=Hspa5 PE=1 SV=3	1	3	3	3	0	0	2	1

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
188	P20152;A0A0A6YWC8;A2AKJ2;G5E846;A0A2R8W6R6;G3X981;P31001;P15331	P20152;A0A0A6YWC8	12;10;3;1;1;1;1;1	11;9;2;1;1;1;1	11;9;2;1;1;1	Vimentin	Vim	sp P20152 VIME_MOUSE Vimentin OS=Mus musculus OX=10090 GN=Vim PE=1 SV=3;tr A0A0A6YWC8 A0A0A6YWC8_MOUSE Vimentin OS=Mus musculus OX=10090 GN=Vim PE=1 SV=1	8	12	11	11	0	9	3	2
189	P23116	P23116	1	1	1	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit A	Eif3a	sp P23116 EIF3A_MOUSE Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit A OS=Mus musculus OX=10090 GN=Eif3a PE=1 SV=5	1	1	1	1	0	0	1	0
190	Q543K9;P23492;A0A2I3BS22;A0A2I3BQH	Q543K9;P23492	3;3;1;1	3;3;1;1	3;3;1;1	Purine nucleoside phosphorylase	Pnp	tr Q543K9 Q543K9_MOUSE Purine nucleoside phosphorylase OS=Mus musculus OX=10090 GN=Pnp PE=1 SV=1;sp P23492 PNPH_MOUSE E Purine nucleoside phosphorylase OS=Mus musculus OX=10090 GN=Pnp PE=1 SV=2	4	3	3	3	0	0	1	2
191	P26151	P26151	13	13	13	High affinity immunoglobulin gamma Fc receptor I	Fcgr1	sp P26151 FCGR1_MOUSE High affinity immunoglobulin gamma Fc receptor I OS=Mus musculus OX=10090 GN=Fcgr1 PE=1 SV=1	1	13	13	13	0	0	11	11

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
192	Q8C483;P26638	Q8C483;P26638	1;1	1;1	1;1	Serine--tRNA ligase, cytoplasmic	Sars	tr Q8C483 Q8C483_MOUSE Serine--tRNA ligase, cytoplasmic OS=Mus musculus OX=10090 GN=Sars PE=1 SV=1;sp P26638 SYSC_MOUSE Serine--tRNA ligase, cytoplasmic OS=Mus musculus OX=10090 GN=Sars PE=1 SV=3	2	1	1	1	0	1	0	0
193	Q3U9N4;P28798;H3BJE0;H3BJ90	Q3U9N4;P28798;H3BJE0;H3BJ90	4;4;3;3	4;4;3;3	4;4;3;3	Granulins;Acrogranin;Granulin-1;Granulin-2;Granulin-3;Granulin-4;Granulin-5;Granulin-6;Granulin-7	Grn	tr Q3U9N4 Q3U9N4_MOUSE Granulins OS=Mus musculus OX=10090 GN=Grn PE=1 SV=1;sp P28798 GRN_MOUSE Granulins OS=Mus musculus OX=10090 GN=Grn PE=1 SV=2;tr H3BJE0 H3BJE0_MOUSE Granulins (Fragment) OS=Mus musculus OX=10090 GN=Grn PE=1 SV=1;tr H3BJ90 H3BJ90_MOUSE	4	4	4	4	2	2	3	3
194	P29351	P29351	1	1	1	Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 6	Ptpn6	sp P29351 PTN6_MOUSE Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 6 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Ptpn6 PE=1 SV=2	1	1	1	1	0	0	1	1
195	P47750	P47750	1	1	1	Thyrotropin receptor	Tshr	sp P47750 TSHR_MOUSE Thyrotropin receptor OS=Mus musculus OX=10090 GN=Tshr PE=1 SV=2	1	1	1	1	0	0	1	0
196	P47964	P47964	1	1	1	60S ribosomal protein L36	Rpl36	sp P47964 RL36_MOUSE 60S ribosomal protein L36 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Rpl36 PE=1 SV=2	1	1	1	1	0	0	1	0
197	P48615	P48615	1	1	1	Protein Wnt-11	Wnt11	sp P48615 WNT11_MOUSE Protein Wnt-11 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Wnt11 PE=2 SV=1	1	1	1	1	0	0	0	0
198	P51881;P48962;Q3V132	P51881;P48962;Q3V132	2;2;1	2;2;1	2;2;1	ADP/ATP translocase 2;ADP/ATP translocase 2, N-terminally processed;ADP/ATP translocase 1;ADP/ATP translocase 4;ADP/ATP translocase 4,	Slc25a5;Slc25a4;Slc25a31	sp P51881 ADT2_MOUSE ADP/ATP translocase 2 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Slc25a5 PE=1 SV=3;sp P48962 ADT1_MOUSE ADP/ATP translocase 1 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Slc25a4 PE=1 SV=4;sp Q3V132 ADT4_MOUSE ADP/ATP translocase 4 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Slc25a3	3	2	2	2	0	0	1	0

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
199	P52480;A0A1L1SU37;A0A1L1SQV8;A0A1L1SSN6;A0A1L1STV8;A0A1L1SUV0;A0A1L1ST52;A0A1L1SVH2;E9Q509;G3X925;P53657	P52480;A0A1L1SUV0;A0A1L1SQV8	18;12;9;8;8;7;3;1;1;1;1	18;12;9;8;8;7;3;1;1;1;1	18;12;9;8;8;7;3;1;1;1;1	Pyruvate kinase PKM	Pkm	sp P52480 KPYM_MOUSE Pyruvate kinase PKM OS=Mus musculus OX=10090 GN=Pkm PE=1 SV=4;tr A0A1L1SU37 A0A1L1SU37_MOUSE Pyruvate kinase PKM (Fragment) OS=Mus musculus OX=10090 GN=Pkm PE=1 SV=1;tr A0A1L1SQV8 A0A1L1SQV8_MOUSE Pyruvate kinase PKM (Fragment) OS=Mus	11	18	18	18	0	2	14	12
200	P54276	P54276	1	1	1	DNA mismatch repair protein Msh6	Msh6	sp P54276 MSH6_MOUSE DNA mismatch repair protein Msh6 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Msh6 PE=1 SV=3	1	1	1	1	0	1	0	0
201	P56480	P56480	1	1	1	ATP synthase subunit beta, mitochondrial	Atp5b	sp P56480 ATPB_MOUSE ATP synthase subunit beta, mitochondrial OS=Mus musculus OX=10090 GN=Atp5f1b PE=1 SV=2	1	1	1	1	0	0	0	1
202	P58252	P58252	4	4	4	Elongation factor 2	Eef2	sp P58252 EF2_MOUSE Elongation factor 2 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Eef2 PE=1 SV=2	1	4	4	4	0	0	2	1
203	V9GXY4;P58801	V9GXY4;P58801	1;1	1;1	1;1	Receptor-interacting serine/threonine-protein kinase 2	Ripk2	tr V9GXY4 V9GXY4_MOUSE Receptor-interacting serine/threonine-protein kinase 2 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Ripk2 PE=1 SV=1;sp P58801 RIPK2_MOUSE Receptor-interacting serine/threonine-protein kinase 2 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Ripk2 PE=1 SV=1	2	1	1	1	0	0	1	0

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
204	P60710;E9Q5F4;E9Q1F2;G3UZ07;E9Q2D1;F8WGM8;A0A0U1RQ96;V9GXQ2	P60710;E9Q5F4;E9Q1F2;G3UZ07	15;12;11;10;5;3;2;1	15;12;11;10;5;3;2;1	1;1;0;1;0;0;0	Actin, cytoplasmic 1;Actin, cytoplasmic 1, N-terminally processed	Actb;Actg1	sp P60710 ACTB_MOUSE Actin, cytoplasmic 1 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Actb PE=1 SV=1;tr E9Q5F4 E9Q5F4_MOUSE USE Actin, cytoplasmic 1 (Fragment) OS=Mus musculus OX=10090 GN=Actb PE=1 SV=1;tr E9Q1F2 E9Q1F2_MOUSE USE Actin, cytoplasmic 1 OS=Mus musculus OX=10090 GN=A	8	15	15	1	2	6	12	10
205	P61161	P61161	3	3	3	Actin-related protein 2	Actr2	sp P61161 ARP2_MOUSE Actin-related protein 2 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Actr2 PE=1 SV=1	1	3	3	3	0	0	1	1
206	P62806	P62806	3	3	3	Histone H4	Hist1h4a	sp P62806 H4_MOUSE Histone H4 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Hist1h4a PE=1 SV=2	1	3	3	3	3	3	0	1
207	P62918	P62918	1	1	1	60S ribosomal protein L8	Rpl8	sp P62918 RL8_MOUSE 60S ribosomal protein L8 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Rpl8 PE=1 SV=2	1	1	1	1	0	0	0	0
208	Q504P4;P63017;D3Z5E2;Q61696;P17879;P17156;P16627	Q504P4;P63017;D3Z5E2;Q61696;P17879	4;4;2;2;1;1	4;4;2;2;1;1	4;4;2;2;1;1	Heat shock cognate 71 kDa protein;Heat shock 70 kDa protein 1A;Heat shock 70 kDa protein 1B	Hspa8;Hspa1a;Hspa1b	tr Q504P4 Q504P4_MOUSE Heat shock cognate 71 kDa protein OS=Mus musculus OX=10090 GN=Hspa8 PE=1 SV=1;sp P63017 HSP7C_MOUSE SE Heat shock cognate 71 kDa protein OS=Mus musculus OX=10090 GN=Hspa8 PE=1 SV=1;tr D3Z5E2 D3Z5E2_MOUSE SE Heat shock cognate 71 kDa protei	7	4	4	4	0	0	4	0

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
209	P63260;G3UYG0;E9Q606;B1 ATY1;F6WX90	P63260;G3UYG0	15;8;7;7;3	1;1;0;1;0	1;1;0;1;0	Actin, cytoplasmic 2;Actin, cytoplasmic 2, N-terminally processed	Actg1	sp P63260 ACTG_MOUSE Actin, cytoplasmic 2 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Actg1 PE=1 SV=1;tr G3UYG0 G3UYG0_MOUSE USE Actin, cytoplasmic 2 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Actg1 PE=1 SV=1	5	15	1	1	2	6	11	10
210	P68134;P68033;P63268;P62737;A0A1D5RM20;D3Z2K3;D3YZY0	P68134;P68033;P63268;P62737;A0A1D5RM20;D3Z2K3;D3YZY0	10;10;9;9;7;7	1;1;1;1;1;1;1	1;1;1;1;1;1;1	Actin, alpha skeletal muscle;Actin, alpha cardiac muscle 1;Actin, gamma-enteric smooth muscle;Actin, aortic smooth muscle	Acta1;Actc1;Actg2;Acta2	sp P68134 ACTS_MOUSE Actin, alpha skeletal muscle OS=Mus musculus OX=10090 GN=Acta1 PE=1 SV=1;sp P68033 ACTC_MOUSE E Actin, alpha cardiac muscle 1 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Actc1 PE=1 SV=1;sp P63268 ACTH_MOUSE E Actin, gamma-enteric smooth muscle OS=Mus musculus OX=10090 GN=Acth1 PE=1 SV=1	7	10	1	1	1	4	8	6
211	P68372;Q9DF9;Q922F4;CON_ENSEMBL:ENSBTAP0000025008;A2AQ07;G3UZR1	P68372;Q9DF9	10;7;4;3;3;2	1;1;0;0;0;0	1;1;0;0;0;0	Tubulin beta-4B chain;Tubulin beta-4A chain	Tubb4b;Tubb4a	sp P68372 TBB4B_MOUSE Tubulin beta-4B chain OS=Mus musculus OX=10090 GN=Tubb4b PE=1 SV=1;sp Q9DF9 TBB4A_MOUSE SE Tubulin beta-4A chain OS=Mus musculus OX=10090 GN=Tubb4a PE=1 SV=3	6	10	1	1	0	1	7	6
212	P80317	P80317	1	1	1	T-complex protein 1 subunit zeta	Cct6a	sp P80317 TCPZ_MOUSE T-complex protein 1 subunit zeta OS=Mus musculus OX=10090 GN=Cct6a PE=1 SV=3	1	1	1	1	0	0	0	0

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
213	P97481	P97481	1	1	1	Endothelial PAS domain-containing protein 1	Epas1	sp P97481 EPAS1_MOUSE Endothelial PAS domain-containing protein 1 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Epas1 PE=1 SV=2	1	1	1	1	0	0	0	0
214	P99024;Q9CFW2;Q7TMM9;Q9ERD7;A0A1D5RM76	P99024;Q9CFW2;Q7TMM9	14;8;8;5;1	14;8;8;5;1	5;1;1;1;1	Tubulin beta-5 chain;Tubulin beta-2B chain;Tubulin beta-2A chain	Tubb5;Tubb2b;Tubb2a	sp P99024 TBB5_MOUSE Tubulin beta-5 chain OS=Mus musculus OX=10090 GN=Tubb5 PE=1 SV=1;sp Q9CFW2 TBB2B_MOUSE Tubulin beta-2B chain OS=Mus musculus OX=10090 GN=Tubb2b PE=1 SV=1;sp Q7TMM9 TBB2A_MOUSE Tubulin beta-2A chain OS=Mus musculus OX=10090 GN=Tubb2a PE=1	5	14	14	5	0	1	10	7
215	Q01853	Q01853	2	2	2	Transitional endoplasmic reticulum ATPase	Vcp	sp Q01853 TERA_MOUSE Transitional endoplasmic reticulum ATPase OS=Mus musculus OX=10090 GN=Vcp PE=1 SV=4	1	2	2	2	0	0	2	0
216	Q02053	Q02053	1	1	1	Ubiquitin-like modifier-activating enzyme 1	Uba1	sp Q02053 UBA1_MOUSE Ubiquitin-like modifier-activating enzyme 1 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Uba1 PE=1 SV=1	1	1	1	1	0	0	1	0
217	Q02105	Q02105	2	2	2	Complement C1q subcomponent subunit C	C1qc	sp Q02105 C1QC_MOUSE Complement C1q subcomponent subunit C OS=Mus musculus OX=10090 GN=C1qc PE=1 SV=2	1	2	2	2	0	0	0	1
218	Q02257	Q02257	1	1	1	Junction plakoglobin	Jup	sp Q02257 PLAK_MOUSE Junction plakoglobin OS=Mus musculus OX=10090 GN=Jup PE=1 SV=3	1	1	1	1	0	1	0	0
219	Q149S1	Q149S1	1	1	1	Tektin-4	Tekt4	sp Q149S1 TEKT4_MOUSE Tektin-4 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Tekt4 PE=1 SV=2	1	1	1	1	1	0	0	0
220	Q1H9T6	Q1H9T6	1	1	1	Zinc finger and BTB domain-containing protein 48	Zbtb48	sp Q1H9T6 TZAP_MOUSE Telomere zinc finger-associated protein OS=Mus musculus OX=10090 GN=Zbtb48 PE=1 SV=1	1	1	1	1	0	0	0	0
221	Q2UY11	Q2UY11	1	1	1	Collagen alpha-1(XXVIII) chain	Col28a1	sp Q2UY11 COSA1_MOUSE Collagen alpha-1(XXVIII) chain OS=Mus musculus OX=10090 GN=Col28a1 PE=2 SV=1	1	1	1	1	1	0	0	0

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
222	Q9BCZ1;Q31615	Q9BCZ1;Q31615	1;1	1;1	1;1		H2-T22	tr Q9BCZ1 Q9BCZ1_MOUSE H2-T22 protein OS=Mus musculus OX=10090 GN=H2-T22 PE=1 SV=1;tr Q31615 Q31615_MOUSE Histocompatibility 2, T region locus 22 OS=Mus musculus OX=10090 GN=H2-T22 PE=1 SV=1	2	1	1	1	0	0	0	1
223	Q3TIV5	Q3TIV5	1	1	1	Zinc finger CCCH domain-containing protein 15	Zc3h15	sp Q3TIV5 ZC3HF_MOUSE Zinc finger CCCH domain-containing protein 15 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Zc3h15 PE=1 SV=2	1	1	1	1	0	1	0	0
224	Q3TW96	Q3TW96	2	2	2	UDP-N-acetylhexosamine pyrophosphorylase-like protein 1	Uap111	sp Q3TW96 UAP1L_MOUSE UDP-N-acetylhexosamine pyrophosphorylase-like protein 1 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Uap111 PE=1 SV=1	1	2	2	2	0	0	2	2
225	Q3U288	Q3U288	1	1	1	Zinc finger protein 710	Znf710	sp Q3U288 ZN710_MOUSE Zinc finger protein 710 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Znf710 PE=2 SV=1	1	1	1	1	0	0	0	0
226	Q3U5Q7	Q3U5Q7	4	4	4	UMP-CMP kinase 2, mitochondrial	Cmpk2	sp Q3U5Q7 CMPK2_MOUSE UMP-CMP kinase 2, mitochondrial OS=Mus musculus OX=10090 GN=Cmpk2 PE=1 SV=2	1	4	4	4	0	0	4	0
227	Q3U687;E9PXF7;D3Z6F0	Q3U687	3;1;1	1;0;0	1;0;0		2010002M12 Rik	tr Q3U687 Q3U687_MOUSE Interferon-induced protein with tetratricopeptide repeats 1B-like 2 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Ifit1b12 PE=1 SV=1	3	3	1	1	0	0	1	1
228	Q3UL97	Q3UL97	1	1	1	Activating transcription factor 7-interacting protein 2	Atf7ip2	sp Q3UL97 MCAF2_MOUSE Activating transcription factor 7-interacting protein 2 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Atf7ip2 PE=2 SV=1	1	1	1	1	0	0	1	0
229	Q3UPZ0	Q3UPZ0	1	1	1		Sema5a	tr Q3UPZ0 Q3UPZ0_MOUSE Sema domain, seven thrombospondin repeats (Type 1 and type 1-like), transmembrane domain (TM) and short cytoplasmic domain, (Semaphorin) 5A, isoform CRA_a OS=Mus musculus OX=10090 GN=Sema5a PE=1 SV=1	1	1	1	1	0	1	0	0

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
230	Q3UV17	Q3UV17	5	1	1	Keratin, type II cytoskeletal 2 oral	Krt76	sp Q3UV17 K22O_MOUSE Keratin, type II cytoskeletal 2 oral OS=Mus musculus OX=10090 GN=Krt76 PE=1 SV=1	1	5	1	1	3	3	4	5
231	Q3UV66	Q3UV66	1	1	1		Slfn4	tr Q3UV66 Q3UV66_MOUSE Schlafen 4 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Slfn4 PE=1 SV=1	1	1	1	1	0	1	0	0
232	Q3V089	Q3V089	1	1	1	RNA-binding protein 44	Rbm44	sp Q3V089 RBM44_MOUSE RNA-binding protein 44 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Rbm44 PE=1 SV=1	1	1	1	1	1	0	0	0
233	Q497P3	Q497P3	1	1	1	Nuclear transcriptional regulator 1-like protein	Nupr1l	sp Q497P3 NUPR2_MOUSE Nuclear protein 2 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Nupr2 PE=3 SV=1	1	1	1	1	0	0	1	1
234	Q4VBE4	Q4VBE4	1	1	1	Pikachurin	Egflam	sp Q4VBE4 EGFLA_MOUSE Pikachurin OS=Mus musculus OX=10090 GN=Egflam PE=1 SV=1	1	1	1	1	0	0	0	1
235	Q5PRF0	Q5PRF0	1	1	1	HEAT repeat-containing protein 5A	Heatr5a	sp Q5PRF0 HTR5A_MOUSE HEAT repeat-containing protein 5A OS=Mus musculus OX=10090 GN=Heatr5a PE=1 SV=2	1	1	1	1	0	1	0	0
236	Q5SXR6;Q68FD5;F6Z1R4	Q5SXR6;Q68FD5	17;17;1	17;17;1	17;17;1	Clathrin heavy chain;Clathrin heavy chain 1	Cltc	tr Q5SXR6 Q5SXR6_MOUSE Clathrin heavy chain OS=Mus musculus OX=10090 GN=Cltc PE=1 SV=1;sp Q68FD5 CLH1_MOUSE E Clathrin heavy chain 1 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Cltc PE=1 SV=3	3	17	17	17	1	0	12	6
237	Q61233	Q61233	2	2	2	Plastin-2	Lcp1	sp Q61233 PLSL_MOUSE Plastin-2 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Lcp1 PE=1 SV=4	1	2	2	2	1	1	2	1
238	Q61598;A0A1Y7VLG4;A0A1Y7VL99	Q61598;A0A1Y7VLG4;A0A1Y7VL99	2;1;1	2;1;1	2;1;1	Rab GDP dissociation inhibitor beta	Gdi2	sp Q61598 GDIB_MOUSE Rab GDP dissociation inhibitor beta OS=Mus musculus OX=10090 GN=Gdi2 PE=1 SV=1;tr A0A1Y7VLG4 A0A1Y7VLG4_MOUSE Rab GDP dissociation inhibitor (Fragment) OS=Mus musculus OX=10090 GN=Gdi2 PE=1 SV=1;tr A0A1Y7VL99 A0A1Y7VL99_MOUSE Rab GDP d	3	2	2	2	0	0	1	0

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
239	Q61781	Q61781	11	1	0	Keratin, type I cytoskeletal 14	Krt14	sp Q61781 K1C14_MOUSE Keratin, type I cytoskeletal 14 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Krt14 PE=1 SV=2	1	11	1	0	3	9	1	3
240	Q62167	Q62167	1	1	1	ATP-dependent RNA helicase DDX3X	Ddx3x	sp Q62167 DDX3X_MOUSE ATP-dependent RNA helicase DDX3X OS=Mus musculus OX=10090 GN=Ddx3x PE=1 SV=3	1	1	1	1	0	0	1	1
241	Q62210	Q62210	1	1	1	Baculoviral IAP repeat-containing protein 2	Birc2	sp Q62210 BIRC2_MOUSE Baculoviral IAP repeat-containing protein 2 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Birc2 PE=1 SV=1	1	1	1	1	0	0	1	0
242	Q62266	Q62266	1	1	1	Cornifin-A	Sprr1a	sp Q62266 SPR1A_MOUSE Cornifin-A OS=Mus musculus OX=10090 GN=Sprr1a PE=1 SV=1	1	1	1	1	0	1	0	0
243	Q62465	Q62465	4	4	4	Synaptic vesicle membrane protein VAT-1 homolog	Vat1	sp Q62465 VAT1_MOUSE Synaptic vesicle membrane protein VAT-1 homolog OS=Mus musculus OX=10090 GN=Vat1 PE=1 SV=3	1	4	4	4	0	0	1	2
244	Q64282	Q64282	4	4	2	Interferon-induced protein with tetratricopeptide repeats 1	Ifit1	sp Q64282 IFIT1_MOUSE Interferon-induced protein with tetratricopeptide repeats 1 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Ifit1 PE=1 SV=2	1	4	4	2	0	0	1	2
245	Q64339	Q64339	1	1	1	Ubiquitin-like protein ISG15	Isg15	sp Q64339 ISG15_MOUSE Ubiquitin-like protein ISG15 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Isg15 PE=1 SV=4	1	1	1	1	0	0	1	0
246	Z4YKW0;Q69Z61	Z4YKW0;Q69Z61	1;1	1;1	1;1	PWWP domain-containing protein 2A	Pwwp2a	tr Z4YKW0 Z4YKW0_MOUSE PWWP domain-containing protein 2A OS=Mus musculus OX=10090 GN=Pwwp2a PE=1 SV=1;sp Q69Z61 PWP2A_MOUSE PWWP domain-containing protein 2A OS=Mus musculus OX=10090 GN=Pwwp2a PE=2 SV=2	2	1	1	1	1	0	0	0
247	Q6P6J0	Q6P6J0	1	1	1	tRNA-specific adenosine deaminase 2	Adat2	sp Q6P6J0 ADAT2_MOUSE tRNA-specific adenosine deaminase 2 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Adat2 PE=1 SV=1	1	1	1	1	1	0	0	0
248	Q6UKZ0	Q6UKZ0	1	1	1		Serpnb3d	tr Q6UKZ0 Q6UKZ0_MOUSE MCG8992 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Serpnb3d PE=2 SV=1	1	1	1	1	0	0	1	0

