

UNIVERSITÄTSKLINIKUM HAMBURG-EPPENDORF

Klinik für Mund-, Kiefer- und Gesichtschirurgie

Direktor der Einrichtung

Prof. Dr. med. Dr. med. dent. Martin Gosau

Proteomanalyse von menschlichen Pulpen mit dem Pikosekunden Infrarot Laser

Dissertation

zur Erlangung des Grades eines Doktors der Zahnmedizin
an der Medizinischen Fakultät der Universität Hamburg.

vorgelegt von:

Yaghoup Feridouni Khamaneh
aus Hamburg

Hamburg 2019

**Angenommen von der
Medizinischen Fakultät der Universität Hamburg am:
26.02.2020**

**Veröffentlicht mit Genehmigung der
Medizinischen Fakultät der Universität Hamburg.**

Prüfungsausschuss, der/die Vorsitzende:
Prof. Dr. Dr. Reinhard Friedrich

Prüfungsausschuss, zweite/r Gutachter/in:
Prof. Dr. Hartmut Schlüter

Inhaltsverzeichnis

Inhaltsverzeichnis	III
Abkürzungsverzeichnis	V
Kurzfassung	VII
Abstract	VIII

1. Einleitung	1
1.1. Zahnpulpa	1
1.2. Proteom	2
1.3. Massenspektrometrische Verfahren	2
1.4. Homogenisierungsmethoden	3
1.5. PIRL als innovative Homogenisierungsmethode	4
1.6. Aktuelle Literatur zur Proteomanalyse der menschlichen Pulpa	5
2. Ziel dieser Studie	6
3. Material und Methoden	7
3.1. verwendete Chemikalien	7
3.2. verwendete Biomaterialien	7
3.3. verwendete Geräte	8
3.4. verwendete Software	9
3.5. verwendete Verbrauchsmaterialien	9
3.6. Menschliche Zahnpulpen	10
3.7. Desorption durch Impulsschwingungsanregung (DIVE) mit einem Pikosekunden-Infrarotlaser (PIRL)	10
3.7.1. Aufbau	10
3.7.2 Probenabtragung mit dem PIRL	13
3.8. Proteinextraktion	13
3.9. Tryptischer Verdau	14
3.10. LC-MS / MS-Analyse	14
3.11. Datenanalyse	15
4. Ergebnisse	17
4.1. Molekulare Funktion	17
4.2. Zelluläre Komponenten	21

4.3. Biologische Prozesse	24
4.4. Ergebnisse in Proteingruppen und Proteinliste im Vergleich mit der Literatur	27
5. Diskussion	60
6. Zusammenfassung	69
7. Literaturverzeichnis.....	70
8. Anhang	76
9. Danksagung	135
10. Lebenslauf.....	136
11. Eidesstattliche Versicherung	137

Abkürzungsverzeichnis

Å	Ångström
AmBiCa	Ammoniumhydrogencarbonat (von engl. Ammoniumbicarbonat)
ACN	Acetonitril
AGC	Automatische Verstärkungsregelung (von engl. Automatic Gain Control)
bzw.	beziehungsweise
Da	Atomare Masseneinheit
DDA	Data-Dependent-Acquisition
DIVE	Desorption durch Impulsschwingungsanregung (von engl. Desorption by Impulsive Vibrational Excitation)
DTT	Dithiothreitol
ESI	Elektrospray Ionisierung
FA	Ameisensäure (von engl. Formic Acid)
FDR	Falscherkennungsrate (von engl. False Discovery Rate)
FWHM	Halbwertsbreite (von engl. Fill Width at Half Maximum)
°C	Grad Celsius
g	Gramm
$\vec{g}$	Erdschwerebeschleunigung
g / qm	Gramm pro Quadratmeter
h	Stunden (von lat. Hora)
HPLC	Hochleistungsflüssigkeitschromatographie (von engl. high performance liquid chromatography)
H ₂ O	Wasser
IAA	Iodacetamid
J / cm ²	Joule pro Quadratzentimeter
LC-MS	Flüssigchromatographie mit Massenspektrometrie-Kopplung (von engl. Liquid Chromatography tandem-mass spectrometry)
M	Molare Masse
μ	Mikro
μg	Mikrogramm
μm	Mikrometer
μL	Mikroliter
mm	Millimeter
mM	Millimolar

min	Minute
MS	Massenspektrometrie
m/z	Masse-zu-Ladung-Verhältnis (m= Masse, z= Betrag der Ladungszahl des Teilchens)
NaCl	Natriumchlorid
nL	Nanoliter
o.g.	oben genannt
PIRL	Pikosekunden-Infrarot-Laser
ppm	parts per million
ps	Pikosekunden
PTM	post-translationalen Modifizierungen
RSLC	von engl. Rapid Separation liquid chromatography
SDC	Natriumdeoxycholat (von engl. Sodium deoxycholate)
SDS	Natriumdodecylsulfat (von engl. Sodium dodecyl sulfate)
SNAP	Soluble N-ethylmaleimide-sensitive factor Attachment Protein
TEAB	Triethylammoniumbicarbonat
u.a.	unter anderem
usw.	und so weiter
V	Volt
z.B.	zum Beispiel

Kurzfassung

Die menschliche Zahnpulpa ist ein rosafarbenes Gewebe mit mehreren verschiedenen Aufgaben, wie die Bildung und Ernährung des Dentins und die Innervation und Verteidigung des Zahnes. Um Genaueres über die Zusammensetzung der Aufgaben der Pulpa zu erfahren, ist es interessant das Gewebe auf Proteinebene zu untersuchen. In der Vergangenheit wurden für die Proteinanalysen mechanische Homogenisierungsmethoden, wie z.B. eine Ultraschallbehandlung, Mischen, Schneiden oder Mahlen angewendet. Diese Verfahren sind sowohl zeitintensiver als auch mit erhöhtem Kontaminationsrisiko verbunden. Des Weiteren können proteolytische Abbauprodukte das Ergebnis verfälschen. Daraus stellt sich die Frage, ob es eine schnellere Methode gibt, um die genannten Faktoren während der Homogenisierung so gering wie möglich zu halten. In dieser Arbeit wird für die Proteinhomogenisierung und -extraktion der neuartige Pikosekunden Infrarotlaser (PIRL) genutzt. Studien bzgl. des PIRL's haben gezeigt, dass diese Eigenschaften vom Laser erfüllt werden. Daher war die PIRL Homogenisierungsmethode in dieser Arbeit die Methode der Wahl, mit der in kürzester Zeit das Gewebe schonend homogenisiert wird. Das Ziel dieser Arbeit war aus dem PIRL-Homogenat die Proteine der menschlichen Zahnpulpa zu extrahieren und diese mit Hilfe der Tandem-Massenspektrometrie zu analysieren. Es wurden die Pulpen von 15 gesunden Weisheitszähnen untersucht. Nach vollständiger Abtragung des Gewebes mit dem PIRL wurden die Proteine extrahiert, tryptisch verdaut und mit der LC-MS/MS analysiert. Die massenspektrometrischen Ergebnisse wurden anschließend mit den aktuellsten Arbeiten über die Zusammensetzung der Pulpa von A. Eckhardt *et al.* (2014) und U. Eckhardt *et al.* (2015) verglichen. Insgesamt wurden 1348 Proteine in dieser Arbeit identifiziert. Der Vergleich mit der Literatur zeigte eine Übereinstimmung von 940 Proteinen. 382 Proteine wurden nur in dieser Arbeit identifiziert. Eine weitere wichtige Aufgabenstellung dieser Arbeit war eine Datenbank für die Proteinzusammensetzung der gesunden menschlichen Pulpa zu erstellen. Mit der aus dieser Studie erhaltenen Datenbank wurden Proteinbiomarker für einen diagnostisch-therapeutischen Ansatz festgelegt. Zusätzlich wurden die Pulpaproteine nach Ihrer Gen-Ontologie-Termini (Annotation) in Bezug auf ihren molekularen Funktionen, biologischen Prozesse und zellulären Komponente kategorisiert.

Abstract

The human dental pulp is a pink tissue with several different tasks, such as the formation and nutrition of the dentin and the innervation and defense of the tooth. In order to learn more about the composition of the tasks of the pulp, it is interesting to examine the tissue at the protein level. In the past, mechanical homogenization methods such as ultrasonic treatment, mixing, cutting or grinding were used for protein analyses. These procedures are both time-consuming and associated with an increased risk of contamination. Furthermore, proteolytic degradation products can distort the result. This raises the question of whether there is a faster method of minimizing these factors during homogenization. In this study, the novel picosecond infrared laser (PIRL) is used for protein homogenization and extraction. Studies of the PIRL have shown that these properties are met by the laser. Therefore, the PIRL homogenization method in this study was the method of choice, with which the tissue is gently homogenized in the shortest possible time. The aim of this study was to extract the proteins of the human dental pulp from the PIRL homogeneity and to analyze them with the help of tandem mass spectrometry. The pulps of 15 healthy wisdom teeth were examined. After complete removal of the tissue with the PIRL, the proteins were extracted, tryptically digested and analyzed with LC-MS/MS. The mass spectrometric results were compared with the most recent studies on the composition of the pulp by A. Eckhardt *et al.* (2014) and U. Eckhard *et al.* (2015). A total of 1348 proteins were identified in this study. The comparison with the literature showed a match of 940 proteins. 382 proteins were identified only in this study. Another important task of this study was to create a database for the protein composition of the healthy human pulp. The database obtained in this study established protein biomarkers for a diagnostic-therapeutic approach. In addition, the pulp proteins were categorized according to their gene ontology terminus (annotation) in terms of their molecular functions, biological processes and cellular component.

1. Einleitung

1.1. Zahnpulpa

Die menschliche Zahnpulpa ist umgeben von Dentin und wird in Kronen- und Wurzelpulpa unterteilt. Es handelt sich um ein rosafarbenes Gewebe, welches eine Mischung aus interzellulären Substanzen, Zellen, Faserelementen, Nerven und Gefäßen ist [1]. Über das Foramen apicale, die Öffnung an der Wurzelspitze des Zahnes, verlaufen alle Zu- und Abflüsse des Pulpengewebes. Je nach Zahn können mehrere Foramina apicales vorhanden sein (siehe Abbildung 1). Die Aufgabe der Pulpa ist die Bildung und Ernährung des Dentins und die Innervation und Verteidigung des Zahnes [2, 3, 4].

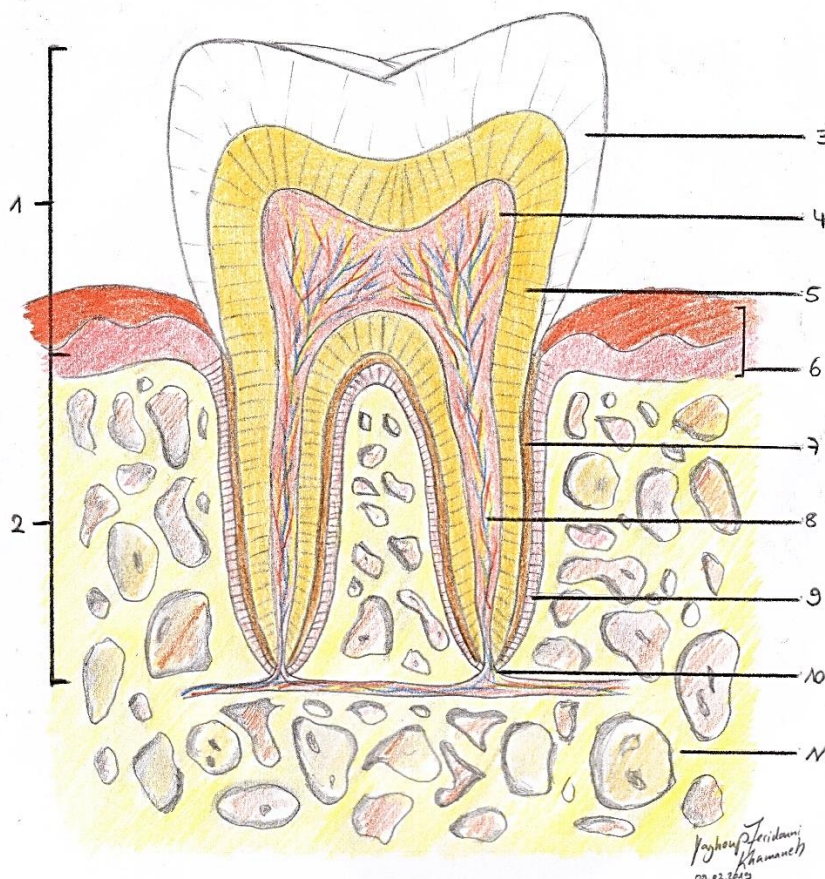


Abb. 1: Schematische Zeichnung eines Zahnes.

1. Zahnkrone, 2. Zahnwurzel, 3. Schmelz, 4. Kronenpulpa, 5. Dentin, 6. Gingiva, 7. Zahnzement, 8. Wurzelpulpa, 9. Alveolarfach mit Sharpey'schen Fasern, 10. Foramen apicale, 11. Kieferknochen.

1.2. Proteom

Zur Untersuchung der Pulpenzusammensetzung ist die Proteomanalyse interessant. Das Proteom steht zur Analogie zum Genom und Transkriptom und wurde 1994 von M. R. Wilkins eingeführt [5]. Als Proteom wird die Gesamtheit aller Proteine und Proteinspezies eines Organismus oder eines Gewebes bezeichnet, das zu einem exakten Zeitpunkt unter definierten Bedingungen synthetisiert wird. Das Proteom weist die vielfache Dimension seines zugrundeliegenden Genoms auf [6, 7].

Es ist ständiger Veränderung durch Umwelt, Medikamente und Krankheiten ausgesetzt. Bei der Untersuchung der Pulpa ist die Proteomanalyse bzw. die Proteomik von großem Interesse, da der Zahn auch ständigen Veränderungen auf chemischer, physikalischer und biologischer Grundlage, wie z.B. kariösen Läsionen, Erosionen, Traumata usw. unterliegt. Dies könnte Auswirkung auf die Zusammensetzung der Proteome sowie Veränderungen in der post-transkriptionalen und post-translationalen Modifizierungen der jeweiligen Proteine haben [8, 9, 10]. Die Proteomanalyse könnte Aufschlüsse über Prozessveränderungen auf der Proteinebene geben und pathologische Verläufe nachvollziehbarer machen.

1.3. Massenspektrometrische Verfahren

Für die Durchführung der Proteomik bietet sich das massenspektrometrische Verfahren an. Die massenspektrometrische Proteomanalyse wird in zwei Gruppen unterteilt: Top-Down und Bottom-up bzw. Shot-gun Verfahren [11, 12].

Unter Top-Down Verfahren wird die Analyse der intakten Proteine verstanden, bei dem auf der Proteinebene diese als erstes anhand ihrer chemisch-physikalischen Eigenschaften aufgetrennt und anschließend verdaut und massenspektrometrisch analysiert werden [13, 14]. Trennverfahren, die hier eingesetzt werden können, sind Gel-Elektrophoresen (SDS-PAGE, 2DE, etc.) [13] oder diverse Chromatographie-Verfahren v.a. Umkehrphasen-Flüssigkeitschromatographie (RP-LC, vom engl.: reversed-phase liquid chromatography) [15]. Diese Verfahren sind jedoch in der Durchführung zeit- und kostenintensiver.

Das Verfahren, welches in dieser Studie angewendet worden ist, ist das Bottom-up Verfahren. Bei diesem Verfahren werden die Proteine nach der Extraktion verdaut. Nach dem Verdau folgt die Trennung auf der Peptidebene. Hierbei werden die Peptide

nach ihren chemisch-physikalischen Eigenschaften mit Hilfe der Flüssigkeitschromatographie (LC) aufgetrennt und anschließend mit massenspektrometrischen (MS) Verfahren analysiert. Der Bottom-up-Ansatz bietet im Vergleich zum Top-Down-Verfahren eine schnelle Analyse der komplexen Proteinmischungen an.

1.4. Homogenisierungsmethoden

Probenvorbereitungen für Proteomanalysen beinhalten mehrere Schritte. Der erste Schritt, der eine effiziente Proteinextraktion gewährleisten soll, ist die Homogenisierung der Probe. Es gibt diverse Homogenisierungsmethoden – sowohl enzymatische als auch mechanische –, die abhängig von der Art der zu untersuchenden Probe eingesetzt werden können. Die gängigsten Homogenisierungstechniken sind meistens mechanische Verfahren, die die zelluläre Struktur des Gewebes zerstören und somit die Biomoleküle freisetzen. Dies wird u.a. durch eine Ultraschallbehandlung, Mischen, Schneiden oder Mahlen der Probe erzielt [16, 17].

Die mechanischen Prozeduren bringen einige Nachteile mit sich. Bei diesen Verfahren kann die Homogenisierung abhängig von der Probe sehr zeitaufwendig sein. Hinzu kommt, dass durch den langen Homogenisierungsprozess proteolytische und enzymatische Abbaureaktionen stattfinden können, und somit Auswirkung auf die PTM (post-translationalen Modifizierungen) der Proteine und entsprechend ihrer Zusammensetzung haben. Die bei Abbaureaktionen neu entstehenden Proteinspezies gehen als Artefakte durch und sind nicht unterscheidbar von inhärenten Modifizierungen des in-vivo Zustandes, sodass es zu falsch-positiven Ergebnissen führt [18,19].

Aus diesem Grund ist eine schnellere Methode erforderlich, die während der Homogenisierung die Proteinzusammensetzung des Gewebes kaum verändert und sehr nah an dem in-vivo Zustand ist.