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
249	Q6ZQ12	Q6ZQ12	1	1	1	Ninein-like protein	Ninl	sp Q6ZQ12 NINL_MOUSE Ninein-like protein OS=Mus musculus OX=10090 GN=Ninl PE=1 SV=3	1	1	1	1	0	0	0	0
250	Q6ZQ38	Q6ZQ38	1	1	1	Cullin-associated NEDD8-dissociated protein 1	Cand1	sp Q6ZQ38 CAND1_MOUSE Cullin-associated NEDD8-dissociated protein 1 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Cand1 PE=1 SV=2	1	1	1	1	0	0	1	1
251	Q6ZQH8	Q6ZQH8	1	1	1	Nucleoporin NUP188 homolog	Nup188	sp Q6ZQH8 NU188_MOUSE Nucleoporin NUP188 homolog OS=Mus musculus OX=10090 GN=Nup188 PE=1 SV=2	1	1	1	1	1	0	0	0
252	Q769J6;A2ALB3	Q769J6;A2ALB3	2;1	2;1	2;1	A disintegrin and metalloproteinase with thrombospondin motifs 13	Adamts13	sp Q769J6 ATS13_MOUSE A disintegrin and metalloproteinase with thrombospondin motifs 13 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Adamts13 PE=1 SV=1;tr A2ALB3 A2ALB3_MOUSE A disintegrin and metalloproteinase with thrombospondin motifs 13 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Adam PE=1 SV=1	2	2	2	2	1	0	1	0
253	Q792Z1	Q792Z1	1	1	1		Try10	tr Q792Z1 Q792Z1_MOUSE MCG140784 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Try10 PE=1 SV=1	1	1	1	1	1	1	1	0
254	Q7TS73	Q7TS73	1	1	1	Filamin-interacting protein FAM101A	Fam101a	sp Q7TS73 RFLA_MOUSE Refilin-A OS=Mus musculus OX=10090 GN=Rflna PE=1 SV=1	1	1	1	1	0	0	0	0
255	Q80X90	Q80X90	1	1	1	Filamin-B	Flnb	sp Q80X90 FLNB_MOUSE Filamin-B OS=Mus musculus OX=10090 GN=Flnb PE=1 SV=3	1	1	1	1	1	0	0	0
256	Q80ZS3	Q80ZS3	1	1	1	28S ribosomal protein S26, mitochondrial	Mrps26	sp Q80ZS3 RT26_MOUSE 28S ribosomal protein S26, mitochondrial OS=Mus musculus OX=10090 GN=Mrps26 PE=1 SV=1	1	1	1	1	0	0	1	0
257	Q8BFR5;A0A0U1RNQ6;A0A0U1RPC4	Q8BFR5;A0A0U1RNQ6	6;4;1	6;4;1	6;4;1	Elongation factor Tu, mitochondrial	Tufm	sp Q8BFR5 EFTU_MOUSE Elongation factor Tu, mitochondrial OS=Mus musculus OX=10090 GN=Tufm PE=1 SV=1;tr A0A0U1RNQ6 A0A0U1RNQ6_MOUSE Elongation factor Tu, mitochondrial (Fragment) OS=Mus musculus OX=10090 GN=Tufm PE=1 SV=1	3	6	6	6	0	0	3	1

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
258	Q8BFX0	Q8BFX0	1	1	1		Polr2k	tr Q8BFX0 Q8BFX0_MOUSE DNA-directed RNA polymerases I, II, and III subunit RPABC4 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Polr2k PE=1 SV=1	1	1	1	1	0	0	0	0
259	Q8BFZ3	Q8BFZ3	5	1	1	Beta-actin-like protein 2	Actbl2	sp Q8BFZ3 ACTBL_MOUSE Beta-actin-like protein 2 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Actbl2 PE=1 SV=1	1	5	1	1	0	3	4	3
260	Q8BGL3	Q8BGL3	1	1	1	Sulfotransferas e	2810007J24R ik	tr Q8BGL3 Q8BGL3_MOUSE Sulfotransferase OS=Mus musculus OX=10090 GN=Sult2a8 PE=1 SV=1	1	1	1	1	0	0	1	0
261	Q8BH35	Q8BH35	1	1	1	Complement component C8 beta chain	C8b	sp Q8BH35 CO8B_MOUSE Complement component C8 beta chain OS=Mus musculus OX=10090 GN=C8b PE=1 SV=1	1	1	1	1	0	0	0	0
262	Q8BIJ7	Q8BIJ7	1	1	1	RUN and FYVE domain- containing protein 1	Rufy1	sp Q8BIJ7 RUFY1_MOUSE RUN and FYVE domain- containing protein 1 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Rufy1 PE=1 SV=1	1	1	1	1	0	0	0	0
263	Q8BLF1	Q8BLF1	1	1	1	Neutral cholesterol ester hydrolase	Nceh1	sp Q8BLF1 NCEH1_MOUSE Neutral cholesterol ester hydrolase 1 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Nceh1 PE=1 SV=1	1	1	1	1	0	0	1	0
264	Q8BMN7;Q8C FB4	Q8BMN7;Q8CFB 4	3;3	3;3	3;3	Guanylate- binding protein	Gbp5	tr Q8BMN7 Q8BMN7_MOUSE Guanylate-binding protein 5 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Gbp5 PE=1 SV=1;sp Q8CFB4 GBP5_MOUS E Guanylate-binding protein 5 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Gbp5 PE=1 SV=2	2	3	3	3	0	0	1	1
265	Q8BNQ4;Q8C 5J0;Q9D2H6	Q8BNQ4;Q8C5J0 ;Q9D2H6	1;1;1	1;1;1	1;1;1	Transcription factor Sp2	Sp2	tr Q8BNQ4 Q8BNQ4_MOUSE Transcription factor Sp2 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Sp2 PE=1 SV=1;tr Q8C5J0 Q8C5J0_MOU SE Transcription factor Sp2 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Sp2 PE=1 SV=1;sp Q9D2H6 SP2_MOUSE Transcription factor Sp2 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Sp2	3	1	1	1	0	0	0	0

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
266	Q8BR37	Q8BR37	1	1	1	E3 ubiquitin-protein ligase NHLRC1	Nhlrc1	sp Q8BR37 NHLRC1_MOUSE E3 ubiquitin-protein ligase NHLRC1 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Nhlrc1 PE=2 SV=1	1	1	1	1	0	1	0	0
267	Q8BT60	Q8BT60	1	1	1	Copine-3	Cpne3	sp Q8BT60 CPNE3_MOUSE Copine-3 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Cpne3 PE=1 SV=2	1	1	1	1	0	0	0	0
268	Q8BVA0;Q99P91	Q8BVA0;Q99P91	1;1	1;1	1;1	Transmembrane glycoprotein NMB	Gpnmb	tr Q8BVA0 Q8BVA0_MOUSE Transmembrane glycoprotein NMB OS=Mus musculus OX=10090 GN=Gpnmb PE=1 SV=1;sp Q99P91 GPNMB_MOUSE Transmembrane glycoprotein NMB OS=Mus musculus OX=10090 GN=Gpnmb PE=1 SV=2	2	1	1	1	1	0	0	0
269	Q8BVN8	Q8BVN8	1	1	1	Axonemal dynein light intermediate polypeptide 1	Dnali1	sp Q8BVN8 IDL1_MOUSE Axonemal dynein light intermediate polypeptide 1 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Dnali1 PE=1 SV=1	1	1	1	1	0	0	1	0
270	Q8BW70	Q8BW70	1	1	1	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 38	Usp38	sp Q8BW70 UBP38_MOUSE Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 38 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Usp38 PE=1 SV=2	1	1	1	1	0	1	0	0
271	Q8BZQ2	Q8BZQ2	1	1	1	Cysteine-rich secretory protein LCCL domain-containing 2	Crispld2	sp Q8BZQ2 CRLD2_MOUSE Cysteine-rich secretory protein LCCL domain-containing 2 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Crispld2 PE=1 SV=1	1	1	1	1	1	0	1	0
272	Q8COD9	Q8COD9	1	1	1	Centrosomal protein of 68 kDa	Cep68	sp Q8COD9 CEP68_MOUSE Centrosomal protein of 68 kDa OS=Mus musculus OX=10090 GN=Cep68 PE=1 SV=2	1	1	1	1	0	1	0	0
273	Q8COQ4	Q8COQ4	1	1	1	Serine/threonine-protein kinase Nek11	Nek11	sp Q8COQ4 NEK11_MOUSE Serine/threonine-protein kinase Nek11 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Nek11 PE=2 SV=2	1	1	1	1	0	1	0	0
274	Q8C156	Q8C156	1	1	1	Condensin complex subunit 2	Ncaph	sp Q8C156 CND2_MOUSE Condensin complex subunit 2 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Ncaph PE=1 SV=1	1	1	1	1	0	1	0	0
275	Q8CBB9	Q8CBB9	1	1	1	Radical S-adenosyl methionine domain-containing protein 2	Rsad2	sp Q8CBB9 RSAD2_MOUSE Radical S-adenosyl methionine domain-containing protein 2 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Rsad2 PE=1 SV=1	1	1	1	1	0	0	1	0

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
276	Q8CBC6	Q8CBC6	1	1	1	Leucine-rich repeat neuronal protein 3	Lrrn3	sp Q8CBC6 LRRN3_MOUSE Leucine-rich repeat neuronal protein 3 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Lrrn3 PE=2 SV=1	1	1	1	1	0	0	0	0
277	Q8CIM8	Q8CIM8	1	1	1	Integrator complex subunit 4	Ints4	sp Q8CIM8 INT4_MOUSE Integrator complex subunit 4 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Ints4 PE=1 SV=1	1	1	1	1	1	0	0	0
278	Q8K1B8	Q8K1B8	2	2	2	Fermitin family homolog 3	Fermt3	sp Q8K1B8 URP2_MOUSE Fermitin family homolog 3 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Fermt3 PE=1 SV=1	1	2	2	2	0	0	0	2
279	Q8R4B8	Q8R4B8	1	1	1	NACHT, LRR and PYD domains-containing protein 3	Nlrp3	sp Q8R4B8 NLRP3_MOUSE NACHT, LRR and PYD domains-containing protein 3 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Nlrp3 PE=1 SV=1	1	1	1	1	0	0	0	1
280	Q8R5F7	Q8R5F7	1	1	1	Interferon-induced helicase C domain-containing	Ifih1	sp Q8R5F7 IFIH1_MOUSE Interferon-induced helicase C domain-containing protein 1 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Ifih1 PE=1 SV=1	1	1	1	1	0	0	1	0
281	Q8VDD5	Q8VDD5	2	2	2	Myosin-9	Myh9	sp Q8VDD5 MYH9_MOUSE Myosin-9 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Myh9 PE=1 SV=4	1	2	2	2	1	1	0	1
282	Q8VDM4	Q8VDM4	1	1	1	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 2	Psm2	sp Q8VDM4 PSMD2_MOUSE 26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 2 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Psm2 PE=1 SV=1	1	1	1	1	0	0	0	1
283	Q8VDN4	Q8VDN4	1	1	1	Coiled-coil domain-containing protein 92	Ccdc92	sp Q8VDN4 CCD92_MOUSE Coiled-coil domain-containing protein 92 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Ccdc92 PE=1 SV=1	1	1	1	1	0	0	0	1
284	Q8VEB1	Q8VEB1	1	1	1	G protein-coupled receptor kinase 5	Grk5	sp Q8VEB1 GRK5_MOUSE G protein-coupled receptor kinase 5 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Grk5 PE=1 SV=2	1	1	1	1	0	1	0	0
285	Q91VR5	Q91VR5	1	1	1	ATP-dependent RNA helicase	Ddx1	sp Q91VR5 DDX1_MOUSE ATP-dependent RNA helicase DDX1 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Ddx1 PE=1 SV=1	1	1	1	1	0	0	1	1
286	Q91WK2	Q91WK2	1	1	1	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit H	Eif3h	sp Q91WK2 EIF3H_MOUSE Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit H OS=Mus musculus OX=10090 GN=Eif3h PE=1 SV=1	1	1	1	1	1	0	0	0

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
287	Q91WL0	Q91WL0	1	1	1	Epidermal growth factor receptor kinase substrate 8-like protein 3	Eps8l3	sp Q91WL0 ESL3_MOUSE Epidermal growth factor receptor kinase substrate 8-like protein 3 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Eps8l3 PE=2 SV=1	1	1	1	1	0	0	0	0
288	Q91WR3	Q91WR3	1	1	1	Activating signal cointegrator 1 complex subunit 2	Ascc2	sp Q91WR3 ASCC2_MOUSE Activating signal cointegrator 1 complex subunit 2 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Ascc2 PE=1 SV=1	1	1	1	1	0	0	0	1
289	Q91YR5	Q91YR5	1	1	1	Methyltransferase-like protein 13	Mettl13	sp Q91YR5 MET13_MOUSE Methyltransferase-like protein 13 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Mettl13 PE=1 SV=1	1	1	1	1	0	0	0	0
290	Q91Z40	Q91Z40	1	1	1		Gbp7	tr Q91Z40 Q91Z40_MOUSE Gbp6 protein OS=Mus musculus OX=10090 GN=Gbp7 PE=1 SV=2	1	1	1	1	1	0	0	1
291	Q99JY9;A0A087WRA1;A0A087WQ83;A0A087WS98;A0A087WP86;A0A087WQ14;Q641P0	Q99JY9;A0A087WRA1	3;2;1;1;1;1;1	3;2;1;1;1;1;1	3;2;1;1;1;1;1	Actin-related protein 3	Actr3	sp Q99JY9 ARP3_MOUSE Actin-related protein 3 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Actr3 PE=1 SV=3;tr A0A087WRA1 A0A087WRA1_MOUSE Actin-related protein 3 (Fragment) OS=Mus musculus OX=10090 GN=Actr3 PE=1 SV=1	7	3	3	3	0	0	3	2
292	Q99ML4	Q99ML4	1	1	1	Protein FAM69B	Fam69b	sp Q99ML4 DIK1B_MOUSE Divergent protein kinase domain 1B OS=Mus musculus OX=10090 GN=Dipk1b PE=1 SV=1	1	1	1	1	0	0	0	1
293	Q99MR9	Q99MR9	1	1	1	Protein phosphatase 1 regulatory subunit 3A	Ppp1r3a	sp Q99MR9 PPR3A_MOUSE Protein phosphatase 1 regulatory subunit 3A OS=Mus musculus OX=10090 GN=Ppp1r3a PE=1 SV=2	1	1	1	1	0	0	1	0
294	Q99MW3	Q99MW3	1	1	1		Pramel1	sp Q99MW3 PRAL1_MOUSE Preferentially expressed antigen in melanoma-like protein 1 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Pramel1 PE=1 SV=1	1	1	1	1	0	0	0	0
295	Q99N69	Q99N69	1	1	1	Leupaxin	Lpxn	sp Q99N69 LPXN_MOUSE Leupaxin OS=Mus musculus OX=10090 GN=Lpxn PE=1 SV=2	1	1	1	1	0	0	0	1
296	Q99PT1	Q99PT1	1	1	1	Rho GDP-dissociation inhibitor 1	Arhgdia	sp Q99PT1 GDIR1_MOUSE Rho GDP-dissociation inhibitor 1 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Arhgdia PE=1 SV=3	1	1	1	1	0	0	1	0

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	
297	Q9CPN9	Q9CPN9	1	1	1		2210010C04 Rik	tr Q9CPN9 Q9CPN9_MOUSE RIKEN cDNA 2210010C04 gene OS=Mus musculus OX=10090 GN=2210010C04Rik PE=1 SV=1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
298	Q9CQI6	Q9CQI6	1	1	1	Coactosin-like protein	Cotl1	sp Q9CQI6 COTL1_MOUSE Coactosin-like protein OS=Mus musculus OX=10090 GN=Cotl1 PE=1 SV=3	1	1	1	1	0	0	1	0	0
299	Q9D5T2	Q9D5T2	1	1	1		4921524L21R ik	tr Q9D5T2 Q9D5T2_MOUSE MCG15536 OS=Mus musculus OX=10090 GN=4921524L21Rik PE=2 SV=1	1	1	1	1	0	0	0	0	1
300	Q9D5T7	Q9D5T7	1	1	1	HORMA domain- containing protein 1	Hormad1	sp Q9D5T7 HORM1_MOUSE HORMA domain-containing protein 1 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Hormad1 PE=1 SV=1	1	1	1	1	0	0	0	0	0
301	Q9D6K8	Q9D6K8	1	1	1	FUN14 domain- containing protein 2	Fundc2	sp Q9D6K8 FUND2_MOUSE FUN14 domain-containing protein 2 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Fundc2 PE=1 SV=1	1	1	1	1	0	1	1	1	0
302	Q9D8B7	Q9D8B7	1	1	1	Junctional adhesion molecule C	Jam3	sp Q9D8B7 JAM3_MOUSE Junctional adhesion molecule C OS=Mus musculus OX=10090 GN=Jam3 PE=1 SV=2	1	1	1	1	1	0	0	0	0
303	Q9DBC7	Q9DBC7	1	1	1	cAMP- dependent protein kinase type I-alpha regulatory subunit;cAMP-	Prkar1a	sp Q9DBC7 KAP0_MOUSE cAMP-dependent protein kinase type I-alpha regulatory subunit OS=Mus musculus OX=10090 GN=Prkar1a PE=1 SV=3	1	1	1	1	0	0	1	0	
304	Q9DBU5	Q9DBU5	1	1	1	E3 ubiquitin- protein ligase RNF6	Rnf6	sp Q9DBU5 RNF6_MOUSE E3 ubiquitin-protein ligase RNF6 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Rnf6 PE=1 SV=1	1	1	1	1	0	1	0	0	0
305	Q9DCD0	Q9DCD0	7	7	7	6- phosphoglucon ate dehydrogenase , decarboxylatin	Pgd	sp Q9DCD0 6PGD_MOUSE 6- phosphogluconate dehydrogenase, decarboxylating OS=Mus musculus OX=10090 GN=Pgd PE=1 SV=3	1	7	7	7	0	0	5	6	
306	Q9DCH4	Q9DCH4	1	1	1	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit F	Eif3f	sp Q9DCH4 EIF3F_MOUSE Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit F OS=Mus musculus OX=10090 GN=Eif3f PE=1 SV=2	1	1	1	1	0	0	0	0	0

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
307	Q9EQH3	Q9EQH3	3	3	3	Vacuolar protein sorting-associated protein 35	Vps35	sp Q9EQH3 VPS35_MOUSE Vacuolar protein sorting-associated protein 35 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Vps35 PE=1 SV=1	1	3	3	3	0	0	1	1
308	Q9ESY9	Q9ESY9	1	1	1	Gamma-interferon-inducible lysosomal thiol reductase	lfi30	sp Q9ESY9 GILT_MOUSE Gamma-interferon-inducible lysosomal thiol reductase OS=Mus musculus OX=10090 GN=lfi30 PE=1 SV=3	1	1	1	1	0	0	1	0
309	Q9JHU4	Q9JHU4	2	2	2	Cytoplasmic dynein 1 heavy chain 1	Dync1h1	sp Q9JHU4 DYHC1_MOUSE Cytoplasmic dynein 1 heavy chain 1 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Dync1h1 PE=1 SV=2	1	2	2	2	0	0	1	1
310	Q9JHY3	Q9JHY3	1	1	1	WAP four-disulfide core domain protein 12	Wfdc12	sp Q9JHY3 WFD12_MOUSE WAP four-disulfide core domain protein 12 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Wfdc12 PE=2 SV=1	1	1	1	1	0	0	0	0
311	Q9JKF1	Q9JKF1	6	6	6	Ras GTPase-activating-like protein IQGAP1	lqgap1	sp Q9JKF1 IQGA1_MOUSE Ras GTPase-activating-like protein IQGAP1 OS=Mus musculus OX=10090 GN=lqgap1 PE=1 SV=2	1	6	6	6	0	1	3	1
312	Q9JL04	Q9JL04	1	1	1	Formin-2	Fmn2	sp Q9JL04 FMN2_MOUSE Formin-2 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Fmn2 PE=1 SV=2	1	1	1	1	0	0	1	0
313	Q9JLB9	Q9JLB9	1	1	1	Nectin-3	Pvr13	sp Q9JLB9 NECT3_MOUSE Nectin-3 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Nectin3 PE=1 SV=1	1	1	1	1	1	0	0	0
314	Q9R0T7;Q9QUK9	Q9R0T7;Q9QUK9	1;1	1;1	1;1		Try4;Try5	tr Q9R0T7 Q9R0T7_MOUSE MCG15085 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Try4 PE=1 SV=1;tr Q9QUK9 Q9QUK9_MOUSE MCG15083 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Try5 PE=1 SV=1	2	1	1	1	0	0	0	0
315	Q9QZM4	Q9QZM4	1	1	1	Tumor necrosis factor receptor superfamily member 10B	Tnfrsf10b	sp Q9QZM4 TR10B_MOUSE Tumor necrosis factor receptor superfamily member 10B OS=Mus musculus OX=10090 GN=Tnfrsf10b PE=2 SV=3	1	1	1	1	0	1	0	0
316	Q9WTJ2	Q9WTJ2	1	1	1	Putative transcription factor Ovo-like 1	Ovol1	sp Q9WTJ2 OVOL1_MOUSE Putative transcription factor Ovo-like 1 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Ovol1 PE=2 SV=1	1	1	1	1	0	0	0	0
317	Q9WUM4	Q9WUM4	1	1	1	Coronin-1C	Coro1c	sp Q9WUM4 COR1C_MOUSE Coronin-1C OS=Mus musculus OX=10090 GN=Coro1c PE=1 SV=2	1	1	1	1	0	0	1	0

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
318	Q9Z0E6	Q9Z0E6	2	2	2	Interferon-induced guanylate-binding protein 2	Gbp2	sp Q9Z0E6 GBP2_MOUSE Guanylate-binding protein 2 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Gbp2 PE=1 SV=1	1	2	2	2	0	0	1	1
319	Q9Z0Y7	Q9Z0Y7	1	1	1	Insulin receptor substrate 4	Irs4	sp Q9Z0Y7 IRS4_MOUSE Insulin receptor substrate 4 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Irs4 PE=1 SV=2	1	1	1	1	0	1	0	0
320	Q9Z1Q5	Q9Z1Q5	1	1	1	Chloride intracellular channel protein 1	Clic1	sp Q9Z1Q5 CLIC1_MOUSE Chloride intracellular channel protein 1 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Clic1 PE=1 SV=3	1	1	1	1	0	0	1	1
321	Q9Z1R9	Q9Z1R9	1	1	1		Prss1	tr Q9Z1R9 Q9Z1R9_MOUSE MCG124046 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Prss1 PE=1 SV=1	1	1	1	1	0	1	1	1
322	Q9Z1S0	Q9Z1S0	1	1	1	Mitotic checkpoint serine/threonine-protein kinase BUB1 beta	Bub1b	sp Q9Z1S0 BUB1B_MOUSE Mitotic checkpoint serine/threonine-protein kinase BUB1 beta OS=Mus musculus OX=10090 GN=Bub1b PE=1 SV=2	1	1	1	1	1	0	0	0
323	REV_A0A087WP74;REV_Q5DTW7	REV_A0A087WP74;REV_Q5DTW7	1;1	1;1	1;1			tr A0A087WP74 A0A087WP74_MOUSE Retroelement silencing factor 1 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Resf1 PE=1 SV=1;sp Q5DTW7 K1551_MOUSE Uncharacterized protein KIAA1551 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Kiaa1551 PE=1 SV=2	2	1	1	1	0	0	0	1
324	REV_F6YX19;REV_A0A087WSN5;REV_Q99LV7;REV_F7DFD7	REV_F6YX19;REV_A0A087WSN5;REV_Q99LV7;REV_F7DFD7	1;1;1;1	1;1;1;1	1;1;1;1			tr F6YX19 F6YX19_MOUSE Phosphatidylinositol-glycan biosynthesis class X protein OS=Mus musculus OX=10090 GN=Pigx PE=1 SV=1;tr A0A087WSN5 A0A087WSN5_MOUSE Phosphatidylinositol-glycan biosynthesis class X protein OS=Mus musculus OX=10090 GN=Pigx PE=1 SV=1;sp	4	1	1	1	0	0	0	0