1.5. PIRL als innovative Homogenisierungsmethode

Im Jahr 2009 wurde ein innovatives Laser-System unter dem Namen PIRL (**P**ikosekunden **I**nfrar**o**t **L**aser) von Prof. Dr. R. J. Dwayne Miller im Max-Planck-Institut entwickelt. PIRLs einzigartige Eigenschaften liegen seinen besonderen Parametern zugrunde. Die Methode basiert auf der Absorption der Laserenergie durch die Wassermoleküle. Als erstes ist die Wellenlänge bei 2,94 μm ausschlaggebend für die schonende Bestrahlung. Diese Wellenlänge ist so abgestimmt, dass der Laser speziell die Streckschwingung der O-H Bindung in den Wassermolekülen anregt. Ein weiterer Parameter ist die Pulsdauer von 300 Pikosekunden. Die absorbierte Laser-Energie wird somit ultraschnell in translationaler Energie auf einer Zeitskala von wenigen Pikosekunden umgewandelt. Belastungen in dieser Größenordnung treiben die angeregten Wassermoleküle in eine sehr schnelle Expansion, was zu einer schnellen adiabatischen Kühlung und Verdampfung innerhalb von wenigen Nanosekunden führt. Diese thermodynamischen Zustandsänderungen sprengen die Wassermoleküle in die Gasphase und verursachen somit auch die Co-Explosion des umgebenden Gewebes. Dieser Prozess wird als Desorption durch impulsive Anregung von intramolekularen Vibrationszuständen (DIVE: engl.: **d**esorption by **i**mpulsive **v**ibrational **e**xcitation) bezeichnet [20].

Dieser Bestrahlungsprozess gilt neben seiner ultraschnellen Homogenisierung als besonders schonende Methode, da dieser Phasenübergang schneller stattfindet als die thermische Relaxationszeit, die im Mikrosekunden Bereich liegt, und schneller als die akustische Relaxationszeit, die im Nanosekunden Bereich liegt. Dies schließt die Umwandlung der absorbierten Energie in thermischer Energie oder in Stoßwellen aus. Somit kann sich die Energie nicht auf die benachbarten Zellen ausbreiten, womit die molekulare Struktur des umliegenden Gewebes, verglichen zu den herkömmlichen Laser-Methoden (CO_2 , Er:YAG, etc.) [21] nicht oder nur geringfügig beschädigt wird [22, 23]. Daher wird auch bei PIRL-Bestrahlungen von kalter Verdampfung gesprochen [24]. Das bei der Bestrahlung der Probe entstehende Aerosol ist ein feines Homogenat, welches alle in der Probe enthaltenen Biomoleküle (intakte Proteine, DNA, RNA, Lipide, usw.) enthält. Kwiatkowski *et al.* haben bereits in einer Studie den PIRL mit den konventionellen, mechanischen Homogenisierungsmethoden verglichen [24]. In dieser Studie konnte festgestellt werden, dass im Falle vom PIRL durch den ultraschnellen Transfer von Biomolekülen aus dem festen Gewebe in die Gasphase

weniger enzymatische Proteinabbauprodukte beobachtet wurden. Zusätzlich war die gesamte Ausbeute der Proteinanzahl höher als bei den mit mechanischen Verfahren homogenisierten Proben, da sie sehr homogen waren und nahezu keine unlöslichen Komponenten enthielten.

1.6. Aktuelle Literatur zur Proteomanalyse der menschlichen Pulpa

Über die Proteomanalyse der menschlichen Pulpa gibt es bis heute nur wenige Untersuchungen [25, 26]. Es sind nur 3 Studien bekannt, bei denen eine Auflistung an Proteinen nach Proteomuntersuchung an menschlichen Pulpen erfolgte. Es wurden jeweils 96 [27], 342 [28] und 4332 [29] Proteine identifiziert. Dabei wurden verschiedene Aufbereitungsverfahren und massenspektrometrische Methoden angewendet. In dieser Studie werden die Ergebnisse mit den aktuellsten Untersuchungen aus der genannten Literatur [28, 29] in Bezug auf die Proteinmenge und der Analyseart verglichen.

2. Ziel dieser Studie

Das Ziel dieser Arbeit ist die Proteomanalyse der menschlichen Zahnpulpa mit Hilfe der Tandem-Massenspektrometrie sowie unter Verwendung eines innovativen Lasersystems, genannt PIRL (**P**ikosekunden **I**nfrarot **L**aser). Mit dem PIRL-System soll das Gewebe in wenigen Sekunden homogenisiert werden. Die aus dem Homogenat extrahierten Proteine werden tryptisch verdaut. In einem Bottom-up Ansatz sollen dann die tryptisch-verdauten Peptide mit der Tandem-Massenspektrometrie identifiziert werden. Die massenspektrometrischen Ergebnisse werden anschließend mit der oben genannten Literatur verglichen. Eine wichtige Aufgabenstellung dieser Studie ist eine Datenbank für die Proteinzusammensetzung der gesunden menschlichen Pulpa zu erstellen, die es ermöglicht Proteinbiomarker für den diagnostisch-therapeutischen Ansatz festzulegen.

Zusätzlich sollen die Proteine in Gruppen klassifiziert werden, sodass man eine strukturelle Übersicht der Pulpa durch die Zuordnung von Gen-Ontologie-Termini (Annotation) zu den einzelnen Proteinen erhält, nämlich molekularen Funktionen, der biologischen Prozesse und der zellulären Komponenten.

3. Material und Methoden

3.1. verwendete Chemikalien

Chemikalie	Firma
Acetonitril	Merck KGaA (Darmstadt, Deutschland)
Ameisensäure	Sigma-Aldrich (Steinheim, Deutschland)
Ammoniumbicarbonat	Merck KGaA (Darmstadt, Deutschland)
Ammoniumhydrogencarbonat	Sigma-Aldrich (Steinheim, Deutschland)
Dithiothreitol	Sigma-Aldrich (Steinheim, Deutschland)
flüssiger Stickstoff	Linde Gas Hamburg (Hamburg, Deutschland)
Harnstoff	Amersham (Freiburg, Deutschland)
Iodacetamid	Sigma-Aldrich (Steinheim, Deutschland)
Isopropanol	Fluka Chemika (Buchs, Schweiz)
Natriumchlorid	B. Braun Melsungen AG (Melsungen, Deutschland)
Natriumdodecylsulfat	Merck KGaA (Darmstadt, Deutschland)
SDC	Sigma-Aldrich (Steinheim, Deutschland)
TEAB	Thermo Scientific (Bremen, Deutschland)

3.2. verwendete Biomaterialien

Materialien	Firma
humane Zahnpulpen	Patienten aus der Mund-, Kiefer- und Gesichtschirurgie, UKE
Trypsin	Sigma-Aldrich (Steinheim, Deutschland)

3.3. verwendete Geräte

Gerät	Firma
Dionex UltiMate 3000 RSLCnano	Thermo Scientific (Bremen, Deutschland)
Inkubator	Heraeus Instrumente (Hanau, Deutschland)
Kühlschrank (-80 °C)	SANYO (Moriguchi City, Japan)
Orbitrap Fusion	Thermo Scientific (Bremen, Deutschland)
Quadrupole-Orbitrap-System (Q Exactive™)	Thermo Scientific (Bremen, Deutschland)
Sonicator HD2200	Bendelin (Berlin, Deutschland)
Sonoplus Ultraschall-Homogenisationsgerät	Bandelin (Berlin, Deutschland)
Thermo Mixer 5320	Eppendorf AG (Hamburg, Deutschland)
Tischzentrifuge Eppendorf 5415 C	Eppendorf AG (Hamburg, Deutschland)
Vacuum pump CVC 2000	Vacuubrand (Wertheim, Germany)
VARIO® chemistry diaphragm pump MZ 2C Vario	Vacuubrand (Wertheim, Germany)

3.4. verwendete Software

Software	Firma
BioVenn	http://www.biovenn.nl/
MaxQuant Version 1.5.8.3	Cox und Mann (Martinsried, Deutschland)
PANTHER	http://pantherdb.org/
Thermo Xcalibur™ 4.0.27.13	Thermo Fisher Scientific (Bremen, Deutschland)
Open Targets Platform	https://www.targetvalidation.org/
Uniprot	http://www.uniprot.org

3.5. verwendete Verbrauchsmaterialien

Materialien	Firma
15 ml Zentrifugenröhrchen	Greiner Bio-One (Frickenhausen, Deutschland)
Amicon Zentrifugenfilter	Merck KGaA (Darmstadt, Deutschland)
Eppendorf Tube	Eppendorf (Hamburg, Deutschland)
Filterpapier	Hanemühle (Dassel, Deutschland)
OP Abdecktuch	Mölnlycke Health Care (Göteborg, Schweden)

3.6. Menschliche Zahnpulpen

Es wurden insgesamt 15 gesunde Weisheitszähne von 6 Patienten (2 Männer und 4 Frauen) im Alter von 19-42 Jahren untersucht. Alle Patienten haben der Untersuchung Ihrer Weisheitszähne zum Forschungszweck schriftlich zugestimmt.

Die Weisheitszähne wurden unter Vollnarkose in der Abteilung der Mund-Kiefer-Gesichtschirurgie des Universitätsklinikums Hamburg Eppendorf komplikationslos entfernt, mit NaCl von Blut und Speichel gereinigt und in 15ml Zentrifugenröhrchen überführt und direkt in flüssigem Stickstoff schockgefroren. Pro Zentrifugenröhrchen war ein Zahn gelagert.

Die Zähne wurden bei -80 °C gelagert, bis die Pulpen aus den Zähnen extrahiert wurden. Hierfür wurden die Zähne unter sterilen OP-Abdecktüchern mit einem Hammer auf gehämmert. Die dann freiliegende Pulpa wurde mit einer sterilen Pinzette entnommen, gewogen und in einem Eppendorf Tube überführt und wieder bei -80°C bis zum Bearbeiten mit dem PIRL gelagert. Das Gesamtgewicht der Pulpen betrug 0,3 g.