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
325	REV_P51174; REV_A0A0R4 J083	REV_P51174;RE V__A0A0R4J083	1;1	1;1	1;1			sp P51174 ACADL_MOUSE Long-chain specific acyl-CoA dehydrogenase, mitochondrial OS=Mus musculus OX=10090 GN=Acadl PE=1 SV=2;tr A0A0R4J083 A0A0R4J 083_MOUSE Long-chain- specific acyl-CoA dehydrogenase, mitochondrial OS=Mus musculus OX=10090 GN=Acadl PE=1 SV=1	2	1	1	1	1	0	0	0
326	REV_A0A140 LIN9;REV_Q8 BW94;REV_A 0A140LI99;RE V__E9Q0T8;R EV_A0A087 WR13;REV_L 7N1Y0	REV_A0A140LI N9;REV_Q8BW 94;REV__A0A14 0LI99;REV__E9Q 0T8;REV_A0A0 87WR13;REV_L 7N1Y0	2;2;1;1;1;1	2;2;1;1;1;1	2;2;1;1;1;1			tr A0A140LIN9 A0A140LIN9_ MOUSE Dynein heavy chain 3, axonemal OS=Mus musculus OX=10090 GN=Dnah3 PE=1 SV=2;sp Q8BW94 DYH3_MOU SE Dynein heavy chain 3, axonemal OS=Mus musculus OX=10090 GN=Dnah3 PE=1 SV=2;tr A0A140LI99 A0A140LI 99_MOUSE Dynein heavy chain 3, a	6	2	2	2	0	0	0	1
327	REV_A0A1L1 SR77;REV_D 3YYM4	REV_A0A1L1SR 77;REV_D3YYM 4	1;1	1;1	1;1			tr A0A1L1SR77 A0A1L1SR77_ MOUSE WD repeat-containing protein 72 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Wdr72 PE=1 SV=1;sp D3YYM4 WDR72_MO USE WD repeat-containing protein 72 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Wdr72 PE=1 SV=1	2	1	1	1	0	0	0	1
328	REV_Q9D2Z8 ;REV_A0A1Y 7VK29	REV_Q9D2Z8;R EV_A0A1Y7VK2 9	1;1	1;1	1;1			sp Q9D2Z8 KIF12_MOUSE Kinesin-like protein KIF12 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Kif12 PE=1 SV=1;tr A0A1Y7VK29 A0A1Y7 VK29_MOUSE Kinesin-like protein OS=Mus musculus OX=10090 GN=Kif12 PE=1 SV=1	2	1	1	1	0	0	0	0
329	REV_A2A9T1	REV_A2A9T1		1	1	1		tr A2A9T1 A2A9T1_MOUSE TANK-binding kinase 1-binding protein 1 (Fragment) OS=Mus musculus OX=10090 GN=Tbkbp1 PE=1 SV=1	1	1	1	1	0	0	0	1
330	REV_A2AKS7	REV_A2AKS7		1	1	1		tr A2AKS7 A2AKS7_MOUSE Cadherin 17, isoform CRA_a OS=Mus musculus OX=10090 GN=Cdh17 PE=1 SV=1	1	1	1	1	0	0	0	1

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
331	REV_A2BFU6 ;REV_A2AR W3;REV_E9 QAG4	REV_A2BFU6;R EV_A2ARW3;R EV_E9QAG4	1;1;1	1;1;1	1;1;1			tr A2BFU6 A2BFU6_MOUSE Predicted gene 14406 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Gm14406 PE=4 SV=1;tr A2ARW3 A2ARW3_M OUSE Predicted gene 14444 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Gm14444 PE=4 SV=1;tr E9QAG4 E9QAG4_MO USE RIKEN cDNA 4930522L14 gene OS=Mus musculus OX=10090 G	3	1	1	1	0	0	1	0
332	REV_A2AV75	REV_A2AV75	1	1	1			tr A2AV75 A2AV75_MOUSE Bcl-2-modifying factor OS=Mus musculus OX=10090 GN=Bmf PE=4 SV=1	1	1	1	1	0	0	0	0
333	REV_P52332; REV_B1ASP2	REV_P52332;RE V_B1ASP2	1;1	1;1	1;1			sp P52332 JAK1_MOUSE Tyrosine-protein kinase JAK1 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Jak1 PE=1 SV=1;tr B1ASP2 B1ASP2_MOU SE Tyrosine-protein kinase OS=Mus musculus OX=10090 GN=Jak1 PE=1 SV=1	2	1	1	1	0	1	0	0
334	REV_D3YU59 ;REV_D3Z58 9;REV_Q3UH 68;REV_D3Y U22	REV_D3YU59;R EV_D3Z589;RE V_Q3UH68;REV _D3YU22	1;1;1;1	1;1;1;1	1;1;1;1			tr D3YU59 D3YU59_MOUSE LIM and calponin homology domains-containing protein 1 (Fragment) OS=Mus musculus OX=10090 GN=Limch1 PE=1 SV=2;tr D3Z589 D3Z589_MOU SE LIM and calponin homology domains-containing protein 1 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Limch1 PE=1 SV=2	4	1	1	1	0	0	0	0
335	REV_D3YX34 ;REV_E9Q58 6;REV_E9Q3 M3;REV_O08 788	REV_D3YX34;R EV_E9Q586;RE V_E9Q3M3;RE V_O08788	1;1;1;1	1;1;1;1	1;1;1;1			tr D3YX34 D3YX34_MOUSE Dynactin subunit 1 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Dctn1 PE=1 SV=1;tr E9Q586 E9Q586_MO USE Dynactin subunit 1 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Dctn1 PE=1 SV=1;tr E9Q3M3 E9Q3M3_M OUSE Dynactin subunit 1 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Dctn1 PE=1 SV=	4	1	1	1	1	0	0	0

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
336	REV_D3YXP6 ;REV_Q9D1G2	REV_D3YXP6;R EV_Q9D1G2	1;1	1;1	1;1			tr D3YXP6 D3YXP6_MOUSE Phosphomevalonate kinase OS=Mus musculus OX=10090 GN=Pmvk PE=1 SV=1;sp Q9D1G2 PMVK_MOU SE Phosphomevalonate kinase OS=Mus musculus OX=10090 GN=Pmvk PE=1 SV=3	2	1	1	1	0	0	1	0
337	REV_D3YZU5 ;REV_D3YZU4;REV_D3YZU1	REV_D3YZU5;R EV_D3YZU4;RE V_D3YZU1	1;1;1	1;1;1	1;1;1			tr D3YZU5 D3YZU5_MOUSE SH3 and multiple ankyrin repeat domains protein 1 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Shank1 PE=1 SV=1;tr D3YZU4 D3YZU4_MO USE SH3 and multiple ankyrin repeat domains protein 1 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Shank1 PE=1 SV=1;sp D3YZU1 SHAN1_MO US	3	1	1	1	0	1	0	0
338	REV_D3ZY9 ;REV_Q9D417	REV_D3ZY9;R EV_Q9D417	1;1	1;1	1;1			tr D3ZY9 D3ZY9_MOUSE F- box only protein 24 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Fbxo24 PE=4 SV=1;sp Q9D417 FBX24_MOU SE F-box only protein 24 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Fbxo24 PE=2 SV=1	2	1	1	1	0	1	0	0
339	REV_D3Z3W9;REV_F8VQ94	REV_D3Z3W9;R EV_F8VQ94	1;1	1;1	1;1			tr D3Z3W9 D3Z3W9_MOUSE Paired-Ig-like receptor A2 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Pira2 PE=4 SV=1;tr F8VQ94 F8VQ94_MO USE Paired-Ig-like receptor A2 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Pira2 PE=4 SV=1	2	1	1	1	1	0	0	0
340	REV_D3Z5G2	REV_D3Z5G2	1	1	1			tr D3Z5G2 D3Z5G2_MOUSE Solute carrier family 25 member 45 (Fragment) OS=Mus musculus OX=10090 GN=Slc25a45 PE=1 SV=1	1	1	1	1	0	0	1	1
341	REV_E9Q776 ;REV_E9PY14;REV_E9Q3P4	REV_E9Q776;R EV_E9PY14;REV _E9Q3P4	1;1;1	1;1;1	1;1;1			tr E9Q776 E9Q776_MOUSE Centromere protein F OS=Mus musculus OX=10090 GN=Cenpf PE=1 SV=1;tr E9PY14 E9PY14_MOU SE Centromere protein F (Fragment) OS=Mus musculus OX=10090 GN=Cenpf PE=1 SV=1;tr E9Q3P4 E9Q3P4_MO USE Centromere protein F OS=Mus musculus OX=10090	3	1	1	1	0	0	0	0

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
342	REV_E9Q2B0 ;REV_Q8BM Q2	REV_E9Q2B0;R EV_Q8BMQ2	1;1	1;1	1;1			tr E9Q2B0 E9Q2B0_MOUSE General transcription factor 3C polypeptide 4 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Gtf3c4 PE=1 SV=1;sp Q8BMQ2 TF3C4_MO USE General transcription factor 3C polypeptide 4 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Gtf3c4 PE=1 SV=2	2	1	1	1	0	1	0	0
343	REV_Q8R4Y4 ;REV_G3X97 3	REV_Q8R4Y4;R EV_G3X973	1;1	1;1	1;1			sp Q8R4Y4 STAB1_MOUSE Stabilin-1 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Stab1 PE=1 SV=1;tr G3X973 G3X973_MO USE Stabilin 1, isoform CRA_a OS=Mus musculus OX=10090 GN=Stab1 PE=1 SV=1	2	1	1	1	1	0	0	0
344	REV_Q8BU6 1;REV_Q5SW K7	REV_Q8BU61;R EV_Q5SWK7	1;1	1;1	1;1			tr Q8BU61 Q8BU61_MOUSE RING finger protein 145 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Rnf145 PE=1 SV=1;sp Q5SWK7 RN145_MO USE RING finger protein 145 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Rnf145 PE=1 SV=1	2	1	1	1	0	0	1	0
345	REV_Q6UJY2	REV_Q6UJY2		1	1	1		sp Q6UJY2 SL9C1_MOUSE Sodium/hydrogen exchanger 10 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Slc9c1 PE=1 SV=3	1	1	1	1	0	1	0	0
346	REV_V9GXW 2;REV_Q8OV 31	REV_V9GXW2; REV_Q8OV31	1;1	1;1	1;1			tr V9GXW2 V9GXW2_MOUSE Centrosomal protein of 104 kDa (Fragment) OS=Mus musculus OX=10090 GN=Cep104 PE=1 SV=1;sp Q8OV31 CE104_MO SE Centrosomal protein of 104 kDa OS=Mus musculus OX=10090 GN=Cep104 PE=1 SV=1	2	1	1	1	0	0	0	0
347	REV_Q925J9	REV_Q925J9		1	1	1		sp Q925J9 MED1_MOUSE Mediator of RNA polymerase II transcription subunit 1 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Med1 PE=1 SV=2	1	1	1	1	0	0	0	1
348	REV_Q9ZOM 1	REV_Q9ZOM1		1	1	1		sp Q9ZOM1 KLK4_MOUSE Kallikrein-4 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Klk4 PE=1 SV=1	1	1	1	1	0	1	0	0

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P
349	REV_Q9Z1B3	REV_Q9Z1B3	1	1	1			sp Q9Z1B3 PLCB1_MOUSE 1-phosphatidylinositol 4,5-bisphosphate phosphodiesterase beta-1 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Plcb1 PE=1 SV=2	1	1	1	1	0	0	0	0

	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AB	AC	AD	AE	AF	AG	AH	AI
	Peptides WT2 LPS NLRP3 IP	Peptides WT2 LPS- ATP NLRP3 IP	Razor + unique peptides WT Pooled LPS IgG	Razor + unique peptides WT Pooled LPS_ATP IgG	Razor + unique peptides WT1 LPS NLRP3 IP	Razor + unique peptides WT1 LPS- ATP NLRP3 IP	Razor + unique peptides WT2 LPS NLRP3 IP	Razor + unique peptides WT2 LPS- ATP NLRP3 IP	Unique peptides WT Pooled LPS_ATP IgG	Unique peptides WT Pooled LPS_IgG	Unique peptides WT1 LPS NLRP3 IP	Unique peptides WT1 LPS- ATP NLRP3 IP	Unique peptides WT2 LPS NLRP3 IP	Unique peptides WT2 LPS- ATP NLRP3 IP	Sequence coverage [%]	Unique + razor sequence coverage [%]	Unique sequence coverage [%]	Mol. weight [kDa]	Sequence length
1																			
2	1	1	0	0	1	1	1	1	0	0	1	1	1	1	12.8	12.8	12.8	13.232	117
3	0	0	2	2	0	0	0	0	2	2	0	0	0	0	15	15	15	10.976	100
4	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	7.3	7.3	7.3	13.821	123
5	0	0	1	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	32.7	5.2	5.2	35.633	324

	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AB	AC	AD	AE	AF	AG	AH	AI
6	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1.2	1.2	1.2	101.17	899
7	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	9.6	9.6	9.6	20.162	178
8	4	2	0	1	2	2	4	2	0	1	2	2	4	2	17.9	17.9	17.9	29.939	280
9	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	27.4	27.4	27.4	8.4926	73

	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AB	AC	AD	AE	AF	AG	AH	AI
10	1	3	0	0	2	1	1	3	0	0	2	1	1	3	49.4	49.4	49.4	8.7279	77
11	2	1	0	0	0	1	2	1	0	0	0	1	2	1	20	20	20	18.475	160
12	0	0	1	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	8.5	8.5	8.5	12.953	117

	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AB	AC	AD	AE	AF	AG	AH	AI
13	7	6	0	1	8	7	7	6	0	1	8	7	7	6	38.5	38.5	38.5	36.407	335
14	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	5.9	5.9	5.9	26.568	239
15	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	22.6	22.6	22.6	6.107	53

	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AB	AC	AD	AE	AF	AG	AH	AI
16	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	8.8	8.8	8.8	20.859	181
17	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	19.1	19.1	19.1	9.8176	89
18	0	0	1	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0	0	1.6	1.6	1.6	91.536	795
19	2	1	0	0	4	1	2	1	0	0	4	1	2	1	12.1	12.1	12.1	51.349	471

	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AB	AC	AD	AE	AF	AG	AH	AI
20	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	5	5	5	47.81	422
21	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	6.2	6.2	6.2	31.367	273
22	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	1	1	1	162.11	1437
23	0	2	2	2	2	2	0	2	2	2	2	2	0	2	22.2	22.2	22.2	13.66	126
24	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	9.5	9.5	9.5	10.956	95

	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AB	AC	AD	AE	AF	AG	AH	AI
25	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1.5	1.5	1.5	134.44	1220
26	0	0	0	1	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0	1.1	1.1	1.1	144.12	1263
27	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1.8	1.8	1.8	80.996	707
28	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	2.7	2.7	2.7	35.927	335
29	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	9.3	9.3	9.3	14.182	129

	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AB	AC	AD	AE	AF	AG	AH	AI
30	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0.8	0.8	0.8	172.34	1562
31	1	0	0	1	0	0	1	0	0	1	0	0	1	0	34.5	34.5	34.5	5.5847	55
32	0	0	0	1	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0	11.3	11.3	11.3	16.697	150
33	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	2.7	2.7	2.7	54.178	479

	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AB	AC	AD	AE	AF	AG	AH	AI
34	0	0	1	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	1.5	1.5	1.5	121.64	1061
35	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1.3	1.3	1.3	98.453	861
36	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	2.2	2.2	2.2	71.168	641
37	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	2	2	2	87.56	802
38	0	0	0	1	2	1	0	0	0	1	2	1	0	0	14.8	14.8	14.8	19.438	176

	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AB	AC	AD	AE	AF	AG	AH	AI
39	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	15	15	15	13.094	120
40	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	34.5	34.5	34.5	6.4913	58
41	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	2	2	2	84.904	734
42	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1.3	1.3	1.3	154.66	1434
43	0	1	0	1	0	1	0	1	0	1	0	1	0	1	1.1	1.1	1.1	151.29	1323

	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AB	AC	AD	AE	AF	AG	AH	AI
44	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0.4	0.4	0.4	412.58	3720
45	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	16.2	16.2	16.2	8.6919	74
46	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	3.1	3.1	3.1	45.428	387
47	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	1	1	0	0.2	0.2	0.2	1009.9	8799
48	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	1	1	0	2.5	2.5	2.5	117.95	1031
49	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	7.1	7.1	7.1	26.889	240

	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AB	AC	AD	AE	AF	AG	AH	AI
50	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	8.9	8.9	8.9	20.633	179
51	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	1.3	1.3	1.3	121.54	1090
52	1	0	0	0	2	1	1	0	0	0	2	1	1	0	12.6	12.6	12.6	25.459	230
53	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0.8	0.8	0.8	223.35	1938
54	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1.4	1.4	1.4	151.03	1392

	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AB	AC	AD	AE	AF	AG	AH	AI
55	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	7.8	7.8	7.8	23.025	204
56	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	6.1	6.1	6.1	18.783	163
57	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	39.1	39.1	39.1	5.0945	46
58	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	2.3	2.3	2.3	85.661	754

	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AB	AC	AD	AE	AF	AG	AH	AI
59	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	3.6	3.6	3.6	28.146	248
60	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	2.8	2.8	2.8	78.39	713
61	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0.3	0.3	0.3	509.03	4453
62	0	1	0	0	1	0	0	1	0	0	1	0	0	1	4.1	4.1	4.1	51.926	438
63	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	1	1	0	5.7	5.7	5.7	67.501	615

	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AB	AC	AD	AE	AF	AG	AH	AI
64	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	5	5	5	59.474	560
65	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	11.9	11.9	11.9	16.243	151
66	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	2.3	2.3	2.3	63.383	565
67	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1.8	1.8	1.8	75.127	658
68	0	0	1	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0.1	0.1	0.1	3716	33467

	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AB	AC	AD	AE	AF	AG	AH	AI
69	1	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	1	1	1	2.3	2.3	2.3	56.008	483
70	0	0	1	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	5.5	5.5	5.5	32.238	291
71	1	0	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	0	1.9	1.9	1.9	50.346	462
72	1	1	0	0	4	0	1	1	0	0	4	0	1	1	16.5	16.5	16.5	45.12	418
73	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	4	4	4	37.009	325
74	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	9.7	9.7	9.7	11.083	103

	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AB	AC	AD	AE	AF	AG	AH	AI
75	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	13.2	13.2	13.2	7.559	68
76	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	13.5	13.5	13.5	18.078	155
77	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	12.4	12.4	12.4	12.509	121
78	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	3.8	3.8	3.8	58.051	523
79	1	0	0	0	1	0	1	0	0	0	1	0	1	0	4.8	4.8	4.8	26.391	229
80	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	1.2	1.2	1.2	95.042	827
81	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1.2	1.2	1.2	128.39	1133

	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AB	AC	AD	AE	AF	AG	AH	AI
82	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	10	10	10	30.198	280
83	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	13.9	13.9	13.9	14.265	137
84	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	7.6	7.6	7.6	19.703	172
85	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1.9	1.9	1.9	47.825	424
86	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	15.3	15.3	15.3	14.629	137
87	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	13.3	13.3	13.3	11.756	113
88	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0.8	0.8	0.8	164.34	1477
89	5	2	1	3	4	5	5	2	1	3	4	5	5	2	19.2	19.2	19.2	43.9	401
90	1	3	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	10.5	2.1	0	45.771	420

	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AB	AC	AD	AE	AF	AG	AH	AI
91	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	4.3	2.9	2.9	53.5	486
92	1	4	0	3	0	4	1	4	0	3	0	4	1	4	39.8	39.8	39.8	14.186	123
93	8	6	7	8	7	6	8	6	7	8	7	6	8	6	60.6	60.6	60.6	24.409	231
94	5	12	3	15	2	4	4	11	0	2	0	0	1	3	50.2	48.3	14	51.621	472

	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AB	AC	AD	AE	AF	AG	AH	AI
95	9	15	3	9	3	5	4	9	0	1	0	0	0	2	32.1	23	4.8	60.044	564
96	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	12.5	12.5	12.5	11.82	112
97	5	6	3	4	3	5	5	6	3	4	3	5	5	6	35.7	35.7	35.7	22.975	199
98	2	5	1	6	2	3	2	5	1	6	2	3	2	5	32.9	32.9	32.9	24.348	207

	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AB	AC	AD	AE	AF	AG	AH	AI
99	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	9.1	9.1	9.1	23.583	209
100	4	6	0	4	2	4	4	6	0	4	2	4	4	6	40.2	40.2	40.2	18.974	169
101	4	7	3	8	2	8	4	7	3	8	2	8	4	7	62.3	62.3	62.3	18.281	162

	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AB	AC	AD	AE	AF	AG	AH	AI
102	39	36	34	35	42	35	39	36	34	35	42	35	39	36	72.8	72.8	72.8	69.293	607
103	9	14	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	30.3	3	3	59.998	564

	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AB	AC	AD	AE	AF	AG	AH	AI
104	17	23	16	20	13	18	15	21	12	14	9	13	11	16	43.2	40.1	30.3	66.017	644
105	0	1	0	0	1	0	0	1	0	0	1	0	0	1	8.1	8.1	8.1	26.558	247
106	5	10	4	8	0	0	1	4	4	8	0	0	1	4	49.5	35.3	35.3	51.267	473

	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AB	AC	AD	AE	AF	AG	AH	AI
107	21	24	20	24	21	23	21	24	19	23	20	21	20	22	52.6	52.6	49.2	59.51	593
108	7	14	4	6	2	1	2	7	3	3	1	1	1	4	31.4	17.5	9.3	62.378	590
109	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	3.9	2.4	2.4	63.91	594
110	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	4.1	4.1	4.1	46.103	416

	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AB	AC	AD	AE	AF	AG	AH	AI
111	13	17	17	20	14	15	13	17	17	20	14	15	13	17	52	52	52	62.129	623

	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AB	AC	AD	AE	AF	AG	AH	AI
112	18	22	19	25	17	27	18	22	11	17	10	17	10	14	59.5	59.5	45.1	65.865	645
113	3	4	0	4	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0	16.1	9.1	9.1	65.87	638
114	2	4	0	2	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	24.5	7.4	7.4	48.105	432
115	3	2	2	1	3	2	3	2	2	1	3	2	3	2	23.5	23.5	23.5	24.536	234
116	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	3.4	3.4	3.4	43.017	380
117	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1.4	1.4	1.4	85.411	760
118	0	1	0	1	0	1	0	1	0	1	0	1	0	1	0.5	0.5	0.5	248.07	2391
119	2	2	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	3.8	1.7	1.7	61.802	578
120	0	2	0	1	0	0	0	2	0	1	0	0	0	2	4.5	4.5	4.5	282.39	2850

	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AB	AC	AD	AE	AF	AG	AH	AI
121	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	2	2	2	58.859	508
122	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	4.1	4.1	4.1	38.125	344
123	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	2.4	2.4	2.4	50.838	457
124	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	3	3	3	46.451	402
125	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	7.5	7.5	7.5	20.389	187
126	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	1	95.493	819

	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AB	AC	AD	AE	AF	AG	AH	AI
127	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1.3	1.3	1.3	125.06	1117
128	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1.8	1.8	1.8	122.19	1094
129	1	2	0	0	1	3	1	2	0	0	1	3	1	2	17.5	17.5	17.5	54.594	503
130	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	7.9	7.9	7.9	20.095	178
131	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	14.2	14.2	14.2	15.962	148
132	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	15.7	15.7	15.7	14.78	134

	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AB	AC	AD	AE	AF	AG	AH	AI
133	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	6.6	6.6	6.6	24.002	211
134	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	2.3	2.3	2.3	74.097	698
135	1	0	0	1	0	0	1	0	0	1	0	0	1	0	2.2	2.2	2.2	75.952	651
136	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	4.2	4.2	4.2	47.219	403
137	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	4.9	4.9	4.9	31.985	284
138	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0.9	0.9	0.9	196.02	1733

	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AB	AC	AD	AE	AF	AG	AH	AI
139	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	2.1	2.1	2.1	93.868	806
140	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	2.6	2.6	2.6	67.245	582
141	1	1	0	0	1	1	1	1	0	0	1	1	1	1	19.2	19.2	19.2	12.821	120
142	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1.1	1.1	1.1	97.587	857
143	0	1	0	0	1	0	0	1	0	0	1	0	0	1	0.9	0.9	0.9	112.17	986

	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AB	AC	AD	AE	AF	AG	AH	AI
144	1	4	0	0	1	0	0	1	0	0	1	0	0	1	6.9	2.2	2.2	58.224	538
145	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0.3	0.3	0.3	499.1	4386
146	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	1.3	1.3	1.3	84.906	758
147	0	0	0	1	2	0	0	0	0	1	2	0	0	0	5.7	5.7	5.7	604.25	5656
148	2	0	0	0	2	0	2	0	0	0	2	0	2	0	2.9	2.9	2.9	148.45	1332
149	1	3	0	0	1	2	1	3	0	0	1	2	1	3	6.7	6.7	6.7	95.423	877
150	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	7.8	7.8	7.8	22.338	205

	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AB	AC	AD	AE	AF	AG	AH	AI
151	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0.6	0.6	0.6	141.49	1258
152	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	2.6	2.6	2.6	54.725	498
153	1	0	0	0	2	0	1	0	0	0	2	0	1	0	16.3	16.3	16.3	24.576	227
154	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	1.2	1.2	1.2	74.071	684
155	1	0	0	1	0	0	1	0	0	1	0	0	1	0	1.8	1.8	1.8	89.996	813

	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AB	AC	AD	AE	AF	AG	AH	AI
156	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	1.8	1.8	1.8	109.98	994
157	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	1	1	1	177.64	1591
158	0	0	1	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0	0	1.8	1.8	1.8	129.64	1122
159	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	1.2	1.2	1.2	80.443	737
160	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	3.2	3.2	3.2	45.043	402