3.7. Desorption durch Impulsschwingungsanregung (DIVE) mit einem Pikosekunden-Infrarotlaser (PIRL)

3.7.1. Aufbau

Für die Abtragung der Proben wurde das Lasersystem PIRL (Pikosekunden-Infrarotlaser) eingesetzt. Dieses Lasersystem war mit einem wassergekühlten Kupferblock ausgestattet, welcher an einem Temperaturregler angeschlossen war und stets die Temperatur des Gewebes auf -10 °C konstant hielt. Der Kupferblock befand sich in einer selbstgebauten dicht verschließbaren Kammer. Dieses besaß einen stromlinien-förmigen Innenraum mit dem Ziel eine aerodynamisch-konstante laminare Luftströmung zu erzeugen, indem eine Membranpumpe einen Unterdruck im Innenraum erzeugt. Die besagte Kammer verfügt über ein Fenster für den Einlass des Laserstrahls und zwei weiteren Öffnungen, die für die Luftzufuhr und -abfuhr zuständig sind (Abb. 2). Die Kammer wurde über eine dieser Öffnungen durch einen Teflon-Schlauch, an eine Auffangfalle mit Filterpapier (Firma Hanemühle, Eigenschaften: Grade FP GF 50, Gewicht: 56 g/qm, Dicke 0,29 mm und Rohmaterial: Borosilikatglas

ohne Bindemittel) angeschlossen, welches wiederum über einen weiteren Teflon-Schlauch an einer Vakuumpumpe angeschlossen war. Hierüber wurde die bei der Bestrahlung entstandene Ablationswolke abgesaugt und in der aufgespannten Vorrichtung mit Filterpapier aufgefangen. (Siehe Abb. 3)



Abbildung 2: Kammeraufsatz mit der Auffangvorrichtung für das Filterpapier.

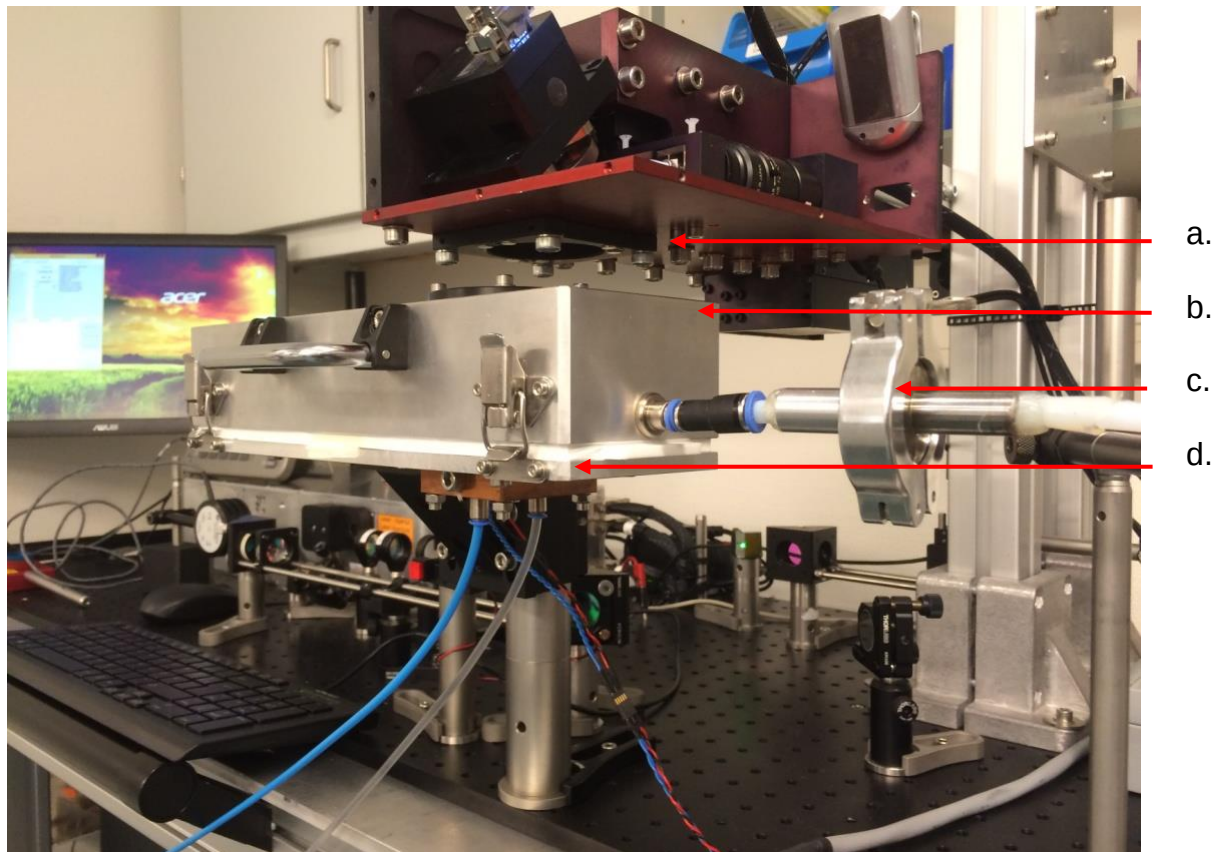


Abbildung 3: Aufbau PIRL. Auf dem Bild ist der Austrittspunkt des PIRL-Strahls (a) zu erkennen, welcher auf die verschließbare, dichte Kammer (b) gerichtet ist. Seitlich der Kammer geht der an einer Vakuumpumpe angeschlossene Teflonschlauch mit Auffangvorrichtung für das Aerosol mit dem eingesetzten Filterpapier ab (c) und auf dem Kammerboden (im Innenraum) ist der wassergekühlte Kupferblock (d) eingebaut.

3.7.2 Probenabtragung mit dem PIRL

Die Proben wurden einzeln auf dem Kupferblock unter dem Laserstrahleinlassfenster platziert und mit der maximalen Laserenergiedichte pro Fläche 1.5 J / cm^2 bestrahlt. Die Bestrahlung erfolgte bis zur vollständigen Auflösung der Proben. Wie bereits in der Einleitung beschrieben, wird das bestrahlte Gewebe zusammen mit den Wassermolekülen, die im Gewebe enthalten sind, in die Gasphase überführt. Das dabei entstandene Aerosol wird mithilfe des Unterdrucks in der Falle aufgefangen. Durch das Vakuum verdampft das Wasser aus dem Aerosol. Somit werden die gesammelten Biomoleküle pulverisiert und auf dem Filterpapier fixiert. Das Filterpapier wurde in einen neuen Eppendorf Tube überführt und bis zur Untersuchung bei $-80 \text{ }^{\circ}\text{C}$ gelagert. Zwischen jeder Probe wurden alle Objekte (Kammer, Absaugschlauch, Filtereinsatz) mit Wasser und Isopropanol gereinigt und desinfiziert und ein neues Filterpapier in die Falle eingespannt.

3.8. Proteinextraktion

Für die Proteinextraktion wurde in den Eppendorf Tubes zu jedem Filterpapier $500 \text{ }\mu\text{L}$ SDC Puffer (1 % SDC, 0,1 M TEAB Triethylammoniumbicarbonat) dazugegeben. Diese wurden dann für 5 Minuten bei $10.000 \times g$ zentrifugiert. Die Proben wurden anschließend für 30 Sekunden im Ultraschall-Homogenisationsgerät bei 25% Leistung behandelt und sofort danach bei $99 \text{ }^{\circ}\text{C}$ für 30 Minuten inkubiert. Anschließend wurden sie wieder für 5 Minuten bei $10.000 \times g$ zentrifugiert. Der Überstand wurde in einem Amicon Zentrifugenfilter überführt. Dieses wurde bei $14.000 \times g$ 30 Minuten zentrifugiert und das Filtrat wurde entsorgt. Zu den Eppendorf Tubes mit dem Filterpapier wurde diesmal $400 \text{ }\mu\text{L}$ Harnstoff (8 M) hinzugegeben und dann 5 Minuten bei $10.000 \times g$ zentrifugiert. Der Überstand wurde in dasselbe Filter, welche die Proteine aus der SDC-Extraktion enthielt überführt und bei $14.000 \times g$ 30 Minuten zentrifugiert.

3.9. Tryptischer Verdau

In das Zentrifugenfilter mit den extrahierten Proteinen wurden 500 μL Harnstoff (6 M) hinzugefügt. Die Proteine wurden konzentriert, indem sie für 30 Minuten bei $14.000 \times g$ zentrifugiert wurden. Das Filtrat wurde entsorgt. Dieser Schritt wurde weitere drei Male wiederholt, um massenspektrometrisch-inkompatibles SDC-Puffer vollständig zu entfernen. Die Disulfidbrücken der Proteine wurden mit 1 μL DTT (100 mM, gelöst in Ammoniumhydrogencarbonat, pH=8,3) bei 56 °C und 15 Minuten Inkubationszeit reduziert. Anschließend wurden die Sulfidionen mit 1,3 μL IAA (300 mM, gelöst in Ammoniumhydrogencarbonat, pH=8,3) bei Raumtemperatur abgedunkelt bei 30 Minuten Inkubationszeit alkyliert. Es wurde dann 425 μL Ammoniumhydrogencarbonat (AmBiCa, 100 mM) hinzugegeben, um ein basisches Milieu zu erzielen. Es wurde mit 2,5 μg Trypsin ($c=0,25 \mu\text{g}/\mu\text{L}$) der tryptische Verdau 16 h bei 37 °C durchgeführt. Zum Schluss wurde es bei $14.000 \times g$ für 30 Minuten zentrifugiert. Im Filtrat befanden sich die tryptisch-verdauten Peptide. Das Lösungsmittel wurde in Vakuum zum Trockenen eingengt.