	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AB	AC	AD	AE	AF	AG	AH	AI
161	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	2	2	2	50.418	458
162	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	2.3	2.3	2.3	84.534	783
163	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	11.1	11.1	11.1	13.526	117
164	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	2.4	2.4	2.4	81.683	780
165	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	4.8	4.8	4.8	57.772	521
166	1	0	0	0	2	2	1	0	0	0	2	2	1	0	3.6	3.6	3.6	101.19	916
167	1	1	0	0	1	1	1	1	0	0	1	1	1	1	4	4	4	66.406	606
168	1	1	0	0	1	1	1	1	0	0	1	1	1	1	6.3	6.3	6.3	50.989	461

	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AB	AC	AD	AE	AF	AG	AH	AI
169	4	3	3	6	3	4	4	3	3	6	3	4	4	3	81.3	81.3	81.3	11.934	107
170	0	0	10	12	0	1	0	0	3	4	0	0	0	0	48.1	48.1	18.5	35.704	324

	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AB	AC	AD	AE	AF	AG	AH	AI
171	7	7	0	1	5	8	7	7	0	1	5	8	7	7	30.2	30.2	30.2	50.151	451
172	1	4	0	0	0	1	0	3	0	0	0	1	0	3	8.6	7.1	7.1	92.475	802
173	3	3	0	0	1	3	3	3	0	0	1	3	3	3	20.4	20.4	20.4	44.55	417
174	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	4	4	4	46.977	425
175	5	3	0	1	3	2	5	3	0	1	3	2	5	3	12.1	12.1	12.1	50.113	462

	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AB	AC	AD	AE	AF	AG	AH	AI
176	2	2	0	1	2	2	2	2	0	1	2	2	2	2	9.1	9.1	9.1	37.279	339
177	1	0	0	0	0	2	1	0	0	0	0	2	1	0	7.5	7.5	7.5	41.29	362
178	0	2	1	2	0	1	0	2	1	2	0	1	0	2	24.6	24.6	24.6	14.888	134
179	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	1	1	149.58	1281
180	5	3	0	0	5	3	5	3	0	0	4	3	4	2	11.3	11.3	9.7	83.28	724

	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AB	AC	AD	AE	AF	AG	AH	AI
181	1	1	0	0	2	0	1	1	0	0	2	0	1	1	12.3	12.3	12.3	42.481	367
182	1	1	1	0	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	4.7	4.7	4.7	26.717	253
183	0	0	0	2	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	9.4	9.4	9.4	21.266	212
184	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	2.5	2.5	2.5	52.977	471
185	1	0	0	0	3	0	1	0	0	0	3	0	1	0	22	22	22	17.971	164
186	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	3.3	3.3	3.3	54.016	482
187	2	0	0	0	2	1	2	0	0	0	2	1	2	0	6.6	6.6	6.6	72.421	655

	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AB	AC	AD	AE	AF	AG	AH	AI
188	0	9	0	9	2	1	0	9	0	9	2	1	0	9	31.1	29.6	29.6	53.687	466
189	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1.1	1.1	1.1	161.93	1344
190	2	3	0	0	1	2	2	3	0	0	1	2	2	3	16.6	16.6	16.6	32.263	289
191	13	10	0	0	11	11	13	10	0	0	11	11	13	10	32.9	32.9	32.9	44.887	404

	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AB	AC	AD	AE	AF	AG	AH	AI
192	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	2.2	2.2	2.2	61.166	536
193	3	3	2	2	3	3	3	3	2	2	3	3	3	3	9.3	9.3	9.3	65.018	602
194	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	1	1	1	0	3.5	3.5	3.5	67.558	595
195	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1.8	1.8	1.8	86.582	764
196	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	15.2	15.2	15.2	12.215	105
197	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	4.5	4.5	4.5	39.135	354
198	1	1	0	0	1	0	1	1	0	0	1	0	1	1	7.4	7.4	7.4	32.931	298

	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AB	AC	AD	AE	AF	AG	AH	AI
199	14	13	0	2	14	12	14	13	0	2	14	12	14	13	42.2	42.2	42.2	57.844	531
200	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1.3	1.3	1.3	151.08	1358
201	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	1	1	0	3	3	3	56.3	529
202	2	2	0	0	2	1	2	2	0	0	2	1	2	2	7	7	7	95.313	858
203	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	4.1	4.1	4.1	36.187	315

	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AB	AC	AD	AE	AF	AG	AH	AI
204	12	12	2	6	12	10	12	12	0	0	1	1	1	1	52.8	52.8	4.5	41.736	375
205	3	0	0	0	1	1	3	0	0	0	1	1	3	0	10.9	10.9	10.9	44.76	394
206	0	3	3	3	0	1	0	3	3	3	0	1	0	3	29.1	29.1	29.1	11.367	103
207	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	4.3	4.3	4.3	28.024	257
208	0	1	0	0	4	0	0	1	0	0	4	0	0	1	9.9	9.9	9.9	68.778	627

	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AB	AC	AD	AE	AF	AG	AH	AI
209	12	11	0	0	0	1	1	0	0	0	0	1	1	0	52.8	4.5	4.5	41.792	375
210	7	7	0	0	1	1	1	0	0	0	1	1	1	0	27.9	4.2	4.2	42.051	377
211	7	7	0	0	0	1	1	0	0	0	0	1	1	0	30.1	3.4	3.4	49.83	445
212	1	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	1	1	4	4	4	58.004	531

	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AB	AC	AD	AE	AF	AG	AH	AI
213	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1.8	1.8	1.8	96.711	874
214	10	8	0	1	10	7	10	8	0	0	3	2	4	1	46.2	46.2	19.4	49.67	444
215	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	2	0	0	0	3.2	3.2	3.2	89.321	806
216	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	2.2	2.2	2.2	117.81	1058
217	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0	0	1	0	1	9.3	9.3	9.3	25.991	246
218	0	1	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0	0	1	2.7	2.7	2.7	81.8	745
219	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1.6	1.6	1.6	52.045	447
220	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1.8	1.8	1.8	76.8	681
221	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1.7	1.7	1.7	118.75	1141

	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AB	AC	AD	AE	AF	AG	AH	AI
222	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	2.6	2.6	2.6	39.1	344
223	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	2.1	2.1	2.1	48.327	426
224	2	0	0	0	2	2	2	0	0	0	2	2	2	0	5.1	5.1	5.1	56.613	507
225	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1.4	1.4	1.4	75.052	666
226	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0	4	0	0	0	9.2	9.2	9.2	50.036	447
227	1	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	8.4	3.2	3.2	54.065	466
228	1	1	0	0	1	0	1	1	0	0	1	0	1	1	2.2	2.2	2.2	50.974	452
229	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1.7	1.7	1.7	120.32	1074

	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AB	AC	AD	AE	AF	AG	AH	AI
230	3	4	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	6.1	1.5	1.5	62.844	594
231	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1.5	1.5	1.5	67.963	602
232	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1.2	1.2	1.2	112.28	1013
233	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	10.8	10.8	10.8	11.767	102
234	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1.4	1.4	1.4	110.73	1017
235	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0.5	0.5	0.5	219.89	2038
236	7	7	1	0	12	6	7	7	1	0	12	6	7	7	15.5	15.5	15.5	191.98	1679
237	0	1	1	1	2	1	0	1	1	1	2	1	0	1	5.9	5.9	5.9	70.148	627
238	1	0	0	0	1	0	1	0	0	0	1	0	1	0	6.7	6.7	6.7	50.537	445

	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AB	AC	AD	AE	AF	AG	AH	AI
239	3	6	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	27.9	2.5	0	52.866	484
240	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	1	1	1	0	3.3	3.3	3.3	73.101	662
241	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	2.1	2.1	2.1	69.676	612
242	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	16.7	16.7	16.7	15.765	144
243	2	3	0	0	1	2	2	3	0	0	1	2	2	3	13.5	13.5	13.5	43.096	406
244	1	1	0	0	1	2	1	1	0	0	0	1	0	1	10.2	10.2	5	53.737	463
245	1	0	0	0	1	0	1	0	0	0	1	0	1	0	11.2	11.2	11.2	17.897	161
246	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	3.3	3.3	3.3	50.611	455
247	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	4.2	4.2	4.2	21.308	191
248	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	2.1	2.1	2.1	44.771	387

	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AB	AC	AD	AE	AF	AG	AH	AI
249	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0.6	0.6	0.6	157.84	1394
250	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	1	1	0	0	1.1	1.1	1.1	136.33	1230
251	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0.6	0.6	0.6	196.69	1759
252	1	0	1	0	1	0	1	0	1	0	1	0	1	0	2.2	2.2	2.2	155.36	1426
253	0	0	1	1	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	4.1	4.1	4.1	26.221	246
254	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	6.9	6.9	6.9	22.605	204
255	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0.7	0.7	0.7	277.82	2602
256	1	0	0	0	1	0	1	0	0	0	1	0	1	0	10	10	10	23.443	200
257	3	1	0	0	3	1	3	1	0	0	3	1	3	1	15	15	15	49.508	452

	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AB	AC	AD	AE	AF	AG	AH	AI
258	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	13.1	13.1	13.1	11.662	99
259	3	2	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	22.1	4.8	4.8	42.004	376
260	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	4.3	4.3	4.3	33.295	282
261	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1.9	1.9	1.9	66.229	589
262	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1.7	1.7	1.7	80.376	712
263	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	6.9	6.9	6.9	45.739	408
264	2	1	0	0	1	1	2	1	0	0	1	1	2	1	9	9	9	80.409	724
265	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	1.8	1.8	1.8	64.349	607

	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AB	AC	AD	AE	AF	AG	AH	AI
266	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	5	5	5	42.69	401
267	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	2.4	2.4	2.4	59.584	533
268	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	3	3	3	58.25	526
269	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	5.4	5.4	5.4	29.68	258
270	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1.2	1.2	1.2	116.1	1042
271	1	0	1	0	1	0	1	0	1	0	1	0	1	0	2.2	2.2	2.2	55.432	495
272	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1.8	1.8	1.8	78.748	733
273	0	1	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0	0	1	2.2	2.2	2.2	71.647	628
274	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1.4	1.4	1.4	82.302	731
275	1	0	0	0	1	0	1	0	0	0	1	0	1	0	3.9	3.9	3.9	41.523	362

	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AB	AC	AD	AE	AF	AG	AH	AI
276	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1.7	1.7	1.7	79.175	707
277	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1.9	1.9	1.9	108.19	964
278	0	1	0	0	0	2	0	1	0	0	0	2	0	1	4.1	4.1	4.1	75.634	665
279	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1	1	1	118.27	1033
280	1	0	0	0	1	0	1	0	0	0	1	0	1	0	1.4	1.4	1.4	115.97	1025
281	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	2.4	2.4	2.4	226.37	1960
282	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	1	1	0	2.4	2.4	2.4	100.2	908
283	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	2.9	2.9	2.9	35.207	314
284	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	2.4	2.4	2.4	67.732	590
285	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	1	1	1	0	2.8	2.8	2.8	82.499	740
286	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	4.5	4.5	4.5	39.832	352

	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AB	AC	AD	AE	AF	AG	AH	AI
287	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1.7	1.7	1.7	68.215	600
288	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0	0	1	0	1	1.7	1.7	1.7	85.652	749
289	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	2.7	2.7	2.7	78.756	698
290	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	2.2	2.2	2.2	72.72	638
291	2	2	0	0	3	2	2	2	0	0	3	2	2	2	9.8	9.8	9.8	47.357	418
292	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	3.7	3.7	3.7	48.791	431
293	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1.4	1.4	1.4	121.43	1089
294	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	2.2	2.2	2.2	52.401	458
295	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	3.4	3.4	3.4	43.478	386
296	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	7.8	7.8	7.8	23.407	204

	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AB	AC	AD	AE	AF	AG	AH	AI
297	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	4.9	4.9	4.9	26.422	247
298	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	11.3	11.3	11.3	15.944	142
299	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	2.5	2.5	2.5	49.77	438
300	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	4.3	4.3	4.3	44.933	392
301	0	0	0	1	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	7.3	7.3	7.3	16.564	151
302	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	4.5	4.5	4.5	34.837	310
303	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	6.3	6.3	6.3	43.185	381
304	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1.9	1.9	1.9	74.091	667
305	6	6	0	0	5	6	6	6	0	0	5	6	6	6	19.7	19.7	19.7	53.247	483
306	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	5.3	5.3	5.3	37.984	361

	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AB	AC	AD	AE	AF	AG	AH	AI
307	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	1	1	1	0	5.5	5.5	5.5	91.712	796
308	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	5.6	5.6	5.6	27.784	248
309	1	1	0	0	1	1	1	1	0	0	1	1	1	1	0.8	0.8	0.8	532.04	4644
310	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	14.1	14.1	14.1	9.5589	85
311	0	1	0	1	3	1	0	1	0	1	3	1	0	1	5.4	5.4	5.4	188.74	1657
312	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1.3	1.3	1.3	167.38	1578
313	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	2.2	2.2	2.2	60.582	549
314	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	8.1	8.1	8.1	26.274	246
315	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	3.1	3.1	3.1	42.164	381
316	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	5.6	5.6	5.6	30.221	267
317	1	0	0	0	1	0	1	0	0	0	1	0	1	0	6.1	6.1	6.1	53.12	474

	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AB	AC	AD	AE	AF	AG	AH	AI
318	1	1	0	0	1	1	1	1	0	0	1	1	1	1	7.6	7.6	7.6	66.739	589
319	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	1	1	130.15	1216
320	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	1	1	1	0	7.5	7.5	7.5	27.013	241
321	1	1	0	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	8.1	8.1	8.1	26.134	246
322	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0.8	0.8	0.8	118.39	1052
323	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	168.86	1519
324	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	28.441	252

	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AB	AC	AD	AE	AF	AG	AH	AI
325	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	47.907	430
326	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	466.71	4072
327	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	122.99	1102
328	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	70.705	642
329	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	17.201	151
330	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	80.653	728

	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AB	AC	AD	AE	AF	AG	AH	AI
331	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	48.601	426
332	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	30.071	271
333	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	133.37	1153
334	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	86.791	774
335	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	126.82	1142

	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AB	AC	AD	AE	AF	AG	AH	AI
336	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	17.942	158
337	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	225.46	2158
338	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	49.937	450
339	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	73.717	663
340	1	1	0	0	1	1	1	1	0	0	1	1	1	1	0	0	0	21.316	195
341	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	10.308	88

	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	AA	AB	AC	AD	AE	AF	AG	AH	AI
349	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	138.39	1216

	AJ	AK	AL	AM	AN	AO	AP	AQ	AR	AS	AT	AU	AV	AW	AX	AY
1	Sequence lengths	Q-value	Score	Sequence coverage WT Pooled LPS IgG [%]	Sequence coverage WT Pooled LPS_ATP IgG [%]	Sequence coverage WT1 LPS NLRP3 IP [%]	Sequence coverage WT1 LPS-ATP NLRP3 IP [%]	Sequence coverage WT2 LPS NLRP3 IP [%]	Sequence coverage WT2 LPS-ATP NLRP3 IP [%]	Intensity	Intensity WT Pooled LPS IgG	Intensity WT Pooled LPS_ATP IgG	Intensity WT1 LPS NLRP3 IP	Intensity WT1 LPS-ATP NLRP3 IP	Intensity WT2 LPS NLRP3 IP	Intensity WT2 LPS-ATP NLRP3 IP
2	117;117;115;128	0	20.558	0	0	12.8	12.8	12.8	12.8	20800000	0	0	8282900	3544200	5524300	3449100
3	100;120;120;121; 121;101;121	0	172.56	15	15	0	0	0	0	1617300	943230	674060	0	0	0	0
4	123	0.035	1.3608	7.3	0	0	0	0	0	203220	203220	0	0	0	0	0
5	324;393	0	2.6205	31.2	32.7	0	3.7	0	0	16676000	15626000	1050600	0	0	0	0

	AJ	AK	AL	AM	AN	AO	AP	AQ	AR	AS	AT	AU	AV	AW	AX	AY
13	335;404;335;336; 405;330;398	0	283.6	0	3.6	38.5	31	31	24.5	300320000	0	0	115530000	47183000	95830000	41774000
14	239;467	1	-2	0	0	5.9	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
15	53;118;184;184	0.0317	1.4241	0	0	22.6	0	0	0	81663	0	0	81663	0	0	0

	AJ	AK	AL	AM	AN	AO	AP	AQ	AR	AS	AT	AU	AV	AW	AX	AY
16	181;529;784;530	0.0081	2.2033	0	0	8.8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
17	89;469	0.0472	1.2226	0	0	0	19.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
18	795;796	0	2.281	1.6	0	1.6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
19	471;519;229;196	0	9.733	0	0	12.1	2.8	6.4	2.8	1279700	0	0	920870	42592	284150	32068

	AJ	AK	AL	AM	AN	AO	AP	AQ	AR	AS	AT	AU	AV	AW	AX	AY
25	1220;1220	1	-2	0	0	0	1.5	0	0	0	0	0	0	0	0	0
26	1263;1287	0.0296	1.5845	0	1.1	0	1.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
27	707;742;750;746; 747	1	-2	0	0	0	0	0	1.8	0	0	0	0	0	0	0
28	335;326	0	2.2761	2.7	2.7	0	2.7	2.7	0	278560	84527	71871	0	42745	79416	0
29	129;193;210;245; 257;276;281;552; 660;281	0.0265	1.7132	0	0	0	0	9.3	0	54514	0	0	0	0	54514	0

	AJ	AK	AL	AM	AN	AO	AP	AQ	AR	AS	AT	AU	AV	AW	AX	AY
34	1061;1405	0.0326	1.441	1.5	1.5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
35	861	1	-2	1.3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
36	641;750;827	1	-2	2.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
37	802;802	1	-2	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0
38	176;201;236;315; 332;361;332;66;6 8;104;128;205	0	3.0908	0	9.7	14.8	9.7	0	0	216460	0	18132	168930	29398	0	0

	AJ	AK	AL	AM	AN	AO	AP	AQ	AR	AS	AT	AU	AV	AW	AX	AY
39	120;199;492;456	0.0221	1.9523	0	0	0	0	0	15	80282	0	0	0	0	0	80282
40	58;3829;3847;38 58;3859	1	-2	0	34.5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
41	734;761;767;738	0.0323	1.4286	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
42	1434	0.046	1.2114	0	0	1.3	0	0	0	254210	0	0	254210	0	0	0
43	1323;1386;1312	0.033	1.4683	0	1.1	0	1.1	0	1.1	0	0	0	0	0	0	0

	AJ	AK	AL	AM	AN	AO	AP	AQ	AR	AS	AT	AU	AV	AW	AX	AY
59	248;456	0.0484	1.1679	3.6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
60	713	0.0383	1.321	2.8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
61	4453;4459;4481; 4481	0.0278	1.8361	0	0	0	0	0	0.3	0	0	0	0	0	0	0
62	438;1066	0.0319	1.4268	0	0	4.1	0	0	4.1	0	0	0	0	0	0	0
63	615;631	0	3.2807	0	0	0	2	3.7	0	290410	0	0	0	58408	232000	0

	AJ	AK	AL	AM	AN	AO	AP	AQ	AR	AS	AT	AU	AV	AW	AX	AY
64	560;802;838;972; 2087	0.0464	1.216	5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
65	151;231	0.0448	1.2604	0	0	0	0	0	11.9	0	0	0	0	0	0	0
66	565	1	-2	0	0	2.3	0	0	0	1070100	0	0	1070100	0	0	0
67	658;725;741	0.0478	1.2303	0	0	1.8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
68	33467;33467;352 13;3409;8272	0	2.3099	0	0	0.1	0	0	0	4032300	4032300	0	0	0	0	0

	AJ	AK	AL	AM	AN	AO	AP	AQ	AR	AS	AT	AU	AV	AW	AX	AY
69	483;659	0	30.703	0	0	0	2.3	2.3	2.3	65120	0	0	0	40416	24704	0
70	291;243	0.0476	1.1473	5.5	5.5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
71	462	0	10.405	1.9	1.9	1.9	1.9	1.9	0	0	0	0	0	0	0	0
72	418;364;180;190; 236;209;364;419; 193;364;363	0	7.9918	0	0	13.2	0	3.1	3.3	1126000	0	0	946660	0	90705	88652
73	325;316	0.0313	1.397	0	0	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
74	103;145;147;201; 147;147;147	0.0268	1.7406	0	0	0	0	9.7	0	517350	0	0	0	0	517350	0

	AJ	AK	AL	AM	AN	AO	AP	AQ	AR	AS	AT	AU	AV	AW	AX	AY
75	68;98;68;76;85;98;108	0.0345	1.3514	0	13.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
76	155	0.0487	1.2534	13.5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
77	121	1	-2	12.4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
78	523	0.049	1.1804	0	0	0	0	0	3.8	0	0	0	0	0	0	0
79	229;274	0.0327	1.7041	0	0	4.8	0	4.8	0	360070	0	0	181670	0	178400	0
80	827;975;835	0.0419	1.3066	0	0	0	0	1.2	0	0	0	0	0	0	0	0
81	1133	0.0313	1.655	0	0	0	0	0	1.2	0	0	0	0	0	0	0

	AJ	AK	AL	AM	AN	AO	AP	AQ	AR	AS	AT	AU	AV	AW	AX	AY
82	280;2639;2647	0.0276	1.8058	0	10	10	0	10	10	770070	0	121460	330760	0	235820	82025
83	137;200;299	0.0455	1.2676	0	0	13.9	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
84	172	0.0309	1.387	0	0	0	0	0	7.6	583820	0	0	0	0	0	583820
85	424;427;762	1	-2	1.9	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
86	137	0	6.4739	0	0	0	0	0	15.3	88790	0	0	0	0	0	88790
87	113	0.0236	2.1031	0	0	0	13.3	0	0	50349	0	0	0	50349	0	0
88	1477	0.0298	1.5941	0.8	0	0	0	0	0	1439600	1439600	0	0	0	0	0
89	401;419	0	15.286	4	9.2	14	16.2	16.7	8.7	14136000	956630	1365600	4126400	3583100	2822200	1282000
90	420;458;437;437	1	-2	4.8	8.1	2.6	7.6	2.6	7.6	66692	0	0	0	66692	0	0

	AJ	AK	AL	AM	AN	AO	AP	AQ	AR	AS	AT	AU	AV	AW	AX	AY
91	486;493;493;505	1	-2	0	0	1.4	4.3	0	0	0	0	0	0	0	0	0
92	123	0	85.253	0	33.3	0	39.8	11.4	39.8	1911200	0	545660	0	503460	0	862070
93	231	0	318.38	37.7	41.1	49.4	39.4	43.7	35.9	521070000	176520000	114640000	0	99477000	98689000	31744000
94	472;452;452;93	0	73.746	6.1	43	4.2	11	13.1	32	11821000	976120	6831700	193410	636090	458600	2725300

	AJ	AK	AL	AM	AN	AO	AP	AQ	AR	AS	AT	AU	AV	AW	AX	AY
95	564;564;551;552	0	77.952	15.1	28.7	14.9	20.2	18.8	29.3	8343900	1136200	2704100	740220	626800	1222300	1914200
96	112;140;140	1	-2	0	0	12.5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
97	199	0	75.68	18.6	28.1	20.6	33.7	33.7	35.7	126060000	2785100	42084000	3816100	37395000	8223100	31757000
98	207	0	28.042	5.3	32.9	9.2	19.8	9.2	29	20726000	164860	4804100	912680	7039200	1365700	6439600

	AJ	AK	AL	AM	AN	AO	AP	AQ	AR	AS	AT	AU	AV	AW	AX	AY
99	209	0	16.431	9.1	9.1	9.1	9.1	9.1	9.1	24702000	718740	8389500	1545800	8302400	1963100	3782800
100	169	0	22.592	0	40.2	12.4	33.7	33.7	40.2	24382000	0	5352700	808960	7468200	2606800	8145300
101	162	0	117.09	27.8	57.4	21	56.8	43.8	51.9	66517000	1050000	28057000	713550	15547000	2031900	19117000

	AJ	AK	AL	AM	AN	AO	AP	AQ	AR	AS	AT	AU	AV	AW	AX	AY
102	607;609;608	0	323.31	66.9	64.1	72	59.6	67.2	62.9	419440000	72092000	41194000	111540000	53484000	94252000	46880000
103	564	1	-2	15.1	25.7	14.9	20.2	18.8	27.5	66585	0	0	0	0	0	66585

	AJ	AK	AL	AM	AN	AO	AP	AQ	AR	AS	AT	AU	AV	AW	AX	AY
104	644;637;572;572; 99	0	323.31	35.1	37.6	27.3	36.6	32.5	38.7	144240000	23832000	48008000	9564900	15871000	11959000	35003000
105	247	0.0354	1.3681	0	0	8.1	0	0	8.1	147750000	0	0	91390000	0	0	56358000
106	473;469;474;469; 456;456;452;400; 403;424;431;403; 431;295;294	0	39.862	22.2	42.7	4.2	6.6	12.5	25.4	5808300	944450	3574800	0	0	416200	872860

	AJ	AK	AL	AM	AN	AO	AP	AQ	AR	AS	AT	AU	AV	AW	AX	AY
111	623	0	323.31	44	48.8	39.3	42.2	38	42.9	119260000	20900000	33901000	14394000	12290000	12719000	25059000

	AJ	AK	AL	AM	AN	AO	AP	AQ	AR	AS	AT	AU	AV	AW	AX	AY
112	645;539;539;529; 540;1090	0	323.31	34.1	48.7	32.7	51.9	38.1	43.7	111660000	14336000	36074000	14716000	19847000	10861000	15820000
113	638;525;525;521; 521	0	8.5028	6	13.5	4.1	7.1	4.4	4.5	663490	0	663490	0	0	0	0
114	432;433;433	0	142.88	6.9	21.8	2.1	4.6	4.6	9	176830	0	176830	0	0	0	0
115	234	0	58.276	15.4	6.8	23.5	15.4	23.5	15	0	0	0	0	0	0	0
116	380	0.0489	1.2542	0	0	0	0	0	3.4	0	0	0	0	0	0	0
117	760	0.0455	1.1947	0	0	0	0	0	1.4	0	0	0	0	0	0	0
118	2391	0	20.679	0	0.5	0	0.5	0	0.5	336900	0	139250	0	103310	0	94336
119	578	0	22.148	2.1	3.8	3.8	2.1	3.8	3.8	0	0	0	0	0	0	0
120	2850	0	3.3642	0	1.7	0	0	0	4.5	321640	0	89984	0	0	0	231660

	AJ	AK	AL	AM	AN	AO	AP	AQ	AR	AS	AT	AU	AV	AW	AX	AY
139	806;821;845	0	2.371	0	0	2.1	0	0	0	37848	0	0	37848	0	0	0
140	582;631;658	0.0229	2.012	0	0	2.6	0	0	0	37543	0	0	37543	0	0	0
141	120;144;162;187; 193;228;399;378; 68;72	0	4.7571	0	0	12.5	6.7	12.5	12.5	280680	0	0	97124	60072	54127	69356
142	857;856	0.0343	1.3493	0	1.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
143	986;840	0.0226	1.9873	0	0	0.9	0	0	0.9	0	0	0	0	0	0	0

	AJ	AK	AL	AM	AN	AO	AP	AQ	AR	AS	AT	AU	AV	AW	AX	AY
161	458	1	-2	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
162	783	1	-2	0	0	0	0	2.3	0	0	0	0	0	0	0	0
163	117	0.0463	1.289	0	0	0	0	11.1	0	0	0	0	0	0	0	0
164	780	0.0458	1.2069	0	0	0	2.4	0	0	0	0	0	0	0	0	0
165	521	0	4.2675	0	0	4.8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
166	916;923;943;913; 942;937	0	4.8331	0	0	3.6	3.6	2.3	0	136420	0	0	61539	32377	42503	0
167	606	0	3.0922	0	0	2.6	2.6	2.6	1.3	770690	0	0	307370	153160	274580	35571
168	461	0	4.0542	0	0	6.3	6.3	6.3	6.3	1505200	0	0	578990	276970	410020	239240

	AJ	AK	AL	AM	AN	AO	AP	AQ	AR	AS	AT	AU	AV	AW	AX	AY
169	107	0	148.84	30.8	48.6	30.8	69.2	69.2	36.4	37923000	7327200	14874000	8681200	1667000	3897900	1475400
170	324;393	0	36.045	41.4	42.9	0	3.7	0	0	141270000	87702000	53571000	0	0	0	0

	AJ	AK	AL	AM	AN	AO	AP	AQ	AR	AS	AT	AU	AV	AW	AX	AY
171	451;449;451;267; 477;448;450;449; 100;125;81;89	0	105.6	0	3.1	14.6	24.2	22	20.2	11221000	0	98588	2739300	2265200	5022100	1095400
172	802;373	0	4.1634	0	0	1.5	1.7	1.5	8.6	475000	0	0	0	201490	0	273510
173	417;255;417	0	14.642	0	0	3.6	12	8.2	12.2	1415300	0	0	177220	410960	577630	249450
174	425;404	0	2.3706	0	0	0	0	0	4	69302	0	0	0	0	0	69302
175	462;186;249;463	0	12.768	0	2.4	7.6	5	12.1	7.6	3336900	0	156220	955640	473290	1367100	384650

	AJ	AK	AL	AM	AN	AO	AP	AQ	AR	AS	AT	AU	AV	AW	AX	AY
176	339	0	119.29	0	5.3	9.1	9.1	9.1	9.1	0	0	0	0	0	0	0
177	362;406;407;312; 322	0	4.3593	0	0	0	7.5	5.2	0	323870	0	0	0	195910	127960	0
178	134;126;126;126; 126;126;126;126; 126;126;126;126; 127	0	4.3856	11.2	17.9	0	6.7	0	17.9	2274700	135580	1119200	0	145730	0	874170
179	1281	1	-2	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
180	724;733;189;201; 76;112;161	0	21.729	0	0	8.6	5.1	8.7	5.4	6132500	0	0	2977300	686820	1915800	552630

	AJ	AK	AL	AM	AN	AO	AP	AQ	AR	AS	AT	AU	AV	AW	AX	AY
181	367;367;234	0	2.6006	0	0	12.3	0	5.7	5.7	682810	0	0	610850	0	33014	38940
182	253	0	3.7515	4.7	0	4.7	4.7	4.7	4.7	899510	72107	0	272260	239080	140470	175590
183	212;219;221;209; 208;213	0	2.939	0	9.4	0	0	0	0	467410	0	467410	0	0	0	0
184	471	1	-2	0	0	0	0	2.5	0	0	0	0	0	0	0	0
185	164;40;77;77;147 ;156	0	8.2275	0	0	22	0	5.5	0	935490	0	0	771230	0	164270	0
186	482	0.0307	1.6364	0	0	0	0	0	3.3	0	0	0	0	0	0	0
187	655	0	5.6555	0	0	4.7	1.8	4	0	669770	0	0	393580	39123	237060	0

	AJ	AK	AL	AM	AN	AO	AP	AQ	AR	AS	AT	AU	AV	AW	AX	AY
188	466;427;134;475; 506;507;469;475	0	37.909	0	23.4	6	3.6	0	24.5	3728000	0	1954900	309650	125440	0	1338100
189	1344	0.0306	1.3833	0	0	1.1	0	0	0	151520	0	0	151520	0	0	0
190	289;289;136;250	0	7.8603	0	0	4.8	8.3	8.3	16.6	1581900	0	0	282600	338810	409600	550850
191	404	0	235.05	0	0	30.7	30.7	32.9	30	132020000	0	0	39260000	33528000	30424000	28803000

	AJ	AK	AL	AM	AN	AO	AP	AQ	AR	AS	AT	AU	AV	AW	AX	AY
192	536;512	0.0311	1.6535	0	2.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
193	602;589;247;335	0	51.081	5	5	7.1	7.1	7.1	7.1	0	0	0	0	0	0	0
194	595	0	2.6523	0	0	3.5	3.5	3.5	0	229110	0	0	89403	41182	98525	0
195	764	0.0476	1.2272	0	0	1.8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
196	105	0.045	1.2629	0	0	15.2	0	0	0	241070	0	0	241070	0	0	0
197	354	1	-2	0	0	0	0	0	4.5	0	0	0	0	0	0	0
198	298;298;320	0.024	2.1773	0	0	3.4	0	4	4	590830	0	0	72917	0	289380	228530

	AJ	AK	AL	AM	AN	AO	AP	AQ	AR	AS	AT	AU	AV	AW	AX	AY
199	531;232;187;176; 184;155;102;51;5 43;574;574	0	323.31	0	7.2	36.7	30.9	34.3	33.3	29726000	0	179020	10226000	6196100	9176900	3947200
200	1358	0.0238	2.1265	0	1.3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
201	529	0.0292	1.9065	0	0	0	3	3	0	267660	0	0	0	64349	203310	0
202	858	0	6.6849	0	0	3.6	1.5	3.7	2.7	836580	0	0	399730	64098	253500	119260
203	315;539	1	-2	0	0	4.1	0	0	0	95337	0	0	95337	0	0	0

	AJ	AK	AL	AM	AN	AO	AP	AQ	AR	AS	AT	AU	AV	AW	AX	AY
204	375;265;295;268; 108;105;195;156	0	180.53	7.2	25.6	45.9	41.3	47.7	41.9	133200000	1289700	2416700	50618000	21536000	43836000	13501000
205	394	0	6.5132	0	0	4.8	3	10.9	0	270100	0	0	0	105860	164240	0
206	103	0	17.622	29.1	29.1	0	7.8	0	29.1	3288500	507730	1362800	0	185510	0	1232400
207	257	0.0376	1.3134	0	0	0	0	0	4.3	67416	0	0	0	0	0	67416
208	627;646;116;641; 642;633;641	0	6.0312	0	0	9.9	0	0	3.8	621170	0	0	491690	0	0	129470

	AJ	AK	AL	AM	AN	AO	AP	AQ	AR	AS	AT	AU	AV	AW	AX	AY
209	375;132;150;153; 43	0	2.7717	7.2	25.6	41.3	41.3	47.7	37.3	0	0	0	0	0	0	0
210	377;377;376;377; 151;195;221	0	2.7091	2.4	12.7	24.4	19.9	22.8	20.7	17350000	0	0	10043000	525700	6780900	0
211	445;444;447;536; 451;66	0	2.3194	0	5.8	22.7	20.9	22.9	21.6	272480	0	0	0	155310	117170	0
212	531	0.048	1.2305	0	0	0	0	4	4	203830	0	0	0	0	89009	114820

	AJ	AK	AL	AM	AN	AO	AP	AQ	AR	AS	AT	AU	AV	AW	AX	AY
230	594	0	5.5405	4.9	4.7	5.9	6.1	4.7	4.9	8696100	776390	3048300	1116500	1355600	925490	1473900
231	602	0	2.3467	0	1.5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
232	1013	1	-2	1.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
233	102	0	2.345	0	0	10.8	10.8	0	10.8	0	0	0	0	0	0	0
234	1017	0.0291	1.558	0	0	0	1.4	0	0	0	0	0	0	0	0	0
235	2038	0.0289	1.555	0	0.5	0	0	0	0	502240	0	502240	0	0	0	0
236	1679;1675;216	0	64.165	1	0	11.1	4.8	6	6.1	6224100	20799	0	3362100	709980	1261900	869350
237	627	0	11.224	4	4	5.9	4	0	4	928750	74476	17902	621930	152230	0	62210
238	445;104;318	0	2.7222	0	0	4.3	0	2.5	0	117340	0	0	34201	0	83136	0

	AJ	AK	AL	AM	AN	AO	AP	AQ	AR	AS	AT	AU	AV	AW	AX	AY
249	1394	0.0267	1.7325	0	0	0	0	0.6	0	0	0	0	0	0	0	0
250	1230	0.0224	1.9672	0	0	1.1	1.1	0	0	30062	0	0	0	30062	0	0
251	1759	0.0461	1.2883	0.6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
252	1426;1037	0	3.6638	0.8	0	1.3	0	1.3	0	0	0	0	0	0	0	0
253	246	0	3.5606	4.1	4.1	4.1	0	0	0	5714900	1349700	1194400	3170800	0	0	0
254	204	0.0348	1.3593	0	0	0	0	6.9	0	0	0	0	0	0	0	0
255	2602	1	-2	0.7	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
256	200	1	-2	0	0	10	0	10	0	0	0	0	0	0	0	0
257	452;118;116	0	10.097	0	0	8.8	2.7	6.6	2.2	1489400	0	0	1036100	107180	290610	55500

	AJ	AK	AL	AM	AN	AO	AP	AQ	AR	AS	AT	AU	AV	AW	AX	AY
266	401	0.0286	1.8763	0	5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
267	533	1	-2	0	0	0	0	0	2.4	0	0	0	0	0	0	0
268	526;574	1	-2	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
269	258	0.0337	1.4985	0	0	5.4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
270	1042	0.0321	1.4281	0	1.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
271	495	0	2.2862	2.2	0	2.2	0	2.2	0	0	0	0	0	0	0	0
272	733	1	-2	0	1.8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
273	628	0.0494	1.1896	0	2.2	0	0	0	2.2	0	0	0	0	0	0	0
274	731	1	-2	0	1.4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
275	362	0	4.869	0	0	3.9	0	3.9	0	419680	0	0	244290	0	175390	0

	AJ	AK	AL	AM	AN	AO	AP	AQ	AR	AS	AT	AU	AV	AW	AX	AY
287	600	0.0482	1.2446	0	0	0	0	0	1.7	0	0	0	0	0	0	0
288	749	0.0316	1.6713	0	0	0	1.7	0	1.7	0	0	0	0	0	0	0
289	698	0.047	1.2206	0	0	0	0	2.7	0	0	0	0	0	0	0	0
290	638	0.0274	1.79	2.2	0	0	2.2	2.2	0	0	0	0	0	0	0	0
291	418;216;70;129;1 55;161;418	0	33.98	0	0	9.8	7.7	7.7	7.7	2824800	0	0	1167300	562120	640390	455030
292	431	0.0459	1.2808	0	0	0	3.7	0	0	0	0	0	0	0	0	0
293	1089	0.0284	1.8617	0	0	1.4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
294	458	0.0321	1.6791	0	0	0	0	2.2	0	0	0	0	0	0	0	0
295	386	0	3.6423	0	0	0	3.4	0	0	32820	0	0	0	32820	0	0
296	204	0.0294	1.5662	0	0	7.8	0	0	0	157200	0	0	157200	0	0	0

	AJ	AK	AL	AM	AN	AO	AP	AQ	AR	AS	AT	AU	AV	AW	AX	AY
297	247	0	3.384	4.9	4.9	4.9	4.9	4.9	4.9	0	0	0	0	0	0	0
298	142	0.0222	1.9581	0	0	11.3	0	0	0	105630	0	0	105630	0	0	0
299	438	0.0474	1.2227	0	0	0	2.5	0	0	0	0	0	0	0	0	0
300	392	0	4.6237	0	0	0	0	0	4.3	0	0	0	0	0	0	0
301	151	0.0305	1.6316	0	7.3	7.3	0	0	0	737160	0	153550	583610	0	0	0
302	310	0.0331	1.4725	4.5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
303	381	0.0311	1.389	0	0	6.3	0	0	0	31006	0	0	31006	0	0	0
304	667	0.0328	1.447	0	1.9	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
305	483	0	86.115	0	0	15.1	17.6	17.6	17	6173800	0	0	2057800	1609500	1550700	955740
306	361	0	4.2811	0	0	0	0	5.3	0	32415	0	0	0	0	32415	0

	AJ	AK	AL	AM	AN	AO	AP	AQ	AR	AS	AT	AU	AV	AW	AX	AY
307	796	0	4.175	0	0	2	2.1	1.4	0	194240	0	0	117090	20609	56538	0
308	248	0.0457	1.2782	0	0	5.6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
309	4644	0	6.3101	0	0	0.5	0.5	0.5	0.3	488520	0	0	183320	126480	148480	30245
310	85	1	-2	0	0	0	0	0	14.1	0	0	0	0	0	0	0
311	1657	0	8.7965	0	0.8	3	0.7	0	1	1059500	0	54078	772330	140730	0	92386
312	1578	0.0446	1.26	0	0	1.3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
313	549	0	3.15	2.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
314	246;246	0.0233	2.0354	0	0	0	0	0	8.1	87369	0	0	0	0	0	87369
315	381	0.029	1.8887	0	3.1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
316	267	0.0482	1.1616	0	0	0	0	0	5.6	0	0	0	0	0	0	0
317	474	0	2.336	0	0	6.1	0	6.1	0	450200	0	0	275090	0	175110	0

	AJ	AK	AL	AM	AN	AO	AP	AQ	AR	AS	AT	AU	AV	AW	AX	AY
331	426;426;666	1	-2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
332	271	0.0082	2.249	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
333	1153;1153	0.0388	1.3444	0	0	0	0	0	0	81854	0	81854	0	0	0	0
334	774;898;1057;1068	1	-2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
335	1142;1239;1264;1281	0.0496	1.1897	0	0	0	0	0	0	1353100	1353100	0	0	0	0	0

	AJ	AK	AL	AM	AN	AO	AP	AQ	AR	AS	AT	AU	AV	AW	AX	AY
342	676;817	1	-2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
343	2571;2571	1	-2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
344	266;663	0.0347	1.5521	0	0	0	0	0	0	126530	0	0	126530	0	0	0
345	1175	0.0421	1.3068	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
346	524;926	0.0465	1.293	0	0	0	0	0	0	1455600	0	0	0	0	1455600	0
347	1575	0.0491	1.2589	0	0	0	0	0	0	247350	0	0	0	247350	0	0
348	255	0.0294	1.9227	0	0	0	0	0	0	29267	0	29267	0	0	0	0

	AZ	BA	BB	BC	BD	BE	BF	BG	BH	BI	BJ	BK	
1	MS/MS count	Only identified by site	Reverse	Potential contaminant	id	Peptide IDs	Peptide is razor	Mod. peptide IDs	Evidence IDs	MS/MS IDs	Best MS/MS	Carbamidomethyl (C) site IDs	
2	69				0	487	TRUE	525;526;527	1831;1832;1833;1834;1835;1836;1837;1838;1839;1840;1841;1842;1843;1844;1845;1846	6166;6167;6168;6169;6170;6171;6172;6173;6174;6175;6176;6177;6178;6179;6180;6181;6182;6183;6184;6185;6186;6187;6188;6189;6190;6191;6192;6193;6194;6195;6196;6197;6198;6199;6200;6201;6202;6203;6204;6205;6206;6207;6208;6209;6210;6211;6212;6213;6214;6215;6216;6217;6218;6219;6220;6221;6222;6223;6224;6225;6226;6227;6228;6229;6230;6231;6232;6233;6234		6219	
3	6				1	537;538	True;True	585;586;587	2049;2050;2051;2052;2053;2054	6937;6938;6939;6940;6941;6942;6943;6944;6945;6946;6947;6948;6949;6950;6951;6952;6953;6954;6955;6956;6957;6958;6959;6960;6961;6962	6938;6956		
4	1				2	539	TRUE	588	2055		6963	6963	
5	6				3	41;42;90;130;532;541;680;767;780	False;False;False;False;True;False;False	43;44;45;97;144;581;590;741;742;743;744;840;841;857	467;2468;2469;2470;2471;2747;2748;2749;2750;2751;2752;2793;2794	367;368;369;370;371;372;373;374;375;376;377;378;379;380;381;382;383;384;385;386;387;388;389;390;391;392;965;1420;1421;1422;1423;1424;1425;1426;1427;1428;1429;1430;1431;1432;1433;1434;1435;6796;6797;6798;6799;6800;6801;6967;6968;6969;6970;6971;6972;6973;8017;8018;8019;8020;8021;8022;8023;8024;8025;8026;8027;8028;8029;8030;8031;8032;8033;8034;8035;8036;8037;8933;8934;8935;8936;8937;8938;8939;8940;8941;8942;8943;8944;8945;8946;8947;8948;8949;8950;8951;8952;8953;8954;8955;8956;8957;8958;8959;8960;8961;9081;9082;9083;9084;9085;9086;9087;9088;9089;9090;9091;9092;9093;9094;9095;9096;9097;9098;9099;9100;9101;9102;9103;9104	379;391;965;1421;6800;6970;8	0;1;2;3;4	

	AZ	BA	BB	BC	BD	BE	BF	BG	BH	BI	BJ	BK
6	0 +				4	274	TRUE	297	915		2600	2600
7	0 +				5	153	TRUE	169	540		1724	1724
8	7				6	228;459;461;773	True;True;True;True	250;496;498;848;849	782;783;1772;1773;1774;1775;1777;2769;2770;2771;2772;2773	2305;2306;2307;5978;5979;5980;5981;5983;9021;9022;9023;9024;9025;9026;9027;9028;9029	2306;5980;5983;9021	5
9	0				7	355	TRUE	388	1239		3562	3562

	AZ	BA	BB	BC	BD	BE	BF	BG	BH	BI	BJ	BK
10	11				8	182;329;702	True;True;True	201;362;768	643;644;645;1175;2542; 2543;2544	1989;1990;1991;1992;1993; 8345;8346	1989;3418;8343	
11	9				9	193;299	True;True	213;325	677;1025;1026;1027	2060;2923;2924;2925;2926; 2927;2928;2929;2930	2060;2930	
12	0				10	544	TRUE	593	2062;2063;2064	6976;6977;6978;6979;6980	6978	6

	AZ	BA	BB	BC	BD	BE	BF	BG	BH	BI	BJ	BK	
16	0				14	662	TRUE	722	2424		7965	7965	
17	0				15	10	TRUE	11	46		142	142	12
18	0				16	296	TRUE	322	1021;1022	2919;2920		2919	13
19	10				17	280;415;694; 724	True;True;True;Tr ue	303;451;758;793	927;1649;2506;2507;25 08;2509;2618;2619	2627;5701;8134;8135;8136;8137;8138;8139;8140; 8567;8568	2627;5701;8135 ;8567		

	AZ	BA	BB	BC	BD	BE	BF	BG	BH	BI	BJ	BK	
20	0				18	494	TRUE	535	1861	6259	6259	14	
21	1				19	160	TRUE	176	562	1795	1795		
22	0 +				20	56	TRUE	61	193	546	546		
23	45				21	23;782	True;True	25;859	91;92;93;94;95;2796;2797;2798;2799;2800;2801;2802;2803;2804	250;251;252;253;254;255;256;257;258;259;260;261;262;263;9107;9108;9109;9110;9111;9112;9113;9114;9115;9116;9117;9118;9119;9120;9121;9122;9123;9124;9125;9126;9127;9128;9129;9130;9131;9132;9133;9134;9135;9136;9137	114;9115;9116;9117;9118;9119;9120;9121;9122;9123;9124;9125;9126;9127;9128;9129;9130;9131;9132;9133;9134;9135;9136;9137	256;9115	
24	0 +				22	603	TRUE	658	2245	7474	7474	15	

	AZ	BA	BB	BC	BD	BE	BF	BG	BH	BI	BJ	BK
25	0 +				23	695	TRUE	759	2510	8141	8141	
26	0				24	226	TRUE	248 777;778	2300;2301		2301	
27	0 +				25	197	TRUE	217	686	2072	2072	
28	4				26	445	TRUE	482 1739;1740;1741;1742	5918;5919;5920;5921		5921	
29	1				27	345	TRUE	378	1217	3502	3502	

	AZ	BA	BB	BC	BD	BE	BF	BG	BH	BI	BJ	BK
30	0				28	823	TRUE	906	2963	9595	9595	16;17
31	0				29	546	TRUE	595	2066;2067	6982;6983	6983	18
32	0 +				30	117	TRUE	128	404;405	1224;1225	1225	
33	0				31	543	TRUE	592	2061	6975	6975	

	AZ	BA	BB	BC	BD	BE	BF	BG	BH	BI	BJ	BK
34	0				32	301	TRUE	327	1029;1030	2932;2933	2932	
35	0 +				33	552	TRUE	601	2083	7007	7007	19
36	0 +				34	519	TRUE	563	1932	6430	6430	
37	0 +				35	288	TRUE	311	952	2680	2680	20
38	5				36	116;428	True;True	127;465	403;1697;1698;1699;1700	1223;5808;5809;5810;5811	1223;5811	

	AZ	BA	BB	BC	BD	BE	BF	BG	BH	BI	BJ	BK
39	2				37	101	TRUE	110	357	1065;1066	1065	
40	0 +				38	466	TRUE	503	1796	6062	6062	
41	0				39	614	TRUE	670	2268	7519	7519	
42	1				40	542	TRUE	591	2060	6974	6974	
43	0				41	554	TRUE	603	2085;2086;2087	7009;7010;7011;7012	7012	

	AZ	BA	BB	BC	BD	BE	BF	BG	BH	BI	BJ	BK	
44	0 +				42	357	TRUE	390	1241		3564	3564	
45	0 +				43	25	TRUE	27	98		267	267	
46	0 +				44	381	TRUE	415	1289		3641	3641	21
47	0 +				45	604	TRUE	659;660	2246;2247	7475;7476		7476 22;23	
48	2				46	455	TRUE	492	1760;1761	5965;5966		5966	
49	0 +				47	298	TRUE	324	1024		2922	2922	

	AZ	BA	BB	BC	BD	BE	BF	BG	BH	BI	BJ	BK	
50	0				48	517	TRUE	559	1917		6403	6403	
51	0 +				49	222	TRUE	244	768		2287	2287	
52	5				50	313;693	True;True	340;757	1059;1060;1061;2505	2997;2998;2999;3000;8133	2998;8133		
53	0 +				51	534	TRUE	582	2014		6802	6802	
54	0				52	486	TRUE	524	1830		6165	6165	24