3.10. LC-MS / MS-Analyse

Die tryptischen Peptide wurden mit der Tandem-Massenspektrometrie Methode analysiert. Hierfür wurden die Peptide in einem nanoUPLC-System (UltiMate 3000 Rapid Separation liquid chromatography, RSLC; Dionex, Thermo Scientific) online gekoppelt mit einer Elektrospray Ionisierung (ESI) an einem Hybrid-Quadrupole-Orbitrap Massenspektrometer (Orbitrap QExactive, Thermo Scientific) aufgetrennt und gemessen. Die Proben wurden mit einer Flussrate von 5 $\mu\text{L}/\text{min}$ mit einem 5%-igen Puffer B (0.1% FA in ACN) auf einer Vorsäule (Acclaim PepMap μ -precolumn, C18, $300 \mu\text{m} \times 5 \text{ mm}$, 5 μm , 100 Å, Thermo Scientific) aufgetragen. Die Vorsäule wurde erst für 5 Minuten mit einer Flussrate von 3 $\mu\text{L}/\text{min}$ gewaschen und anschließend wurden die Peptide mit einer Flussrate von 350 nL/min auf einer „reversed phase“ Trennsäule eluiert (Acclaim PepMap 100, C18, $75 \mu\text{m} \times 250 \text{ mm}$, 2 μm , 100 Å; Thermo Scientific). Die Elution der Peptide erfolgte mit einem binärischen Puffersystem Puffer A (0.1% FA in HPLC- H_2O) und Puffer B (0.1% FA in ACN) und einem Gradient von 5 – 32% Puffer B in 120 Minuten mit einer gesamten Chromatographie-Zeit von 160 Minuten.

Der Spray wurde durch ein Fused-Silica-Emitter (Innendurchmesser: 10 μm , New Objective, Woburn, USA) bei einer Kapillarspannung von 1650 V erzeugt. Die massenspektrometrische Messung erfolgte im positiven Ionenmodus, im DDA-Modus mit dem TopN-Modus 12. Auf der ersten MS-Ebene (MS-1) wurden die Vorläuferionen in einem Scan-Bereich von 400 – 1220 m/z gemessen mit einer Auflösung des Orbitraps von QExactive von 70.000 FWHM bei 200 m/z . Die maximale Injektionszeit betrug 120 ms und das AGC-Target 1×10^6 . Auf der zweiten MS-Ebene (MS-2) wurden folgende Parameter zur Fragmentierung der Vorläuferionen als Auswahlkriterien festgelegt: Der Intensitätsschwellen-Wert mit 1×10^5 in einem Isolationsfenster von 2 m/z . Die Fragmentierung erfolgte in einer Auflösung von 17.500 FWHM bei 200 m/z . Zur Fragmentierung wurden Ionen mit der Ladung 2+ bis 7+ selektiert. Die maximale Injektionszeit betrug 60 ms, das AGC-Target 5×10^5 und das minimale AGC-Target betrug 6×10^3 . Die Fragmentspektren wurden in einem Scan-Bereich von 200 – 2000 m/z mit einer Scanrate von einer Sekunde aufgenommen.

3.11. Datenanalyse

Die Rohdaten der LC-MS/MS Analysen wurden mit der MaxQuant Version 1.5.8.3 prozessiert. Die Suche wurde gegen die Humanen-Datenbank (Uniprot, 2019) sowie Kontaminanten-Datenbank mit einem FDR-Wert $< 0,01$ auf Protein- und Peptid-Ebene und Modifikationen durchgeführt. Als Protease-Spezifikation wurde Trypsin gewählt. Bei MaxQuant wurden folgende Parameter ausgewählt: als fehlerhafte Schnittstellen wurden 2 Schnittstellen an Arginin und Lysin berücksichtigt. Für die Massentoleranz für Precursorion auf erste MS-Ebene (MS1) wurde 10 ppm gewählt und für Fragmentierung auf zweite MS-Ebene (MS2) 0,02 Da. Folgende Modifizierungen wurden als variable Modifizierungen gewählt: Oxidation am Methionin, Acetylierung am Protein N-Terminus. Anschließend als fixe Modifizierung wurde Carbamidomethylierung am Cystein gewählt. Für die Identifizierung wurden nur Proteine mit eindeutigen (unique) Peptiden herangezogen (Anzahl der unique Peptide pro Protein ≥ 1).

Zur Untersuchung der Zusammensetzung der molekularen Funktion, der zellulären Komponenten und der biologischen Prozesse wurden die Proteine auf der Webseite PANTHER [30] (Protein ANalysis THrough Evolutionary Relationships) Klassifizierung-System (März 2019) überprüft. Für die Proteinklassifizierung wurde die

Datenbank des Homo Sapiens abgefragt. Zum Vergleichen der Ergebnisse mit der Literatur und dem Erstellen von Venn Diagrammen wurde die Web-Applikation BioVenn [31] genutzt.

Zur weiteren Analyse der Proteinliste wurden die Plattformen Uniprot [32], Open Targets Platform [33] und The Human Protein Atlas [34] angewendet (Zugriffszeit September 2019). Die Plattform The Human Protein Atlas wurde ausschließlich für die 382 Proteine, welche nur in dieser Arbeit vorkommen genutzt.

4. Ergebnisse

Bei der Analyse von 15 Weisheitszähnen wurden 1077 Proteingruppen (Unique Peptides ≥ 1) identifiziert. Die Gene Ontology (GO-) Klassifizierungen (GO-Annotationen: molekularen Funktionen, die zellulären Komponenten und die biologischen Prozesse) wurden hierbei genauer untersucht. Hierfür wurde die aus den LC-MS/MS Daten erhaltene Proteinliste aus dieser Studie, mit den Proteinlisten der Studien von Eckhardt *et al.* 2014 [28] sowie Eckhardt *et al.* 2015 [29] mithilfe der PANTHER Datenbank [30] klassifiziert und somit verglichen (siehe Abbildung 5, 7, 9). In Tabelle 8.1. (im Anhang) sind alle Proteingruppen aufgelistet.