	AZ	BA	BB	BC	BD	BE	BF	BG	BH	BI	BJ	BK
55	0 +				53	102	TRUE	111	358		1067	1067 25
56	1				54	563	TRUE	613	2120		7080	7080
57	0				55	157	TRUE	173	550		1740	1740 26;27
58	0				56	79	TRUE	85	248		697	697 28;29

	AZ	BA	BB	BC	BD	BE	BF	BG	BH	BI	BJ	BK
59	0				57	448	TRUE	485	1745	5924	5924	30
60	0				58	529	TRUE	573;574	1959;1960	6513;6514	6513	31
61	0				59	435	TRUE	472	1710	5827;5828	5827	
62	0				60	622	TRUE	679	2294;2295	7585;7586	7585	
63	2				61	503;809	True;True	545;890	1883;2903	6313;9379	6313;9379	

	AZ	BA	BB	BC	BD	BE	BF	BG	BH	BI	BJ	BK
64	0				62	564	TRUE	614	2121		7081	7081
65	0				63	471	TRUE	508	1802		6069	6069 32
66	0 +				64	171	TRUE	188	587		1842	1842
67	0				65	155	TRUE	171	545	1729;1730		1730 33;34
68	1				66	523;597	True;True	567;652	1937;2216	6437;7377	6437;7377	35

	AZ	BA	BB	BC	BD	BE	BF	BG	BH	BI	BJ	BK
69	3				67	3	TRUE		3 7;8;9	7;8;9	9	
70	0				68	396	TRUE	430	1344;1345	3854;3855	3854	
71	0				69	784	TRUE	861;862;863	2807;2808;2809;2810;2811;2812;2813	9140;9141;9142;9143;9144;9145;9146;9147;9148	9143	
72	6				70	97;219;250;307;449	True;True;True;True;True	106;241;272;333;334;486	347;750;850;1043;1044;1746;1747	1045;2246;2435;2961;2962;5925;5926	1045;2246;2435;2961;5926	
73	0				71	666	TRUE	726		2438	7992	7992
74	4			+	72	433	TRUE	470	1707	5819;5820;5821;5822	5819	

	AZ	BA	BB	BC	BD	BE	BF	BG	BH	BI	BJ	BK
75	0				73	81	TRUE	88	251	700	700	36;37
76	0				74	286	TRUE	309	948	2675	2675	
77	0 +				75	71	TRUE	77	239	687	687	38
78	0				76	504	TRUE	546	1884	6314	6314	
79	4				77	567	TRUE	617	2133;2134	7138;7139;7140;7141	7139	
80	0				78	575	TRUE	627	2174	7290	7290	
81	0				79	659	TRUE	719	2421	7962	7962	

	AZ	BA	BB	BC	BD	BE	BF	BG	BH	BI	BJ	BK
82	4				80	202	TRUE	222	700;701;702;703	2126;2127;2128;2129	2128	
83	0				81	814	TRUE	896	2926	9487	9487	
84	1				82	13	TRUE	14	54	153	153	
85	0 +				83	650	TRUE	709	2403	7931	7931	
86	1		+		84	34	TRUE	36	120	331	331	
87	1		+		85	761	TRUE	833	2730	8905	8905	
88	1		+		86	112	TRUE	123	396	1213	1213	
89	34		+		87	176;330;498; 750;787;807	True;True;True;Tr ue;True;True	195;363;540;821;86 7;888	624;625;626;627;628;62 9;630;1176;1177;1876;1 877;1878;2699;2700;28 26;2827;2828;2896;289 7;2898;2899	1954;1955;1956;1957;1958;1959;1960;1961;1962; 1963;1964;1965;1966;1967;1968;3419;3420;6303; 6304;6305;6306;6307;8810;8811;8812;8813;8814; 9201;9202;9203;9204;9205;9357;9358;9359;9360; 9361;9362;9363	1968;3420;6306 ;8813;9204;936 2	39;40
90	1 +		+		88	30;403;581;5 82;713;751	False;False;False;F alse;False;True	32;437;633;634;635 ;780;822	109;110;1361;1362;136 3;2187;2188;2189;2190; 2191;2192;2193;2583;2 584;2585;2701	289;290;291;292;3886;3887;3888;7334;7335;7336 7337;7338;7339;7340;7341;7342;7343;7344;7345; 7346;7347;7348;7349;7350;8445;8446;8447;8448; 8449;8450;8451;8815	289;3886;7346; 7350;8449;8815	

	AZ	BA	BB	BC	BD	BE	BF	BG	BH	BI	BJ	BK
91	0 +			+	89	209;458	False;True	230;495	725;726;1771	2191;2192;5977	2192;5977	41
92	9			+	90	95;208;399;7 46	True;True;True;True	104;229;433;817	343;344;345;721;722;723; 3;724;1351;1352;2690;2691; 691;2692;2693;2694	1038;1039;1040;1041;1042;1043;2169;2170;2171; 2172;2173;2174;2175;2176;2177;2178;2179;2180; 2181;2182;2183;2184;2185;2186;2187;2188;2189; 2190;3870;3871;3872;8797;8798;8799;8800;8801; 8802;8803;8804;8805	1039;2188;3871 ;8803	42;43;44;45
93	22			+	91	29;731	True;True;True;True	52;342;343;344;345 ;346;347;348;364;4	8;1069;1070;1071;1072; 1073;1074;1075;1076;1 077;1078;1079;1080;10 81;1082;1083;1084;108 5;1086;1087;1088;1089; 1090;1091;1092;1093;1 094;1095;1096;1097;10 98;1099;1100;1101;110 2;1103;1104;1105;1106; 1107;1108;1109;1110;1 111;1112;1113;1114;11 15;1116;1117;1118;111 9;1120;1121;1122;1123; 1124;1125;1126;1127;1 128;1129;1130;1131;11 32;1133;1134;1135;113 6;1137;1138;1139;1140; 1141;1142;1143;1144;1 145;1178;1381;1382;13 83;1384;1385;1386;138 7;1388;1389;1390;1391; 1392;1393;1394;1395;1 396;1397;1398;1399;14 00;1401;1402;1403;140 4;1405;1406;1407;1408; 1409;1410;1411;1412;1 413;1414;1415;1416;14 17;1418;1419;1420;142	15;3016;3017;3018;3019;3020;3021;3022;3023;30 24;3025;3026;3027;3028;3029;3030;3031;3032;30 33;3034;3035;3036;3037;3038;3039;3040;3041;30 42;3043;3044;3045;3046;3047;3048;3049;3050;30 51;3052;3053;3054;3055;3056;3057;3058;3059;30 60;3061;3062;3063;3064;3065;3066;3067;3068;30 69;3070;3071;3072;3073;3074;3075;3076;3077;30 78;3079;3080;3081;3082;3083;3084;3085;3086;30 87;3088;3089;3090;3091;3092;3093;3094;3095;30 96;3097;3098;3099;3100;3101;3102;3103;3104;31 05;3106;3107;3108;3109;3110;3111;3112;3113;31 14;3115;3116;3117;3118;3119;3120;3121;3122;31 23;3124;3125;3126;3127;3128;3129;3130;3131;31 32;3133;3134;3135;3136;3137;3138;3139;3140;31 41;3142;3143;3144;3145;3146;3147;3148;3149;31 50;3151;3152;3153;3154;3155;3156;3157;3158;31 59;3160;3161;3162;3163;3164;3165;3166;3167;31 68;3169;3170;3171;3172;3173;3174;3175;3176;31 77;3178;3179;3180;3181;3182;3183;3184;3185;31 86;3187;3188;3189;3190;3191;3192;3193;3194;31 95;3196;3197;3198;3199;3200;3201;3202;3203;32 04;3205;3206;3207;3208;3209;3210;3211;3212;32 13;3214;3215;3216;3217;3218;3219;3220;3221;32 22;3223;3224;3225;3226;3227;3228;3229;3230;32 31;3232;3233;3234;3235;3236;3237;3238;3239;32 40;3241;3242;3243;3244;3245;3246;3247;3248;32 49;3250;3251;3252;3253;3254;3255;3256;3257;32 58;3259;3260;3261;3262;3263;3264;3265;3266;32 8;8669;8705	506;3338;3354; 3422;5552;5968 ;7506;7994;799	46;47;48;49;50;51
94	87			+	92	3;797	True;True;True;True	80;824;860;878	12;109;110;166;186;187 ;188;189;190;191;237;2 38;664;665;870;871;872 ;874;875;1164;1165;116 6;1167;1361;1362;1363; 1689;1690;1880;2291;2 292;2545;2583;2584;25 6310;7581;7582;8347;8445;8446;8447;8448;8449; 85;2707;2708;2709;271 0;2711;2712;2805;2806; 8829;8830;8831;8832;8833;8834;8835;8836;8837; 2856	12;13;289;290;291;292;504;530;531;532;533;534;5 35;536;537;538;539;540;541;542;543;544;685;686 2020;2021;2470;2471;2472;2473;2474;2475;2476; 2478;2479;3391;3392;3393;3394;3395;3396;3397; 3398;3399;3400;3401;3402;3403;3404;3405;3406; 3407;3886;3887;3888;5793;5794;5795;5796;6309; 8450;8451;8822;8823;8824;8825;8826;8827;8828; 8829;8830;8831;8832;8833;8834;8835;8836;8837; 12;289;504;534; 685;2020;2471; ;5794;6310;758	28;9138;9266	52;53;54

	AZ	BA	BB	BC	BD	BE	BF	BG	BH	BI	BJ	BK
99	82			+	97	111	TRUE	121;122	5	1131;1132;1133;1134;1135;1136;1137;1138;1139; 1140;1141;1142;1143;1144;1145;1146;1147;1148; 1149;1150;1151;1152;1153;1154;1155;1156;1157; 1158;1159;1160;1161;1162;1163;1164;1165;1166; 1167;1168;1169;1170;1171;1172;1173;1174;1175; 1176;1177;1178;1179;1180;1181;1182;1183;1184; 379;380;381;382;383;384;385;386;387;388;389; 1194;1195;1196;1197;1198;1199;1200;1201;1202; 390;391;392;393;394;395;1203;1204;1205;1206;1207;1208;1209;1210;1211; 1212	1156	
100	59			+	98	550;612;656; 812;819;820	True;True;True;True;True;True	599;668;715;894;902;903	2075;2076;2077;2078;2079;2263;2264;2265;2409;2410;2411;2412;2413;2414;2415;2915;2916;2917;2918;2919;2951;2952;2953;2954;2955	6992;6993;6994;6995;6996;6997;6998;6999;7000; 7001;7513;7514;7515;7516;7938;7939;7940;7941; 7942;7943;7944;7945;7946;7947;7948;7949;7950; 7951;7952;7953;7954;9409;9410;9411;9412;9413; 9414;9415;9416;9417;9418;9419;9420;9421;9422; 9423;9424;9425;9426;9427;9428;9429;9430;9573; 9574;9575;9576;9577;9578;9579;9580;9581;9582	6992;7513;7948 ;9430;9575;9582	59
101	111			+	99	419;454;711; 712;725;762; 763;788;790	True;True;True;True;True;True;True;True	455;491;778;779;794;795;834;835;868;870	1660;1754;1755;1756;1757;1758;1759;2573;2574;2575;2576;2577;2578;2579;2580;2581;2582;2620;2621;2622;2623;2624;2625;2626;2627;2628;2629;2731;2732;2733;2734;2735;2736;2829;2830;2831;2832;2833;2834;2835;2836;2837;2839	5739;5934;5935;5936;5937;5938;5939;5940;5941; 5942;5943;5944;5945;5946;5947;5948;5949;5950; 5951;5952;5953;5954;5955;5956;5957;5958;5959; 5960;5961;5962;5963;5964;8417;8418;8419;8420; 8421;8422;8423;8424;8425;8426;8427;8428;8429; 8430;8431;8432;8433;8434;8435;8436;8437;8438; 8439;8440;8441;8442;8443;8444;8569;8570;8571; 8572;8573;8574;8575;8576;8577;8578;8579;8580; 8581;8582;8583;8584;8585;8586;8587;8588;8589; 8590;8591;8592;8593;8594;8595;8596;8597;8598; 8599;8600;8601;8602;8603;8604;8605;8606;8607; 8906;8907;8908;8909;8910;8911;8912;8913;8914; 8915;8916;9206;9207;9208;9209;9210;9211;9212; 9213;9214;9215;9216;9217;9218;9219;9220;9221; 9222;9223;9224;9225;9226;9227;9228;9229;9230; 9231;9232;9233;9234;9235;9236;9237;9238;9241	5739;5945;8420 ;8430;8587;8912;8915;9210;92	60;61

	AZ	BA	BB	BC	BD	BE	BF	BG	BH	BI	BJ	BK															
									5;476;477;478;479;727; 728;729;730;731;732;73 3;734;735;751;752;753; 754;755;756;757;758;75 9;760;761;762;763;808; 809;810;811;812;813;81 4;1035;1036;1037;1038; 1039;1040;1264;1308;1 309;1310;1311;1312;13 13;1314;1711;1712;171 3;1714;1715;1716;1717; 1718;1749;1750;1751;1 889;1890;1891;1893;18 94;1895;1896;1897;189 8;1918;1919;1920;1921; 1922;1923;1924;1925;1 926;1927;1928;1929;19 30;1931;2123;2124;212 5;2126;2127;2128;2129; 2130;2131;2132;2322;2 11;127;132;2 10;220;240;3 04;375;387;4 36;451;506;5 08;518;566;6 27;639;641;6 43;648;649;6 52;699;707;7								1449;1450;1451;1452;1453;1454;1455;1456;2193; 2194;2195;2196;2197;2198;2199;2200;2201;2202; 2203;2204;2205;2206;2207;2208;2209;2210;2211; 2212;2213;2214;2215;2216;2217;2247;2248;2249; 2250;2251;2252;2253;2254;2255;2256;2257;2258; 2259;2260;2261;2262;2263;2264;2265;2266;2267; 2268;2269;2270;2271;2272;2273;2274;2275;2276; 2277;2278;2279;2280;2281;2364;2365;2366;2367; 2368;2369;2370;2371;2940;2941;2942;2943;2944; 2945;2946;2947;2948;2949;2950;2951;2952;2953; 2954;2955;2956;2957;2958;3593;3594;3692;3693; 3694;3695;3696;3697;3698;3699;3700;3701;3702; 3703;3704;3705;3706;3707;3708;3709;3710;3711; 3712;3713;3714;3715;3716;3717;3718;3719;3720; 3721;3722;3723;3724;3725;3726;3727;3728;3729; 3730;3731;3732;3733;3734;3735;3736;3737;3738; 3739;3740;3741;3742;3743;3744;3745;3746;3747; 3748;3749;3750;3751;3752;3753;3754;3755;3756; 3757;3758;5829;5830;5831;5832;5833;5834;5835; 5836;5837;5838;5839;5840;5841;5842;5843;5844; 5845;5846;5847;5848;5849;5850;5851;5852;5853; 5854;5928;5929;5930;5931;6325;6326;6327;6328; 6329;6331;6332;6333;6334;6335;6336;6337;6404; 2375;2394;2395;2396;2 397;2398;2399;2400;24 01;2402;2405;2514;251 5;2516;2517;2518;2519; 2520;2521;2522;2523;2 1625;1626;1627										
104	279			+	102	09;710;801	;True;True;True	12;140;146;147;231	323;2324;2325;2359;23	5845;5846;5847;5848;5849;5850;5851;5852;5853; 5854;5928;5929;5930;5931;6325;6326;6327;6328; 6329;6331;6332;6333;6334;6335;6336;6337;6404; 2375;2394;2395;2396;2 397;2398;2399;2400;24 01;2402;2405;2514;251 5;2516;2517;2518;2519; 2520;2521;2522;2523;2	146;1412;1456; 2208;2251;2369																
105	3			+	103	410	TRUE	445	1625;1626;1627	5624;5625;5626	5625	93															
									109;110;165;186;187;18 8;189;190;191;260;661; 662;663;670;868;869;87 4;875;1052;1053;1054;1 055;1056;1361;1362;13 63;1688;2504;2583;258 4;2585;2707;2708;2709; 2710;2711;2712;2724;2 725;2805;2806;2857;28 4;830;831;860;879																		
106	31			+	104	798	ue	4;830;831;860;879	58	9;9267;9268;9269	;9138;9267	53;94															

	AZ	BA	BB	BC	BD	BE	BF	BG	BH	BI	BJ	BK
									5;555;556;557;558;559;560;561;692;693;764;765;766;767;815;816;817;818;819;820;828;829;830;831;832;833;834;937;938;939;940;941;942;943;944;945;946;947;1147;1148;1149;1150;1151;1152;1153;1249;1335;1881;2089;2090;2091;2092;2093;2094;2095;2096;2097;2098;2099;2105;2106;2107;2108;2109;2110;2111;2112;2113;2114;2115;2204;2205;2206;2207;2279;2280;2281;2282;2283;2284;2285;2286;2287;2288;2289;2328;2329;2330;2331;2332;2446;2447;2448;2449;2450;2451;2550;2551;2552;2553;2554;2555;2561;2774;2775;2776;2777;2778;2779;2780;2781;2782;2783;2784;2785;2786;2847;2848;2849;2850;2851;2852;2853;2854;	1058;1059;1060;1061;1062;1063;1749;1750;1751;1752;1753;1754;1755;1756;1757;1758;1759;1760;1761;1762;1763;1764;1765;1766;1767;1768;1769;1770;1771;1772;1773;1774;1775;1776;1777;1778;1779;1780;1781;1782;1783;1784;1785;1786;1787;1788;1789;1790;1791;1792;1793;1794;2086;2087;2282;2283;2284;2285;2286;2372;2373;2374;2375;2376;2377;2378;2379;2380;2381;2382;2383;2384;2385;2386;2387;2388;2389;2398;2399;2400;2401;2402;2403;2404;2405;2406;2407;2639;2640;2641;2642;2643;2644;2645;2646;2647;2648;2649;2650;2651;2652;2653;2654;2655;2656;2657;2658;2659;2660;2661;2662;2663;2664;2665;2666;2667;2668;2669;2670;2671;2672;2673;2674;3364;3365;3366;3367;3368;3369;3370;3371;3573;3574;3840;6311;7014;7015;7016;7017;7018;7019;7020;7021;7022;7023;7024;7025;7026;7027;7028;7029;7030;7031;7032;7033;7034;7035;7036;7037;7038;7039;7040;7041;7042;7043;7044;7045;7046;7047;7048;7049;7050;7057;7058;7059;7060;7061;7062;7063;7064;7065;7066;7067;7068;7069;7070;7071;7072;7073;7074;7075;7362;7363;7364;7365;7366;7563;7564;7565;7566;7567;7568;7569;7570;7571;7572;7573;7574;7575;7576;7577;7578;7579;7706;7707;7708;7709;7710;7711;7712;7713;8000;8001;8002;8003;8004;8005;8357;8358;8359;8360;8361;8362;8363;8364;8365;8366;8367;8368;8369;8370;8371;8372;8373;8374;8375;8376;8377;8378;8379;8380;8381;		
111	205			+	109	74;796	;True;True	851;876;877	2855	8373;8374;8375;8376;8377;8378;8379;8380;8381;56	1054;1783;2086;2284;2386;2398;2674;3366;3574;3840;6311;7016;7058;7065;7364;7565;7578;7707;8003;8368;8390;9061;92	101;102

	AZ	BA	BB	BC	BD	BE	BF	BG	BH	BI	BJ	BK
121	0 +				119	791	TRUE	871	2840		9242	9242
122	0 +				120	467	TRUE	504	1797		6063	6063
123	0				121	553	TRUE	602	2084		7008	7008
124	0 +				122	528	TRUE	572	1958		6512	6512
125	0				123	480	TRUE	517	1811		6078	6078
126	1				124	370	TRUE	404	1257		3586	3586

	AZ	BA	BB	BC	BD	BE	BF	BG	BH	BI	BJ	BK	
127	0 +				125	270	TRUE	293	899		2558	2558	
128	1				126	432	TRUE	469	1706		5818	5818	
129	9				127	165;187;282; 320;696;785	True;True;True;True;True	182;207;305;353;760;864	575;660;932;1155;1156;2511;2814	1824;1825;2014;2634;3373;3374;3375;8142;9149;9150	1825;2014;2634;3375;8142;9149		
130	0				128	356	TRUE	389	1240		3563	3563	
131	0				129	231	TRUE	253	791		2330	2330	111
132	0				130	489	TRUE	529	1848		6236	6236	

	AZ	BA	BB	BC	BD	BE	BF	BG	BH	BI	BJ	BK
133	1				131	129	TRUE	143	467		1419	1419
134	0				132	595	TRUE	650	2214	7374;7375	7375	112;113
135	0				133	80	TRUE	86;87	249;250	698;699	699	
136	2				134	657	TRUE	716	2416	7955;7956	7956	
137	0				135	485	TRUE	523	1829		6164	6164
138	0+				136	148	TRUE	164	533		1717	1717

	AZ	BA	BB	BC	BD	BE	BF	BG	BH	BI	BJ	BK
139	2				137	621	TRUE	678	2293	7583;7584	7584	
140	1				138	340	TRUE	373	1207		3491	3491
141	1				139	273;698	True;True	296;762	912;913;914;2513	2597;2598;2599;8144	2598;8144	
142	0				140	311	TRUE	338	1057		2995	2995
143	2				141	170	TRUE	187	585;586	1840;1841	1841	

	AZ	BA	BB	BC	BD	BE	BF	BG	BH	BI	BJ	BK
144	0 +				126;209;371; 142	426;647	False;False;False;F alse;True	139;230;405;463;70 5	459;460;725;726;1258;1 259;1260;1691;1692;16 93;1694;1695;2392;239 3	1410;1411;2191;2192;3587;3588;3589;5797;5798; 5799;5800;5801;5802;5803;5804;5805;7861;7862	1411;2192;3588 ;5800;7861	56
145	1				143	598	TRUE	653	2217	7378	7378	
146	0				144	297	TRUE	323	1023	2921	2921	
147	3				145	15;736;737	True;True;True	16;807;808	59;2667;2668	161;8735;8736	161;8735;8736	
148	4				146	125;237;678	True;True;True	138;259;739	458;802;2459;2460	1409;2349;8014;8015	1409;2349;8015	
149	6				147	58;154;232;2 56	True;True;True;Tr ue	63;170;254;278	195;541;542;543;544;79 2;793;859	548;1725;1726;1727;1728;2331;2332;2452	548;1728;2331; 2452	
150	0				148	473	TRUE	510	1804	6071	6071	114

	AZ	BA	BB	BC	BD	BE	BF	BG	BH	BI	BJ	BK
151	0 +				149	568	TRUE	618	2135	7142	7142	
152	0 +				150	206	TRUE	227	715	2161	2161	115
153	8				151	162;364	True;True	178;398	568;569;1250	1811;1812;1813;1814;1815;1816;1817;3575	1813;3575	
154	1				152	478	TRUE	515	1809	6076	6076	
155	0				153	24	TRUE	26	96;97	264;265;266	265	116;117;118

	AZ	BA	BB	BC	BD	BE	BF	BG	BH	BI	BJ	BK	
156	1				154	163	TRUE	179	570		1818	1818	
157	0				155	549	TRUE	598	2074		6991	6991	
158	0				156	578	TRUE	630	2177;2178	7293;7294		7294	
159	0				157	360	TRUE	394	1246		3570	3570	119
160	0 +				158	565	TRUE	615	2122		7082	7082	

	AZ	BA	BB	BC	BD	BE	BF	BG	BH	BI	BJ	BK
161	0 +				159	492	TRUE	532	1858	6256	6256	
162	0 +				160	258	TRUE	280	863	2462	2462	
163	0				161	379	TRUE	413	1281	3628	3628	
164	0				162	722	TRUE	791	2616	8564	8564	
165	0				163	502	TRUE	544	1882	6312	6312	
166	7				164	83;390	True;True	90;424	253;254;1330;1331;1332	702;703;704;3831;3832;3833;3834;3835;3836;3837	703;3837	
167	6				165	300;795	True;True	326;875	1028;2844;2845;2846	2931;9246;9247;9248;9249;9250	2931;9248	
168	7				166	378	TRUE	412	1277;1278;1279;1280	3621;3622;3623;3624;3625;3626;3627	3622	