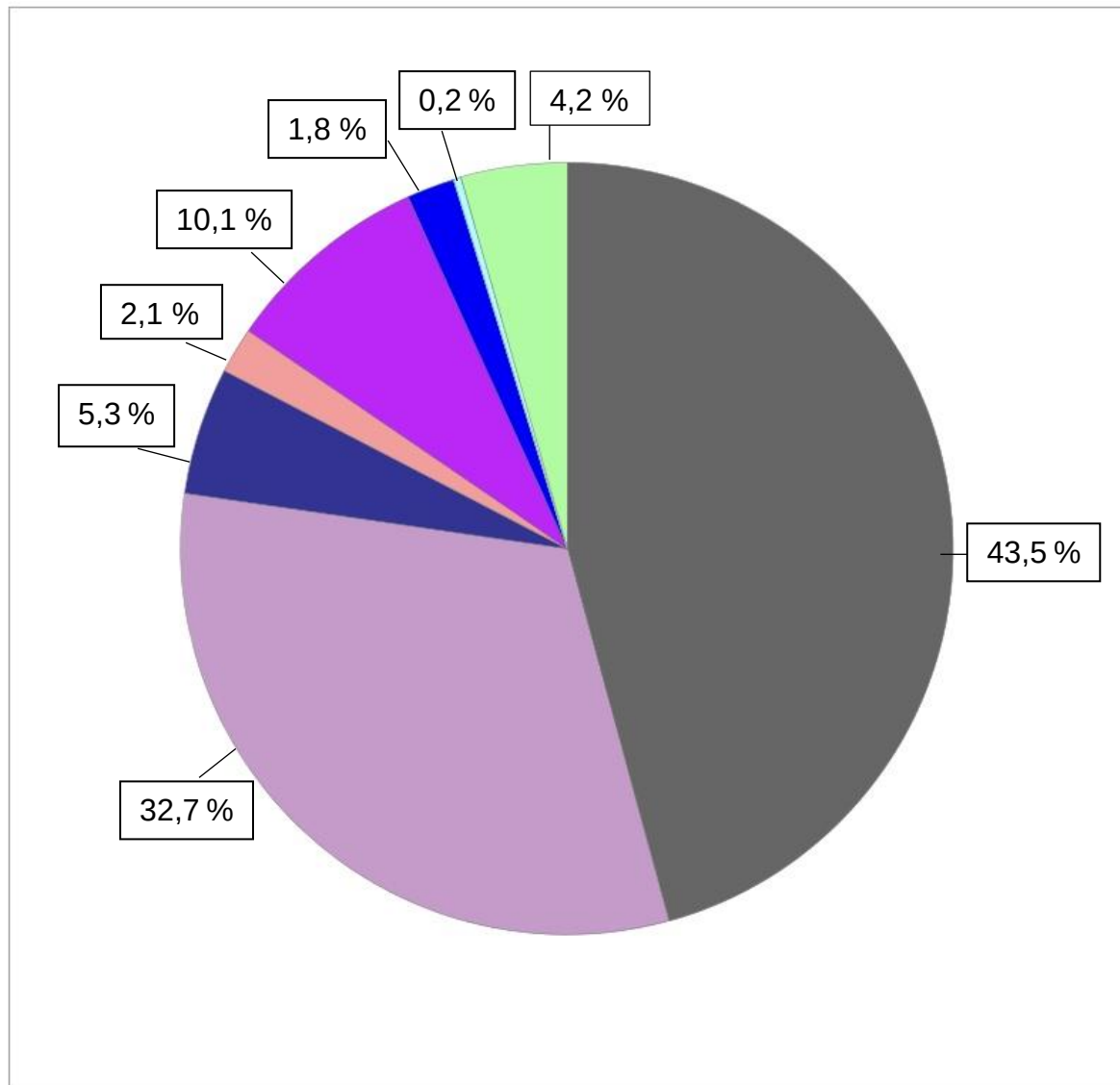
4.1. Molekulare Funktion

Bei der Untersuchung der Proteine in ihrer molekularen Funktion sind 43,5 % der Proteine in der Kategorie „Bindungen“ (GO:0005488) unterteilt (Abb.4).

Die Bindungen unterteilen sich wiederum in den Unterklassen: 42,6% Proteinbindung (GO:0005515), 25,1 % heterozyklische Bindung (GO:1901363), 10,9 % Ionenbindung (GO:0043167), 6,1 % kleine Molekülbindung (GO:0036094), 4,4 % organische ringförmige Verbindungsbindung (GO:0097159), 4,2 % proteinhaltige Komplexbindung (GO:0044877), 2,0 % Medikamentenbindung (GO:0008144), 1,6 % Amidbindung (GO:0033218), 1,3 % Chromatinbindung (GO:0003682), 0,8 % Cofaktorbindung (GO:0048037), 0,7 % Kohlenhydratderivatbindung (GO:0097367), 0,3 % Lipidbindung (GO:0008289) und 0,1 % Neurotransmitterbindung (GO:0042165). Eine weitere Unterteilung der molekularen Funktion nach den Bindungen folgt mit 32,7 % die katalytischen Aktivitäten (GO:0003824), welche sich in folgenden Gruppen unterteilen: 47,1 % Hydrolyse Aktivität (GO:0016787), 16,8 % Oxidoreduktase Aktivität (GO:0016491), 13,3 % Transferase Aktivität (GO:0016740), 7,8 % Lyase Aktivität (GO:0016829), 4,4 % Ligase Aktivität (GO:0016874), 18,3 % auf Proteine einwirkende katalytische Aktivitäten (GO:0140096), 2,5 % intramolekulare transferase Aktivität (GO:0016866) und 1,7 % weitere katalytische Aktivität (GO:0140098), (GO:0140097). Es folgen dann noch weitere molekulare Funktion mit 10,1 % strukturierende Molekül Aktivität (GO:0005198), 5,3 % molekulare Funktionsregulator (GO:0098772), 4,2 % Transporter Aktivität (GO:0005215), 2,1 % molekulare Signalgeber Aktivität

(GO:0060089), 1,8 % Transkriptionsregulator Aktivität (GO:0140110) und 0,2 % Translationsregulator Aktivität (GO:0045182).

In der Abbildung 5 wird die prozentuale Zusammensetzung der Funktionen mit den Ergebnissen der jeweiligen Literatur verglichen.



- [binding \(GO:0005488\)](#)
- [catalytic activity \(GO:0003824\)](#)
- [molecular function regulator \(GO:0098772\)](#)
- [molecular transducer activity \(GO:0060089\)](#)
- [structural molecule activity \(GO:0005198\)](#)
- [transcription regulator activity \(GO:0140110\)](#)
- [translation regulator activity \(GO:0045182\)](#)
- [transporter activity \(GO:0005215\)](#)

Abbildung 4: Kreisdiagramm der Molekularen Funktionen mit Erläuterung der jeweiligen GO-Klassifizierung.

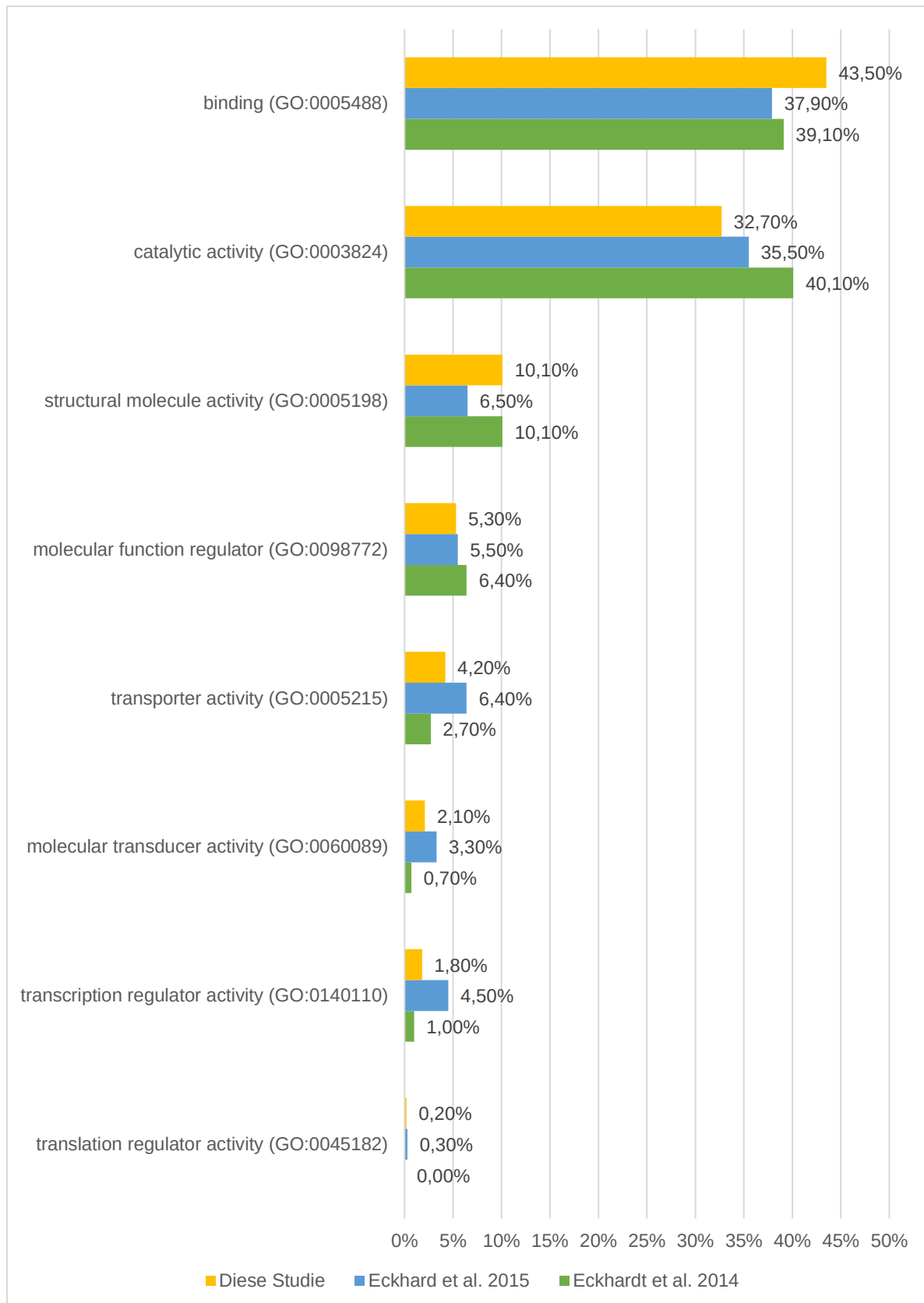
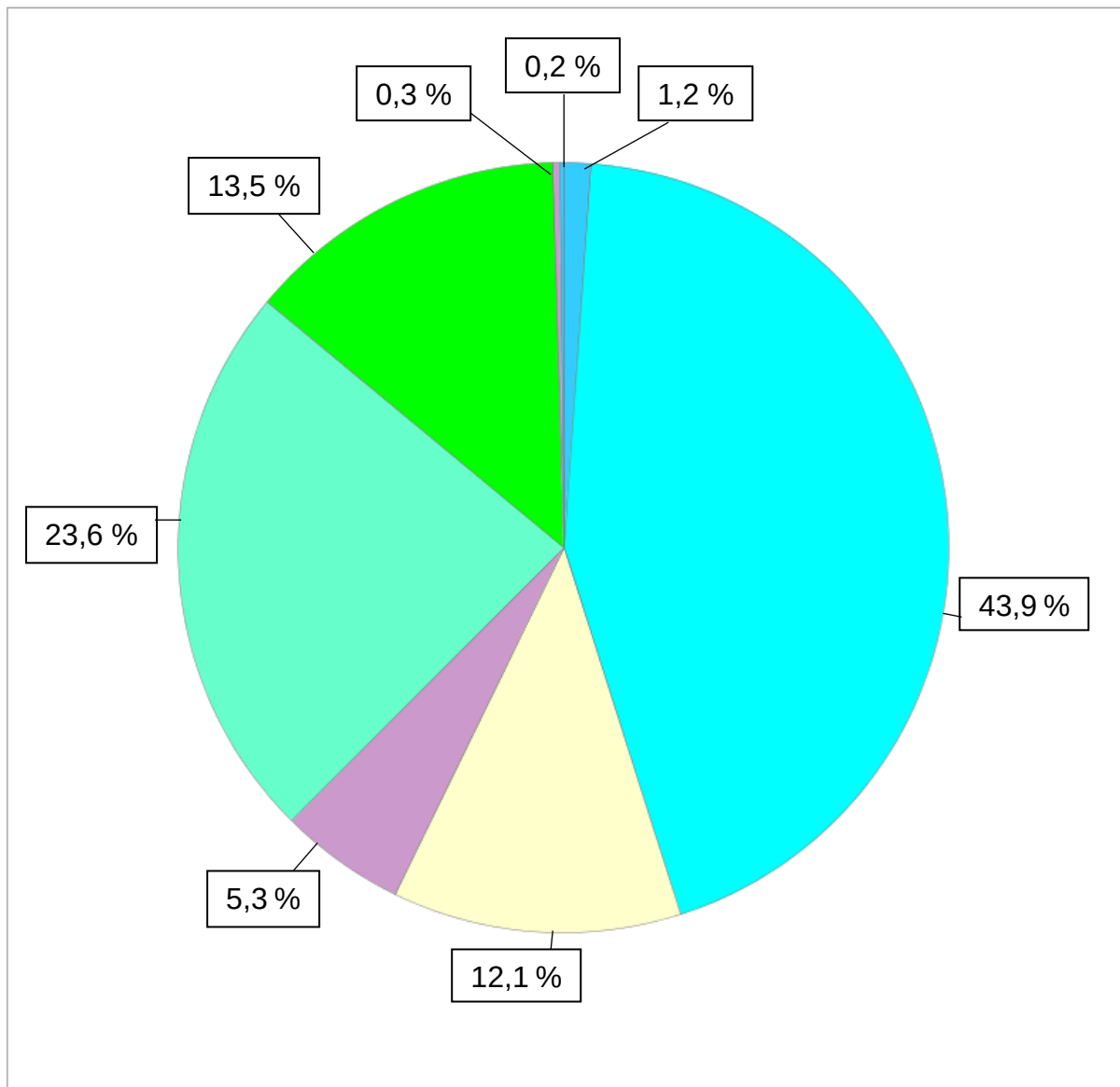


Abbildung 5: prozentualer Vergleich der molekularen Funktion mit der Literatur.

4.2. Zelluläre Komponenten

In der Abbildung 6 werden die zellulären Komponenten des Pulpengewebes in einem Kreisdiagramm dargestellt, welche sich aus 43,9% Zellenteile (GO:0005623), 23,6 % Organellen (GO:0043226), 13,5 % proteinhaltige Komplexe (GO:0032991), 12,1 % extrazelluläre Region (GO:0005576), 5,3 % Membran (GO:0016020), 1,2 % Zellverbindungen (GO:0030054), 0,3 % supramolekularer Komplex (GO:0099080) und 0,2 % Synapsen (GO:0045202) zusammensetzt. In der Abbildung 7 wird die prozentuale Zusammensetzung der zellulären Komponenten mit den Ergebnissen der jeweiligen Literatur verglichen.



- [cell junction \(GO:0030054\)](#)
- [cell \(GO:0005623\)](#)
- [extracellular region \(GO:0005576\)](#)
- [membrane \(GO:0016020\)](#)
- [organelle \(GO:0043226\)](#)
- [protein-containing complex \(GO:0032991\)](#)
- [supramolecular complex \(GO:0099080\)](#)
- [synapse \(GO:0045202\)](#)

Abbildung 6: Kreisdiagramm der zellulären Komponenten mit Erläuterung der jeweiligen GO-Klassifizierung.

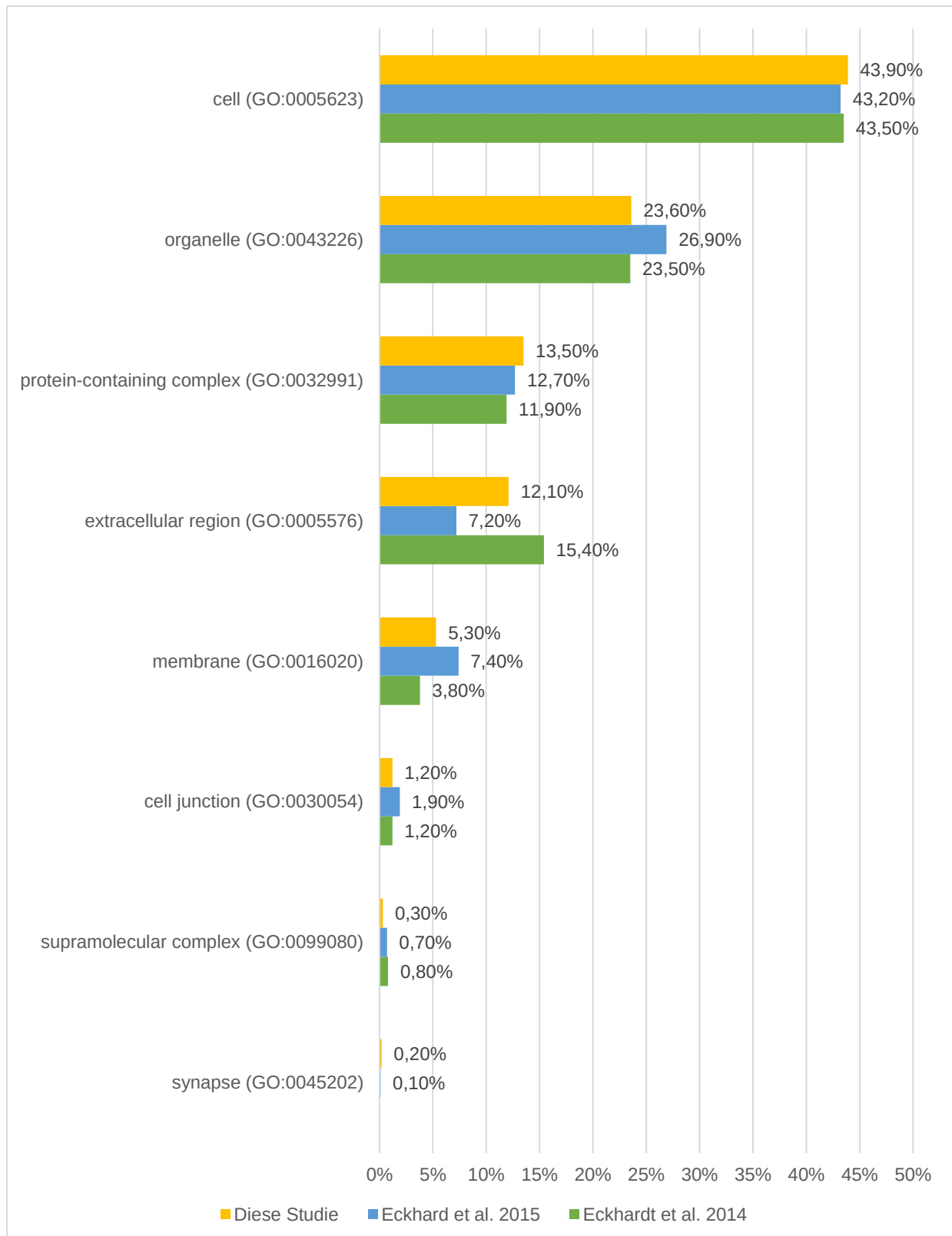
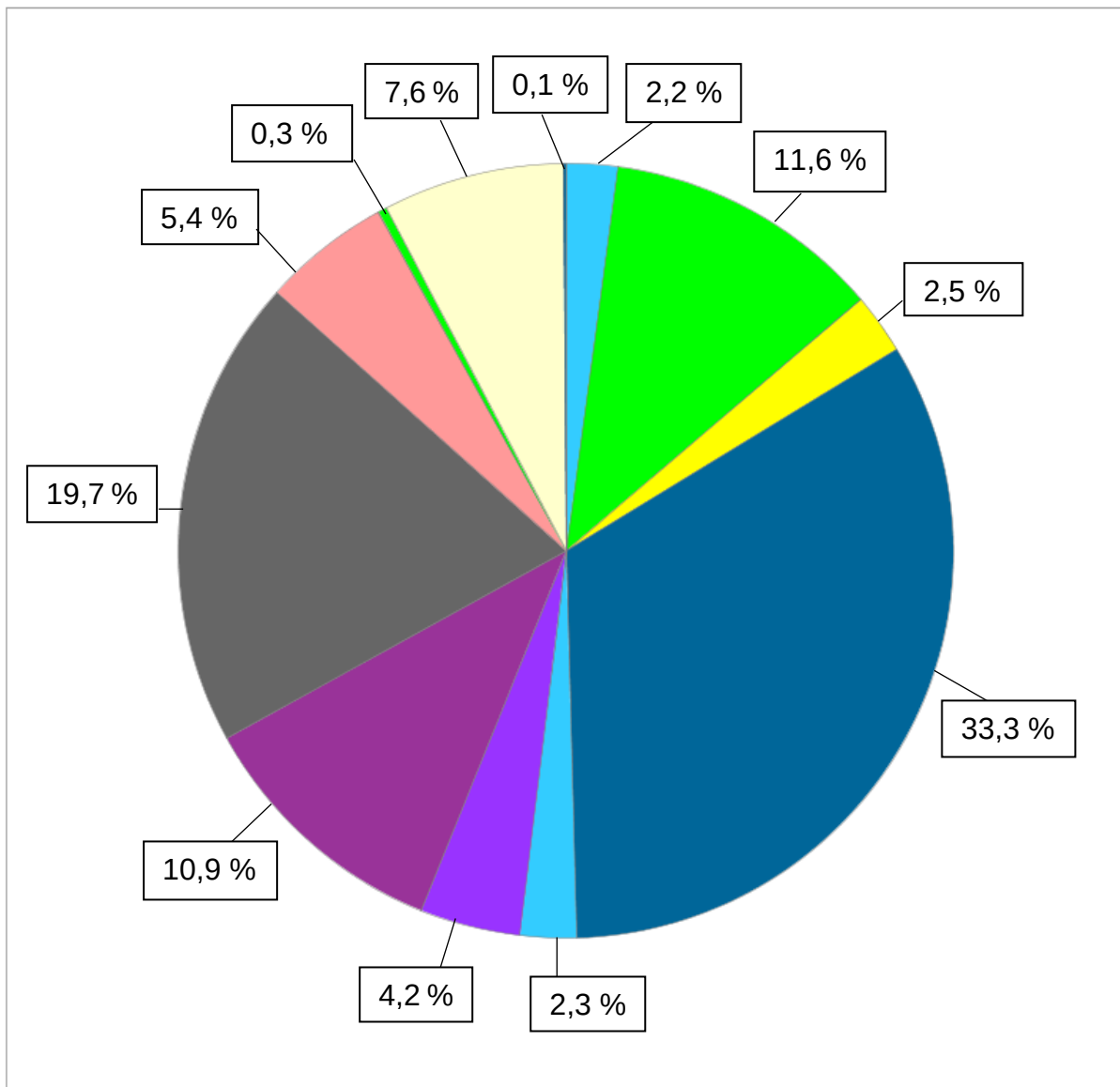