	AZ	BA	BB	BC	BD	BE	BF	BG	BH	BI	BJ	BK														
										1242;1243;1244;1245;1246;1247;1248;1249;1250; 1251;1252;1253;1254;1255;1256;1257;1258;1259; 1260;1261;1262;1263;1264;1265;1266;1267;1268; 1269;1270;1271;1272;1273;1274;1275;1276;1277; 1278;1279;1280;1281;1282;1283;1284;1285;1286; 1287;1288;1289;1290;1291;1292;1293;1294;1295; 1296;1297;1298;1299;1300;1301;1302;1303;1304; 1305;1306;1307;1308;1309;1310;1311;1312;1313; 1314;1315;1316;1317;1318;1319;1320;1321;1322; 411;412;413;414;415;41 6;417;418;419;420;421; 422;423;424;425;426;42 7;428;429;430;431;432; 433;434;435;436;437;43 8;439;440;441;442;443; 444;445;446;447;448;44 9;965;966;967;968;969; 970;971;972;973;974;97 5;976;977;978;979;980; 981;982;983;984;985;98 6;987;988;989;990;991; 2140;2141;2142;2143;2 144;2145;2146;2147;21 48;2149;2150;2151;215 2;2153;2154;2155;2156; 121;122;290; 572;573;594; True;True;True;Tr									1323;1324;1325;1326;1327;1328;1329;1330;1331; 1332;1333;1334;1335;1336;1337;1338;1339;1340; 1341;1342;1343;1344;1345;1346;1347;1348;1349; 1350;1351;1352;1353;1354;1355;1356;1357;1358; 1359;1360;1361;1362;1363;1364;1365;1366;1367; 1368;1369;1370;1371;1372;1373;1374;1375;1376; 1377;1378;1379;1380;1381;1382;1383;1384;1385; 1386;1387;1388;1389;1390;1391;1392;1393;1394; 1395;1396;2739;2740;2741;2742;2743;2744;2745; 2746;2747;2748;2749;2750;2751;2752;2753;2754; 2755;2756;2757;2758;2759;2760;2761;2762;2763; 2764;2765;2766;2767;2768;2769;2770;2771;2772; 2773;2774;2775;2776;2777;2778;2779;2780;2781; 2782;2783;2784;2785;2786;2787;2788;2789;2790; 2791;2792;2793;2794;2795;2796;2797;2798;2799; 2800;2801;2802;2803;2804;2805;2806;2807;2808; 2809;2810;2811;2812;2813;2814;2815;2816;2817; 2818;2819;2820;2821;2822;2823;2824;2825;2826; 2827;2828;2829;2830;7147;7148;7149;7150;7151; 3;8452			132;133;134;135;31 3;314;622;623;624; 161;2162;2163;2164;22 12;2213;2586		2157;2158;2159;2160;2 161;2162;2163;2164;22 12;2213;2586	1364;1395;2815 7182;7255;737	
169	166				167	714	ue;True;True;True	625;648;649;781		367;368;369;370;371;372;373;374;375;376;377;37 8;379;380;381;382;383;384;385;386;387;388;389; 90;391;392;965;998;999;1000;1001;1002;1003;100 4;1005;1006;1007;1008;1009;1010;1011;1012;101 3;1014;1015;1016;1017;1018;1019;1020;1420;142 1;1422;1423;1424;1425;1426;1427;1428;1429;143 0;1431;1432;1433;1434;1435;1722;1723;6967;696 8;6969;6970;6971;6972;6973;6989;6990;8017;801 8;8019;8020;8021;8022;8023;8024;8025;8026;802 7;8028;8029;8030;8031;8032;8033;8034;8035;803 6;8037;8933;8934;8935;8936;8937;8938;8939;894 0;8941;8942;8943;8944;8945;8946;8947;8948;894 9;8950;8951;8952;8953;8954;8955;8956;8957;895 8;8959;8960;9080;9081;9082;9083;9084;9085;908 6;9087;9088;9089;9090;9091;9092;9093;9094;909 5;9096;9097;9098;9099;9100;9101;9102;9103;910 4;9105;9106			41;42;90;93; 130;152;533; 541;548;680; 767;780;781	ue;True;True;True ue;True;True;True ue;True;True;Tr	43;44;45;97;102;14 4;168;590;597;741; 742;743;744;840;84 1;857;858		379;391;965;10 15;1421;1722;6 970;6990;8019; 8952;9092;9106	0;1;2;3;122;123								
170	67				168	767;780;781	ue;True;True	1;857;858	95																	

	AZ	BA	BB	BC	BD	BE	BF	BG	BH	BI	BJ	BK	
171	101				169	63;131;144;161;309;418;570;637;701;745	True;True;True;True;True;True;True	68;145;160;177;336;454;620;694;695;767;816		560;561;562;1436;1437;1438;1439;1440;1441;1442;1443;1582;1796;1797;1798;1799;1800;1801;1802;1803;1804;1805;1806;1807;1808;1809;1810;2974;2975;2976;2977;2978;2979;5704;5705;5706;5707;5708;5709;5710;5711;5712;5713;5714;5715;5716;5717;5718;5719;5720;5721;5722;5723;5724;5725;205;470;471;472;473;510;563;564;565;566;567;1049;1050;1051;1652;1653;1654;1655;1656;1657;5726;5727;5728;5729;5730;5731;5732;5733;5734;5735;5736;5737;5738;7144;7145;7750;7751;7752;7753;7754;7755;7756;7757;7758;7759;7760;8316;8317;8318;8319;8320;8321;8322;8323;8324;8325;8326;8327;8328;8329;8330;8331;8332;8333;8334;8335;8336;8337;8338;8339;8340;8341;8796	560;1441;1582;1810;2979;5705;7144;7759;8331;8796	124	
172	3				170	168;218;278;691	False;True;True;True	185;240;301;755		581;582;583;749;923;924;2503	1835;2245;2622;8131		
173	14				171	33;205;408;521;758;777	True;True;True;True	35;226;442;565;829;854		118;119;714;1378;1379;1380;1934;2722;2723;2789	329;330;2160;3962;3963;3964;3965;6432;6433;6434;8873;8874;8875;8876;9072	330;2160;3962;6433;8874;9072	
174	1				172	251	TRUE	273	851	2436	2436		
175	29				173	158;308;469;676;827	True;True;True;True	174;335;506;737;911		551;552;553;554;1045;1046;1047;1048;1799;1800;2455;2981;2982;2983;1741;1742;1743;1744;1745;1746;1747;1748;2963;2964;2965;2966;2967;2968;2969;2970;2971;2972;2973;6066;6067;8009;9674;9675;9676;9677;9678;9679;9680	1741;2967;6067;8009;9677		

	AZ	BA	BB	BC	BD	BE	BF	BG	BH	BI	BJ	BK
176	0				174	180;497	True;True	199;538;539	635;636;637;638;1864;1865;1866;1867;1868;1869;1870;1871;1872;1873;1874;1875	1973;1974;1975;1976;1977;1978;1979;1980;1981;1982;1983;1984;6262;6263;6264;6265;6266;6267;6268;6269;6270;6271;6272;6273;6274;6275;6276;6277;6278;6279;6280;6281;6282;6283;6284;6285;6286;6287;6288;6289;6290;6291;6292;6293;6294;6295;6296;6297;6298;6299;6300;6301;6302	1975;6298	125
177	3				175	166;248	True;True	183;270	576;847;848	1826;2432;2433	1826;2433	
178	11				176	39;184;429	True;True;True	41;203;466	130;131;132;647;1701;1702	359;360;361;362;363;364;365;1995;5812;5813;5814	365;1995;5813	
179	0 +				177	688	TRUE	752	2495	8117	8117	126
180	35				178	1	True;True;True;True	568;893	7;146;168;279;414;524;811	104;105;106;107;108;109;110;111;112;113;114;115;116;117;118;119;120;121;122;123;124;125;126;127;128;129;130;131;132;133;134;135;136;137;138;139;140;141;142;143;144;145;146;147;148;149;150;151;152;153;154;155;156;157;158;159;160;161;162;163;164;165;166;167;168;169;170;171;172;173;174;175;176;177;178;179;180;181;182;183;184;185;186;187;188;189;190;191;192;193;194;195;196;197;198;199;200;201;202;203;204;205;206;207;208;209;210;211;212;213;214;215;216;217;218;219;220;221;222;223;224;225;226;227;228;229;230;231;232;233;234;235;236;237;238;239;240;241;242;243;244;245;246;247;248;249;250;251;252;253;254;255;256;257;258;259;260;261;262;263;264;265;266;267;268;269;270;271;272;273;274;275;276;277;278;279;280;281;282;283;284;285;286;287;288;289;290;291;292;293;294;295;296;297;298;299;300;301;302;303;304;305;306;307;308;309;310;311;312;313;314;315;316;317;318;319;320;321;322;323;324;325;326;327;328;329;330;331;332;333;334;335;336;337;338;339;340;341;342;343;344;345;346;347;348;349;350;351;352;353;354;355;356;357;358;359;360;361;362;363;364;365;366;367;368;369;370;371;372;373;374;375;376;377;378;379;380;381;382;383;384;385;386;387;388;389;390;391;392;393;394;395;396;397;398;399;400;401;402;403;404;405;406;407;408;409;410;411;412;413;414;415;416;417;418;419;420;421;422;423;424;425;426;427;428;429;430;431;432;433;434;435;436;437;438;439;440;441;442;443;444;445;446;447;448;449;450;451;452;453;454;455;456;457;458;459;460;461;462;463;464;465;466;467;468;469;470;471;472;473;474;475;476;477;478;479;480;481;482;483;484;485;486;487;488;489;490;491;492;493;494;495;496;497;498;499;500;501;502;503;504;505;506;507;508;509;510;511;512;513;514;515;516;517;518;519;520;521;522;523;524;525;526;527;528;529;530;531;532;533;534;535;536;537;538;539;540;541;542;543;544;545;546;547;548;549;550;551;552;553;554;555;556;557;558;559;560;561;562;563;564;565;566;567;568;569;570;571;572;573;574;575;576;577;578;579;580;581;582;583;584;585;586;587;588;589;590;591;592;593;594;595;596;597;598;599;600;601;602;603;604;605;606;607;608;609;610;611;612;613;614;615;616;617;618;619;620;621;622;623;624;625;626;627;628;629;630;631;632;633;634;635;636;637;638;639;640;641;642;643;644;645;646;647;648;649;650;651;652;653;654;655;656;657;658;659;660;661;662;663;664;665;666;667;668;669;670;671;672;673;674;675;676;677;678;679;680;681;682;683;684;685;686;687;688;689;690;691;692;693;694;695;696;697;698;699;700;701;702;703;704;705;706;707;708;709;710;711;712;713;714;715;716;717;718;719;720;721;722;723;724;725;726;727;728;729;730;731;732;733;734;735;736;737;738;739;740;741;742;743;744;745;746;747;748;749;750;751;752;753;754;755;756;757;758;759;760;761;762;763;764;765;766;767;768;769;770;771;772;773;774;775;776;777;778;779;780;781;782;783;784;785;786;787;788;789;790;791;792;793;794;795;796;797;798;799;800;801;802;803;804;805;806;807;808;809;810;811;812;813;814;815;816;817;818;819;820;821;822;823;824;825;826;827;828;829;830;831;832;833;834;835;836;837;838;839;840;841;842;843;844;845;846;847;848;849;850;851;852;853;854;855;856;857;858;859;860;861;862;863;864;865;866;867;868;869;870;871;872;873;874;875;876;877;878;879;880;881;882;883;884;885;886;887;888;889;890;891;892;893;894;895;896;897;898;899;900;901;902;903;904;905;906;907;908;909;910;911;912;913;914;915;916;917;918;919;920;921;922;923;924;925;926;927;928;929;930;931;932;933;934;935;936;937;938;939;940;941;942;943;944;945;946;947;948;949;950;951;952;953;954;955;956;957;958;959;960;961;962;963;964;965;966;967;968;969;970;971;972;973;974;975;976;977;978;979;980;981;982;983;984;985;986;987;988;989;990;991;992;993;994;995;996;997;998;999;1000	109;1711;1835;2626;5700;6449;9408	

	AZ	BA	BB	BC	BD	BE	BF	BG	BH	BI	BJ	BK
181	5				179	51;615	True;True	56;671	183;2269;2270;2271	527;7520;7521;7522;7523	527;7520	
182	6				180	752	TRUE	823	2702;2703;2704;2705;2706	8816;8817;8818;8819;8820;8821	8821	
183	3				181	29;631	True;True	31;688	108;2338	288;7730;7731	288;7731	
184	0 +				182	76	TRUE	82	245	694	694	
185	7				183	199;766;776	True;True;True	219;839;853	690;691;2746;2788	2081;2082;2083;2084;2085;8932;9071	2084;8932;9071	
186	0				184	372	TRUE	406	1261	3590	3590	127;128
187	4				185	344;660;720	True;True;True	377;720;789	1215;1216;2422;2610;2611	3500;3501;7963;8551;8552	3501;7963;8551	

	AZ	BA	BB	BC	BD	BE	BF	BG	BH	BI	BJ	BK
188	36				186	98;147;173;186 85;194;209;321;339;513;555;653;740	True;True;True;True;True;False;True;True;True;True;True	107;163;191;204;243;230;354;372;555;604;712;811	348;349;530;531;532;612;648;649;678;679;725;726;1157;1158;1159;1160;1204;1205;1206;1910;2088;2406;2677;2678	1046;1047;1048;1712;1713;1714;1715;1716;1920;1996;1997;2061;2062;2063;2191;2192;3376;3377;3378;3379;3380;3381;3382;3383;3384;3385;3386;3486;3487;3488;3489;3490;6384;7013;7934;7935;8777;8778;8779	1046;1714;1920;1997;2063;2192;3386;3487;6384;7013;7935;8777	
189	1				187	460	TRUE	497	1776	5982	5982	
190	9				188	137;224;742	True;True;True	153;246;813	489;772;773;774;775;2680;2681;2682	1470;2292;2293;2294;2295;2296;2297;2298;8781;8782;8783	1470;2296;8783	
191	304				189	18;40;64;145;167;358;383;465;609;616;623;760;824	True;True;True;True;True;True;True;True;True	191;417;502;665;672;680;832;907	66;67;68;133;206;207;208;209;210;211;212;213;214;215;511;512;513;514;515;516;517;518;519;520;521;522;523;524;525;526;527;528;577;578;579;580;1242;1292;1293;1294;1295;1296;1297;1792;1793;1794;1795;2253;2254;2255;2256;2272;2273;2274;2275;2276;2277;2278;2296;2297;2298;2299;2300;2301;2302;2303;2304;2305;2306;2307;2308;2309;2310;2311;2312;2313;2314;2315;2316;2317;2318;2726;2727;2728;2729;2964;2965;2966;2967	6;567;568;569;570;571;572;573;574;575;576;577;578;579;580;581;582;583;584;585;586;587;588;589;590;591;592;593;594;595;596;597;598;599;600;601;602;603;604;605;606;607;608;609;610;611;612;613;614;615;616;617;618;619;620;621;622;623;624;625;626;627;628;629;630;631;632;633;634;635;1583;1584;1585;1586;1587;1588;1589;1590;1591;1592;1593;1594;1595;1596;1597;1598;1599;1600;1601;1602;1603;1604;1605;1606;1607;1608;1609;1610;1611;1612;1613;1614;1615;1616;1617;1618;1619;1620;1621;1622;1623;1624;1625;1626;1627;1628;1629;1630;1631;1632;1633;1634;1635;1636;1637;1638;1639;1640;1641;1642;1643;1644;1645;1646;1647;1648;1649;1650;1651;1652;1653;1654;1655;1656;1657;1658;1659;1660;1661;1662;1663;1664;1665;1666;1667;1668;1669;1670;1671;1672;1673;1674;1675;1676;1677;1678;1679;1680;1681;1682;1683;1684;1685;1686;1687;1688;1689;1690;1691;1692;1693;1694;1695;1696;1697;1698;1699;1700;1701;1702;1703;1704;1705;1706;1707;1708;1709;1710;1827;1828;1829;1830;1831;1832;1833;1834;3565;3644;3645;3646;3647;3648;3649;3650;3651;3652;3653;3654;3655;3656;3657;3658;3659;3660;2307;2308;2309;2310;2311;2312;2313;2314;50;6051;6052;6053;6054;6055;6056;6057;6058;6059;6060;6061;7483;7484;7485;7486;7487;7488;7489;7490;7491;7492;7493;7494;7524;7525;7526;7527;7528;7529;7530;7531;7532;7533;7534;7535;75	173;366;602;1584;1833;3565;3662;6058;7485;7547;7641;8895;9602	

	AZ	BA	BB	BC	BD	BE	BF	BG	BH	BI	BJ	BK
192	0				190	741	TRUE	812	2679	8780	8780	130
193	0				191	118;271;442;562	True;True;True;True	129;294;479;612	406;407;408;900;901;902;903;904;905;1732;1733;1734;1735;2116;2117;2118;2119	1226;1227;1228;1229;1230;2559;2560;2561;2562;2563;2564;2565;2566;2567;2568;2569;2570;2571;2572;2573;2574;2575;2576;2577;2578;2579;2580;5888;5889;5890;5891;5892;5893;5894;5895;5896;5897;5898;5899;5900;5901;5902;5903;5904;5905;5906;5907;5908;5909;7076;7077;7078;7079	1226;2576;5905;7078	131;132;133;134;135;136;137;138;139;140;141
194	8				192	198	TRUE	218	687;688;689	2073;2074;2075;2076;2077;2078;2079;2080	2075	
195	0				193	252	TRUE	274		852	2437	2437
196	1				194	151	TRUE	167		537	1721	1721
197	0 +				195	119	TRUE	130		409	1231	1231
198	3				196	431;806	True;True	468;887	1705;2894;2895	5817;9355;9356	5817;9355	

	AZ	BA	BB	BC	BD	BE	BF	BG	BH	BI	BJ	BK										
										235;236;237;238;239;240;241;242;243;244;245;246;247;248;249;557;558;559;966;967;968;969;970;971;972;973;974;975;976;977;978;979;980;981;982;983;984;985;986;987;988;989;990;991;992;993;994;995;996;1100;1101;1102;1103;1104;1105;1106;1107;1108;1109;1110;1111;1112;1113;1114;1115;1116;1117;1118;1119;1120;1121;1122;1123;1124;1125;1126;1127;1128;1129;1130;1397;1398;1399;1400;1401;1402;1403;1404;1819;1820;1821;1822;1823;2628;2629;2630;2631;2632;2633;2913;2914;2915;2916;2917;2918;3510;3511;3512;3513;3514;386;87;88;89;90;202;203;204;312;313;314;315;316;317;318;319;370;371;372;373;374;375;376;377;378;450;451;452;453;454;571;572;573;574;928;929;930;931;1015;1016;1017;1018;1019;1020;1224;1225;1226;1227;1228;1229;1230;1231;2103;2104;2475;2476;2477;22;61;62;91;109;110;123;164;281;295;351;559;682;												
204	220				202	716;727	;True	83;784;797	7;2638;2639;2640;2641	657;8658;8659;8660;8661;8662;8663;8664	8090;8462;8622	144										
205	4				203	73;108;322	True;True;True	79;117;355	241;242;369;1161;1162	689;690;691;1099;3387;3388;3389	691;1099;3388											
206	28				204	113;335;743	True;True;True	124;368;814	397;398;399;1192;1193;1194;2683;2684;2685;2686	1214;1215;1216;1217;1218;1219;3457;3458;3459;3460;3461;3462;3463;3464;3465;3466;3467;3468;8784;8785;8786;8787;8788;8789;8790;8791;8792;8793	1218;3458;8790											
207	1				205	66	TRUE	71	218		638	638										
208	4				206	17	True;True;True;True	84;571;638;785	247;1957;2199;2200;2593	696;6511;7356;7357;8469	696;6511;7357;8469											

	AZ	BA	BB	BC	BD	BE	BF	BG	BH	BI	BJ	BK
213	0				211	601	TRUE	656	2236	7443	7443	
214	78				212	0;815	ue;True;True;Tr ue;True;True;True ;True;True;True;Tr ue;True;True;True	30;39;210;237;249; 269;359;365;375;42 7;452;505;687;897	1179;1213;1336;1337;1 338;1339;1650;1798;23 33;2334;2335;2336;233 7;2927;2928	275;276;277;278;279;280;281;282;283;284;285;28 6;287;357;2022;2023;2024;2025;2026;2027;2028;2 029;2030;2231;2302;2303;2304;2421;2422;2423;2 424;2425;2426;2427;2428;2429;2430;2431;3409;3 410;3411;3412;3413;3414;3415;3424;3498;3841;3 842;3843;3844;3845;3846;3847;3848;3849;5702;6 410;3411;3412;3413;3414;3415;3424;3498;3841;3 287;357;2025;2 231;2302;2431; 064;6065;7714;7715;7716;7717;7718;7719;7720;7 721;7722;7723;7724;7725;7726;7727;7728;7729;9 488;9489;9490;9491	287;357;2025;2 231;2302;2431; 3413;3424;3498 ;3845;5702;606 4;7716;9491	
215	2				213	349;398	True;True	382;432	1222;1350	3508;3869	3508;3869	
216	3				214	352	TRUE	385	1232	3536;3537;3538	3536	
217	3				215	586;593	True;True	639;647	2201;2211	7358;7359;7371	7358;7371	
218	2				216	443	TRUE	480	1736;1737	5910;5911	5910	
219	0				217	104	TRUE	113	363	1091	1091	
220	0				218	545	TRUE	594	2065	6981	6981	146
221	0				219	591	TRUE	645	2209	7368;7369	7368	147

	AZ	BA	BB	BC	BD	BE	BF	BG	BH	BI	BJ	BK
222	0 +				220	633	TRUE	690	2346	7742	7742	148
223	0				221	587	TRUE	640	2202	7360	7360	
224	8				222	1;223	True;True	1;245	1;2;3;4;769;770;771	1;2;3;4;2288;2289;2290;2291	4;2291	
225	0				223	214	TRUE	236	742	2230	2230	
226	4				224	183;305;386; 756	True;True;True;True	202;331;420;827	646;1041;1307;2720	1994;2959;3691;8871	1994;2959;3691 ;8871	
227	0 +				225	135;234;260	False;True;False	151;256;282	487;798;866;867	1468;2341;2465;2466	1468;2341;2465	149
228	0				226	636	TRUE	693	2349;2350;2351	7745;7746;7747;7748;7749	7749	
229	0 +				227	611	TRUE	667	2262	7512	7512	150

	AZ	BA	BB	BC	BD	BE	BF	BG	BH	BI	BJ	BK
230	8				228	48;209;371;388;426	True;False;False;False;False	53;230;405;422;463	1693;1694;1695	507;508;509;510;511;512;513;514;2191;2192;3587;3588;3589;3759;3760;3761;3762;3763;3764;3765;3766;3767;3768;3769;3770;3771;3772;3773;3774;4;725;726;1258;1259;123775;3776;3777;3778;3779;3780;3781;3782;3783;60;1315;1316;1317;1313784;3785;3786;3787;3788;3789;3790;3791;3792;8;1319;1320;1691;1692;3793;5797;5798;5799;5800;5801;5802;5803;5804;5805	508;2192;3588;3778;5800	56
231	0				229	120	TRUE	131	410	1232	1232	
232	0 +				230	75	TRUE	81	244	693	693	151
233	0				231	728	TRUE	798	2642;2643;2644	8665;8666;8667	8667	
234	0				232	238	TRUE	260	803	2350	2350	
235	1				233	718	TRUE	786	2594	8470	8470	
236	75				234	48;808	;True;True;True	738;740;819;889	00;2901;2902	218;219;220;221;222;223;224;225;226;227;228;229;79;80;81;82;83;84;455;456;457;748;1220;1233;15;3506;3539;3540;3541;3838;3839;5703;5815;581234;1333;1334;1651;1703;1704;1708;1709;1736;5917;6385;6386;6387;6388;6389;6390;6391;6392;6393;6394;6395;6396;6397;6398;6399;6400;6431;6435;6436;8010;8011;8012;8013;8016;8807;9364;9365;9366;9367;9368;9369;9370;9371;9372;9373;9374;9375;9376;9377;9378	224;1406;2244;3505;3540;38393505;3540;3839;5703;5815;5824;5914;6400;64016;436;8013;8016;8807;9364;5914;6400;6431;6436;8013;8016;8807;9365	
237	7				235	341;440	True;True	374;477	1208;1209;1210;1211;1212;1730	3492;3493;3494;3495;3496;3497;5886	3496;5886	
238	3				236	225;772	True;True	247;847	776;2768	2299;9019;9020	2299;9019	

	AZ	BA	BB	BC	BD	BE	BF	BG	BH	BI	BJ	BK
239	1 +				237	5;31;70;189; 262;403;620; 713;753;783; 797	False;True;False;F alse;False;False;Fa lse;False;False;Fal se;False	5;33;75;76;209;285 ;437;677;780;824;8 60;878	12;111;237;238;664;665 ;870;871;872;1361;1362 ;1363;2291;2292;2583;2 5;8446;8447;8448;8449;8450;8451;8822;8823;882 584;2585;2707;2708;27 09;2710;2711;2712;280 5;2806;2856	12;13;293;685;686;2020;2021;2470;2471;2472;247 3;2474;2475;2476;3886;3887;3888;7581;7582;844 ;8825;8826;8827;8828;8829;8830;8831;8832;883 3;8834;8835;8836;8837;8838;8839;8840;8841;884 2;8843;9138;9139;9266	12;293;685;202 0;2471;3886;75 81;8449;8828;9 138;9266	52;54
240	3				238	687	TRUE	751	2492;2493;2494	8114;8115;8116	8115	
241	0 +				239	477	TRUE	514	1808	6075	6075	
242	0 +				240	769	TRUE	843	2754	8962	8962	152
243	15				241	77;276;721;7 57	True;True;True;Tr ue	83;299;790;828	246;917;918;2612;2613; 2614;2615;2721	695;2602;2603;2604;8553;8554;8555;8556;8557;8 558;8559;8560;8561;8562;8563;8872	695;2602;8556; 8872	
244	5				242	135;260;427; 495	True;True;True;Tr ue	151;282;464;536	487;866;867;1696;1862	1468;2465;2466;5806;5807;6260	1468;2465;5807 ;6260	
245	6				243	246	TRUE	268	841;842	2415;2416;2417;2418;2419;2420	2415	
246	0 +				244	588	TRUE	641	2203	7361	7361	
247	0				245	557	TRUE	606	2100	7051	7051	
248	0 +				246	369	TRUE	403	1256	3585	3585	

	AZ	BA	BB	BC	BD	BE	BF	BG	BH	BI	BJ	BK
249	0				247	452	TRUE	489	1752	5932	5932	
250	2				248	336	TRUE	369	1195;1196	3469;3470	3469	
251	0				249	373	TRUE	407	1262	3591	3591	
252	0				250	4;82	True;True	4;89	10;11;252	10;11;701	10;701	153;154
253	8				251	704	TRUE	770	2546;2547;2548	8348;8349;8350;8351;8352;8353;8354;8355	8348	
254	0				252	488	TRUE	528	1847	6235	6235	
255	0 +				253	303	TRUE	329	1034	2939	2939	
256	0 +				254	493	TRUE	533;534	1859;1860	6257;6258	6257	
257	13				255	12;105;114;169;275;800	True;True;True;True;True;True	13;114;125;186;298;881	51;52;53;364;400;584;916;2869	147;148;149;150;151;152;1092;1093;1094;1220;1839;2601;9295	148;1092;1220;1839;2601;9295	

	AZ	BA	BB	BC	BD	BE	BF	BG	BH	BI	BJ	BK
258	0 +				256	474	TRUE	511	1805	6072	6072	
259	1 +				257	109;295;682; 716;726	False;False;False;F alse;True	118;319;320;321;74 6;783;784;796	370;371;1015;1016;101 7;1018;1019;1020;2475; 2476;2477;2478;2479;2 480;2481;2482;2588;25 89;2590;2591;2592;263 0	1100;1101;2913;2914;2915;2916;2917;2918;8046; 8047;8048;8049;8050;8051;8052;8053;8054;8055; 8056;8057;8058;8059;8060;8061;8062;8063;8064; 8065;8066;8067;8068;8069;8070;8071;8072;8073; 8074;8075;8076;8077;8078;8079;8080;8081;8082; 8083;8084;8085;8086;8087;8088;8089;8090;8091; 8092;8093;8094;8454;8455;8456;8457;8458;8459; 8460;8461;8462;8463;8464;8465;8466;8467;8468; 8608	1101;2913;8090 ;8462;8608	
260	0 +				258	476	TRUE	513	1807	6074	6074	
261	1				259	646	TRUE	704	2391	7860	7860	
262	0 +				260	92	TRUE	101	320	997	997	155;156
263	1				261	348	TRUE	381	1221	3507	3507	
264	7				262	302;404;775	True;True;True	328;438;852	1031;1032;1033;1364;2 787	2934;2935;2936;2937;2938;3889;9070	2937;3889;9070	
265	0 +				263	605	TRUE	661	2248	7477	7477	157

	AZ	BA	BB	BC	BD	BE	BF	BG	BH	BI	BJ	BK
266	0				264	512	TRUE	554	1908;1909	6382;6383	6382	158
267	0 +				265	671	TRUE	731	2443	7997	7997	159
268	0 +				266	654	TRUE	713	2407	7936	7936	
269	0				267	590	TRUE	644	2208	7367	7367	
270	0				268	254	TRUE	276	857	2450	2450	160
271	0				269	821	TRUE	904	2956;2957;2958	9583;9584;9585	9585	161;162
272	0 +				270	55	TRUE	60	192	545	545	
273	0				271	177	TRUE	196	631;632	1969;1970	1969	
274	0 +				272	606	TRUE	662	2249	7478	7478	
275	6				273	212	TRUE	234	737;738	2219;2220;2221;2222;2223;2224	2222	

	AZ	BA	BB	BC	BD	BE	BF	BG	BH	BI	BJ	BK
276	0 +				274	733	TRUE	804	2663	8731	8731	
277	0				275	100	TRUE	109	356	1064	1064	163
278	3				276	362;744	True;True	396;815	1248;2687;2688	3572;8794;8795	3572;8794	
279	1				277	211	TRUE	233	736	2218	2218	
280	2				278	334	TRUE	367	1190;1191	3455;3456	3455	
281	3				279	107;312	True;True	116;339	367;368;1058	1097;1098;2996	1098;2996	
282	2				280	16	TRUE	17	60;61	162;163	163	
283	0 +				281	60	TRUE	65	201	556	556	
284	0 +				282	634	TRUE	691	2347	7743	7743	164
285	5				283	213	TRUE	235	739;740;741	2225;2226;2227;2228;2229	2225	
286	0 +				284	735	TRUE	806	2666	8734	8734	

	AZ	BA	BB	BC	BD	BE	BF	BG	BH	BI	BJ	BK
287	1				285	484	TRUE	522	1828	6163	6163	
288	0				286	540	TRUE	589	2056;2057	6964;6965;6966	6966	
289	0				287	635	TRUE	692	2348	7744	7744	
290	0				288	359	TRUE	392;393	1243;1244;1245	3566;3567;3568;3569	3567	
291	32				289	17;103;453	True;True;True	18;112;490	62;63;64;65;359;360;361;362;1753	164;165;166;167;168;169;170;171;1068;1069;1070;1071;1072;1073;1074;1075;1076;1077;1078;1079;1080;1081;1082;1083;1084;1085;1086;1087;1088;1089;1090;5933	168;1072;5933	
292	0				290	249	TRUE	271	849	2434	2434	
293	0				291	367	TRUE	401	1253	3578;3579;3580	3579	
294	0				292	496	TRUE	537	1863	6261	6261	165
295	1				293	470	TRUE	507	1801	6068	6068	
296	1				294	730	TRUE	800	2649	8678	8678	

	AZ	BA	BB	BC	BD	BE	BF	BG	BH	BI	BJ	BK	
297	0				295	825	TRUE	908;909		9608;9609;9610;9611;9612;9613;9614;9615;9616; 9617;9618;9619;9620;9621;9622;9623;9624;9625; 9626;9627;9628;9629;9630;9631;9632;9633;9634; 9635;9636;9637;9638;9639;9640;9641;9642;9643; 9644;9645;9646;9647;9648;9649;9650;9651;9652; 2968;2969;2970;2971;2 9653;9654;9655;9656;9657;9658;9659;9660;9661; 972;2973;2974;2975;29 9662;9663;9664;9665;9666;9667;9668;9669;9670; 76;2977;2978;2979 9671;9672	9609		
298	2				296	195	TRUE		215	680	2064;2065	2064	
299	1				297	481	TRUE		518	1812	6079	6079	
300	0				298	661	TRUE		721	2423	7964	7964	166
301	2				299	2	TRUE		2 5;6	5;6		6	
302	0				300	689	TRUE		753	2496	8118	8118	
303	1				301	350	TRUE		383	1223	3509	3509	
304	0				302	792	TRUE		872	2841	9243	9243	
305	50				303	34	True;True;True;Tr ue;True;True;True	28;275;306;341;500 ;569;805	42;1943;1944;1945;266 4;2665	99;100;101;853;854;855 268;269;270;2438;2439;2440;2441;2442;2443;244 ;856;933;934;1062;1063 4;2445;2446;2447;2448;2449;2635;2636;3001;300 2;3003;3004;3005;3006;3007;6030;6031;6032;603 786;1787;1788;1789;19 3;6034;6035;6036;6037;6038;6039;6040;6041;604 2;6043;6044;6452;6453;6454;6455;6456;6457;645 8;6459;6460;6461;6462;8732;8733	270;2446;2635; 3006;6030;6458 ;8733		
306	1				304	328	TRUE		361	1174	3417	3417	

	AZ	BA	BB	BC	BD	BE	BF	BG	BH	BI	BJ	BK
307	3				305	405;456;723	True;True;True	439;493;792	1365;1762;2617	3890;5967;8565;8566	3890;5967;8566	
308	0				306	441	TRUE	478	1731	5887	5887	167
309	7				307	203;571	True;True	223;621	704;705;706;2139	2130;2131;2132;2133;2134;2135;7146	2132;7146	
310	0 +				308	607	TRUE	663	2250	7479	7479	168
311	5				309	150;178;319; 401;406;705	True;True;True;Tr ue;True;True	166;197;352;435;44 0;771	536;633;1154;1354;136 6;2549	1720;1971;3372;3874;3891;8356	1720;1971;3372 ;3874;3891;835 6	
312	0				310	619	TRUE	676	2290	7580	7580	
313	0				311	779	TRUE	856	2792	9078;9079	9078	
314	1				312	412	TRUE	448	1636	5636	5636	
315	0				313	697	TRUE	761	2512	8143	8143	169
316	0				314	74	TRUE	80	243	692	692	170;171
317	3				315	377	TRUE	411	1275;1276	3618;3619;3620	3618	

	AZ	BA	BB	BC	BD	BE	BF	BG	BH	BI	BJ	BK
318	5				316	9;670	True;True	10;730	43;44;45;2442	138;139;140;141;7996	141;7996	
319	0 +				317	394	TRUE	428	1340	3850	3850	172
320	5				318	384	TRUE	418	1298;1299;1300	3667;3668;3669;3670;3671	3667	
321	0				319	411	TRUE	446;447	1628;1629;1630;1631;1632;1633;1634;1635	5627;5628;5629;5630;5631;5632;5633;5634;5635	5627	
322	0 +				320	366	TRUE	400	1252	3577	3577	173
323	0 +	+			321	374	TRUE	408	1263	3592	3592	
324	0 +	+			322	511	TRUE	553	1907	6381	6381	174

	AZ	BA	BB	BC	BD	BE	BF	BG	BH	BI	BJ	BK	
325	0 +	+			323	72	TRUE	78	240		688	688	175
326	2	+			324	325;793	True;True	358;873	1168;2842	3408;9244		3408;9244	
327	0 +	+			325	255	TRUE	277	858		2451	2451	176
328	0 +	+			326	669	TRUE	729	2441		7995	7995	
329	0 +	+			327	472	TRUE	509	1803		6070	6070	
330	0 +	+			328	592	TRUE	646	2210		7370	7370	

	AZ	BA	BB	BC	BD	BE	BF	BG	BH	BI	BJ	BK	
331	0 +		+		329	21	TRUE	23	85		234	234	177
332	0		+		330	768	TRUE	842	2753		8961	8961	178
333	2		+		331	789	TRUE	869	2838	9239;9240		9239	
334	0 +		+		332	515	TRUE	557	1915		6401	6401	
335	1		+		333	584	TRUE	637	2198		7355	7355	

	AZ	BA	BB	BC	BD	BE	BF	BG	BH	BI	BJ	BK
336	1		+		334	576	TRUE	628	2175		7291	7291
337	0 +		+		335	655	TRUE	714	2408		7937	7937 179
338	1		+		336	306	TRUE	332	1042		2960	2960
339	0 +		+		337	475	TRUE	512	1806		6073	6073
340	0 +		+		338	181	TRUE	200	639;640;641;642	1985;1986;1987;1988		1986
341	0 +		+		339	577	TRUE	629	2176		7292	7292

	AZ	BA	BB	BC	BD	BE	BF	BG	BH	BI	BJ	BK	
342	0 +		+		340	52	TRUE	57	184		528	528	180
343	0 +		+		341	596	TRUE	651	2215		7376	7376	181
344	1		+		342	826	TRUE	910	2980		9673	9673	
345	0		+		343	136	TRUE	152	488		1469	1469	
346	1		+		344	179	TRUE	198	634		1972	1972	
347	1		+		345	747	TRUE	818	2695		8806	8806	
348	1		+		346	640	TRUE	698	2360		7786	7786	

	AZ	BA	BB	BC	BD	BE	BF	BG	BH	BI	BJ	BK
349	0		+		347	38	TRUE	40	129		358	358

	BL	BM	BN	BO	BP	BQ	BR
1	Deamidation (NQ) site IDs	NEM site IDs	Oxidation (M) site IDs	Carbamidomethyl (C) site positions	Deamidation (NQ) site positions	NEM site positions	Oxidation (M) site positions
2			0;1				26;33
3	0;132;133				37;43;44		
4							
5	1;2		2;3	102;104;107;109;138	192;201		186;235

	BL	BM	BN	BO	BP	BQ	BR
6		0				537	
7	134	1			47	43	
8	3	2	4	202	25	202	186
9	4	3			36	25	

	BL	BM	BN	BO	BP	BQ	BR
10							
11							
12				41			

	BL	BM	BN	BO	BP	BQ	BR
13	5;6;7;135		5;6;7;8	108;114;117;255;313	105;106;272;281		202;246;256;294
14	136	4	9		181	190	179
15							

	BL	BM	BN	BO	BP	BQ	BR
16	8;137	5			132;134	138	
17					5		
18	9;138				236 238;241		
19							

	BL	BM	BN	BO	BP	BQ	BR
20	10;11;139;140				241;248;254;256		
21							
22	141;142		10		1051;1053		1056
23							
24					50		

	BL	BM	BN	BO	BP	BQ	BR
25	12;143;144		11		716;717;718		726
26	13;14;15				1182;1183;1187		
27	16;17;18	6			649;653;655	656	
28							
29							

	BL	BM	BN	BO	BP	BQ	BR
30	19			1076;1079	1085		
31			12;13		13		4;9
32	20;145;146;1 47				13;15;17;27		
33	21;148		14;15		181;182		185;186

	BL	BM	BN	BO	BP	BQ	BR
34	22;23;149		16		206;210;216		208
35		7	17	36		42	39
36	24	8			601	613	
37	25;150				777 778;782		
38							

	BL	BM	BN	BO	BP	BQ	BR
39							
40	151;152		18;19		7;14		1;18
41	26;153		9		68;76		65
42							
43	154	10			795		790

	BL	BM	BN	BO	BP	BQ	BR
44	27	11			3395	3398	
45	155				66		
46	156			221	213		
47	28;157			2069;2070	2065;2066		
48							
49		12				232	

	BL	BM	BN	BO	BP	BQ	BR
50	29				142		
51	30				47		
52							
53	31;32				670;674		
54			20	11			1

	BL	BM	BN	BO	BP	BQ	BR
55	33;34				65 59;68		
56							
57	35;158;159			19;30	18;22;28		
58	36;160			457;470	461;464		

	BL	BM	BN	BO	BP	BQ	BR
59			21	186			185
60				16			
61	37	13	22		234	237	233
62	38;161				406;410		
63							

	BL	BM	BN	BO	BP	BQ	BR
64	39;162				366;371		
65	40	14	23	11	12	4	1
66			24				425
67				600;604			
68	41;42			7086	7066;7067		

	BL	BM	BN	BO	BP	BQ	BR
69							
70	163;164				215;216		
71	43;44;165		25		89;92;93		88
72			26				219
73		15				77	
74							

	BL	BM	BN	BO	BP	BQ	BR
75				29;33			
76	45		27		138		141
77		16		23		17	
78	46		28		101		113
79							
80	166				193		
81		17;18				13;14	

	BL	BM	BN	BO	BP	BQ	BR
82							
83	167;168				68;72		
84							
85	47;169				157;158		
86							
87							
88			29				668
89				13;14			
90	48				209		

	BL	BM	BN	BO	BP	BQ	BR
91	170			341	342		
92			30	73;77;91;120			90
93	49;50;51;52;53;54;55;171;172;173		31	0;218	117;124;145;156;170;219;225;226	62;69;71;83;85;	94
94		32;33;34		18;367;389			237;272;391

	BL	BM	BN	BO	BP	BQ	BR
95			35	77;474			279
96	56				62		
97			36				135
98			37	36;40			26

	BL	BM	BN	BO	BP	BQ	BR
99			38				185
100			39	88			95
101		40;41		66;160			7;24

	BL	BM	BN	BO	BP	BQ	BR
102	57;58;174;17		42;43;44	58;77;86;99;114;115; 125;147;191;192; 200;268;269;276;288; 301;302;312;339; 383;384;392;471;484; 499;500;510;537; 581;582;590	185;189;290;29		111;469;571
103				35 77;474			279

	BL	BM	BN	BO	BP	BQ	BR
104	59;60;61;62;63;176		45;46;47;48		188;206;236;237;279;282		259;262;296;469
105							
106			49;50;51;52	18;369			239;274;353;370

	BL	BM	BN	BO	BP	BQ	BR
107	48;64;65;66;67;177			53 25;66;401;427		212;240;253;353;354;357	271
108			35;54;55;56	55;407;479			274;284;297;303
109							
110							

	BL	BM	BN	BO	BP	BQ	BR
111	68;69;70		57;58;59;60 ;61;62;63	406;432	178;179;258		157;245;269; 276;286;326; 411

	BL	BM	BN	BO	BP	BQ	BR
112	176		64;65;66	3;7;42;495	210		300;343;473
113			65	44;88;494			472
114			33		358		360
115	71;72			156;215	148;150		
116	178				207		
117					191		
118							
119	176;179				190;362		
120							

	BL	BM	BN	BO	BP	BQ	BR
121		19				214	
122		20	67			6	1
123	73				405		
124		21				44	
125	74		68;69		39		32;33
126			70				364

	BL	BM	BN	BO	BP	BQ	BR
127			71				752
128							
129							
130		22				128	
131	75			119	104		
132	180;181;182			11;18;20			

	BL	BM	BN	BO	BP	BQ	BR
133			72				108
134			675;680				
135	76				281		
136							
137	183;184				4;10		
138	77	23			1403	1396	

	BL	BM	BN	BO	BP	BQ	BR
139							
140							
141			73				53
142	185	74;75			686		688;689
143							

	BL	BM	BN	BO	BP	BQ	BR
144	78		35	452	307		257
145							
146	186	24			611	612	
147							
148							
149							
150	79;80		76	96	87;90		83

	BL	BM	BN	BO	BP	BQ	BR
151	187	25			529	528	
152			77	326			334
153							
154			78				1
155	81;188;189	26;27;28		384;390;393	383;391;392	387;390;393	3

	BL	BM	BN	BO	BP	BQ	BR
156							
157	82;190				713;714		
158	191;192;193; 194;195;196; 197;198;199; 200;201;202				968;969;977;97 8;979;980;981; 982;983;984;98 5;986		
159	203			420	423		
160	204		79		80		85

	BL	BM	BN	BO	BP	BQ	BR
161	83;205					312;315	
162	84;85;86					204;206;210	
163	206		80			3	8
164	87					627	
165		29	81			456	441
166		30				364	
167							
168							

	BL	BM	BN	BO	BP	BQ	BR
169	88;89;90;91;2 07;208			82 27;87	30;49;50;54;59; 83		68
170	1;2		2;3	82;102;104;107;109 ;138	192;201		186;235

	BL	BM	BN	BO	BP	BQ	BR
171		31		347		347	
172							
173			83				251
174							
175			84				155

	BL	BM	BN	BO	BP	BQ	BR
176	92			93	246		
177							
178			85;86				60;63
179			87	1009			1007
180							

	BL	BM	BN	BO	BP	BQ	BR
181							
182							
183							
184		93 32;33				151 141;145	
185							
186			88 133;135				125
187							

	BL	BM	BN	BO	BP	BQ	BR
188			89				347
189							
190			90				279
191				269			

	BL	BM	BN	BO	BP	BQ	BR
192				162			
193				317;318;477;478;485; 486;492;493;499; 552;553			
194							
195		34	91			301	300
196			92				97
197	209	35			277	283	
198							

	BL	BM	BN	BO	BP	BQ	BR
199		36;37	93;94;95	49		49;152	149;239;494
200	210;211		96	1335	1326;1329		1324
201							
202							
203			97				172

	BL	BM	BN	BO	BP	BQ	BR
204		38	98;99;100;101;102;103;104	17		17	16;44;47;153;190;305;325
205		39	105;106			20	56;114
206							
207							
208		40	107			555	61

	BL	BM	BN	BO	BP	BQ	BR
209			99;100;101; 102;103;104 ;108	17			16;44;47;153; 190;305;325
210			99;101;102; 103				46;49;192;32 7
211			109;110;111 ;112				73;164;257;3 30
212							

	BL	BM	BN	BO	BP	BQ	BR
213			113				744
214			110;111;112 ;114;115				73;164;257;3 30;363
215							
216							
217							
218							
219							
220	212	41		548	546	545	
221	94;213			1113	1109;1111		

	BL	BM	BN	BO	BP	BQ	BR
222	214			176	181		
223	215				62		
224							
225	95;96				587;591		
226							
227			116	451			449
228	97				450		
229	42;43			570		577;582	

	BL	BM	BN	BO	BP	BQ	BR
230				478			
231	216		117		94		90
232	217			269	272		
233	98;218;219				79;83;85		
234	99;220	44			536;541	534	
235							
236		45	118			828	1000
237							
238							

	BL	BM	BN	BO	BP	BQ	BR
239			32;33;34	373;395			243;278;397
240							
241	221		119		335		332
242				80			
243		46	120			63	274
244	222				353		
245							
246		47				25	
247	100;101;223				173;175;177		
248	102				145		

	BL	BM	BN	BO	BP	BQ	BR
249	224;225				1292;1293		
250							
251	103;226		121		1503;1504		1497
252	227	48	122	438;443	1245	1240	437
253							
254	228		123		8		10
255	104	49			1090	1087	
256	105				172		
257							

	BL	BM	BN	BO	BP	BQ	BR
258	106;107;229		124		6;9;10		1
259			99;102;103; 104				45;48;154;19 1
260		50	125			232	227
261							
262				652;655			
263							
264							
265	108	51	126	501	503	499	497

	BL	BM	BN	BO	BP	BQ	BR
266	109	52;53		48	45	53;56	
267				249			
268	110;111;112				370;372;376		
269	113;230;231	54			206;208;210	214	
270	232;233			168	169;170		
271	114	55;56		306;310	313	306;310	
272		57;58				608;609	
273	234	59			607	611	
274	235				530		
275							

	BL	BM	BN	BO	BP	BQ	BR
276		60;61				33;35	
277	115	62		474	476	473	
278							
279							
280							
281			127				627
282							
283	116;236				297;299		
284				420			
285							
286	237		128;129		255		253;264

	BL	BM	BN	BO	BP	BQ	BR
287			130				462
288	238;239				8;10		
289	117	63			613	605	
290	240;241	64			577;579	568	
291							
292	242	65			81	84	
293	118;119;243	66			506;512;514	508	
294	120	67;68		178	172	179;180	
295			131				1
296							

	BL	BM	BN	BO	BP	BQ	BR
297	244;245				241;242		
298							
299							
300	246			313	314		
301							
302	247	69			159	160	
303							
304	121	70			648	654	
305			132;133				340;437
306							

	BL	BM	BN	BO	BP	BQ	BR
307							
308	122			129	124		
309							
310				32			
311			134				866
312	248;249;250; 251				649;654;655;65 8		
313	123				342		
314							
315	252			212	208		
316	124	71	148;151		141	139	
317							

	BL	BM	BN	BO	BP	BQ	BR
318							
319				258			
320							
321	125				77		
322			135;136	392			389;390
323	126				25		
324	253		137	57	56		52

	BL	BM	BN	BO	BP	BQ	BR
325	254		138	266	271		270
326							
327				651			
328			139				438
329		72	140			14	1
330	127				3		

	BL	BM	BN	BO	BP	BQ	BR
331				207			
332				220			
333							
334	128				375		
335							

	BL	BM	BN	BO	BP	BQ	BR
336							
337				1552			
338							
339			141				32
340		73				9	
341	255;256;257				39;40;49		

	BL	BM	BN	BO	BP	BQ	BR
342				420			
343		74		414		428	
344							
345	129;130		142		340;344		339
346							
347							
348							

	BL	BM	BN	BO	BP	BQ	BR
349	131;258				260;261		