Abbildung 7: prozentualer Vergleich der zellulären Komponenten mit der Literatur.

4.3. Biologische Prozesse

In der Abbildung 8 sind die biologischen Prozesse in einem Kreisdiagramm dargestellt. Die biologischen Prozesse setzen sich zusammen aus 33,3 % zelluläre Prozesse (GO:0009987), 19,7 % metabolische Prozesse (GO:0008152), 11,6 % biologische Regulation (GO:0065007), 10,9 % Lokalisierung (GO:0051179), 7,6 % Reaktion auf Impulse (GO:0050896), 5,4 % multizellulärer Organismusprozess (GO:0032501), 4,2 % Immunsystem Prozess (GO:0002376), 2,5 % zellartige Organisationskomponente oder Biogenese (GO:0071840), 2,3 % entwicklungsorientierter Prozess (GO:0032502), 2,2 % biologische Adhäsion (GO:0022610), 0,3 % Reproduktion (GO:0000003) und 0,1 % rhythmischer Prozess (GO:0048511). In der Abbildung 9 wird die prozentuale Zusammensetzung der biologischen Prozesse mit den Ergebnissen der jeweiligen Literatur verglichen.



- [biological adhesion \(GO:0022610\)](#)
- [biological regulation \(GO:0065007\)](#)
- [cellular component organization or biogenesis \(GO:0071840\)](#)
- [cellular process \(GO:0009987\)](#)
- [developmental process \(GO:0032502\)](#)
- [immune system process \(GO:0002376\)](#)
- [localization \(GO:0051179\)](#)
- [metabolic process \(GO:0008152\)](#)
- [multicellular organismal process \(GO:0032501\)](#)
- [reproduction \(GO:0000003\)](#)
- [response to stimulus \(GO:0050896\)](#)
- [rhythmic process \(GO:0048511\)](#)

Abbildung 8: Kreisdiagramm der biologischen Prozesse mit Erläuterung der jeweiligen GO-Klassifizierung.

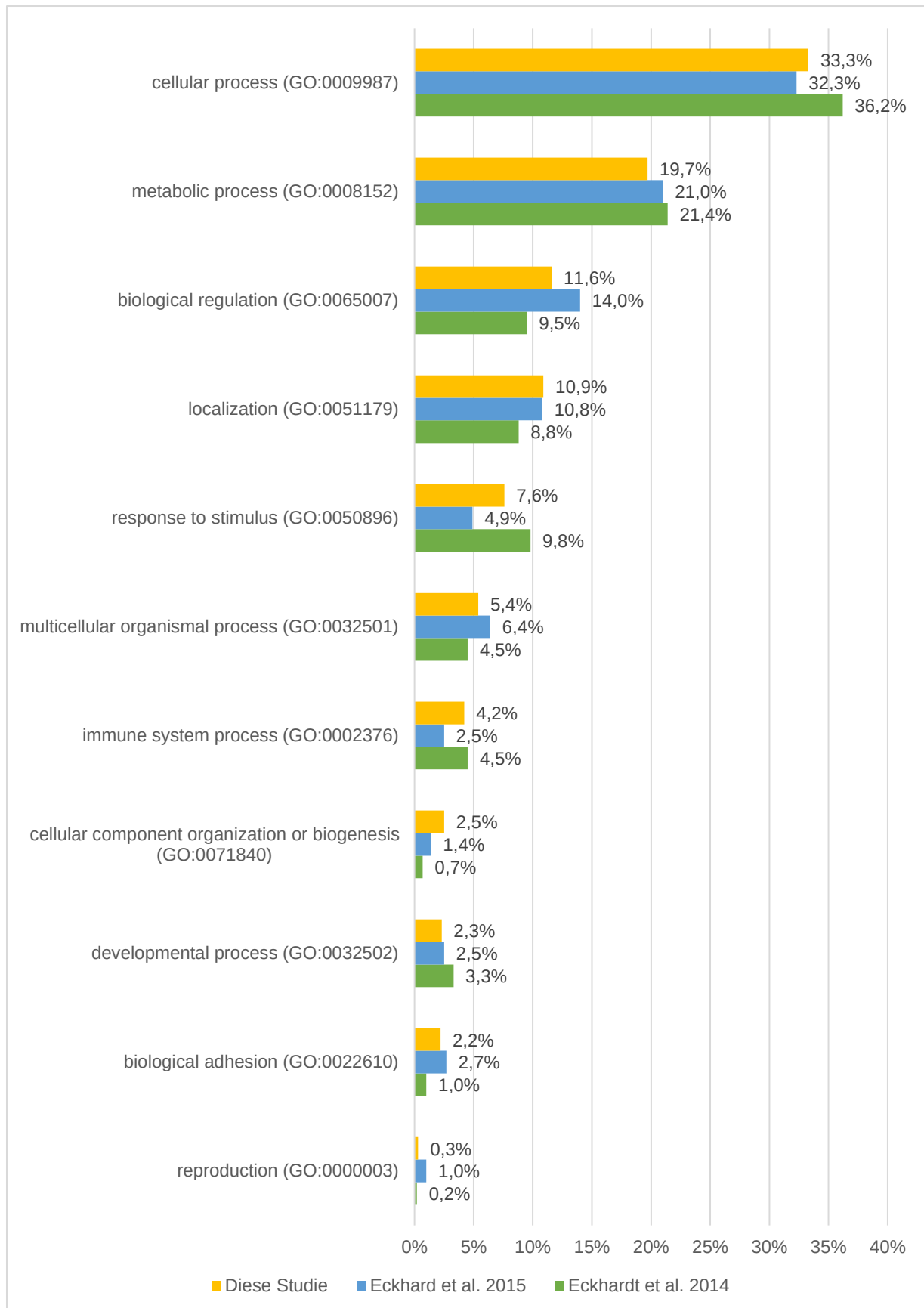


Abbildung 9: prozentualer Vergleich der biologischen Prozesse mit der Literatur.

4.4. Ergebnisse in Proteingruppen und Proteinliste im Vergleich mit der Literatur

In dieser Arbeit sind 1077 Proteingruppen und 1348 Proteine identifiziert worden. (siehe Tabelle 8.1). Die 1348 identifizierten Proteine sind in der Tabelle 4.1 mit den Arbeiten von U. Eckhardt *et al.* aus dem Jahr 2014 und A. Eckhardt *et al.* aus dem Jahr 2015 verglichen worden. Dem Venn Diagramm ist zu entnehmen, dass eine Übereinstimmung von 274 identifizierten Proteinen mit der Arbeit von A. Eckhardt *et al.* 2014 und 940 identifizierten Proteine mit der Arbeit von U. Eckhardt *et al.* 2015 vorliegt. 248 Proteine wurden in allen drei Arbeiten identifiziert. 382 Proteine wurden ausschließlich in dieser Arbeit identifiziert (siehe Abb. 10).

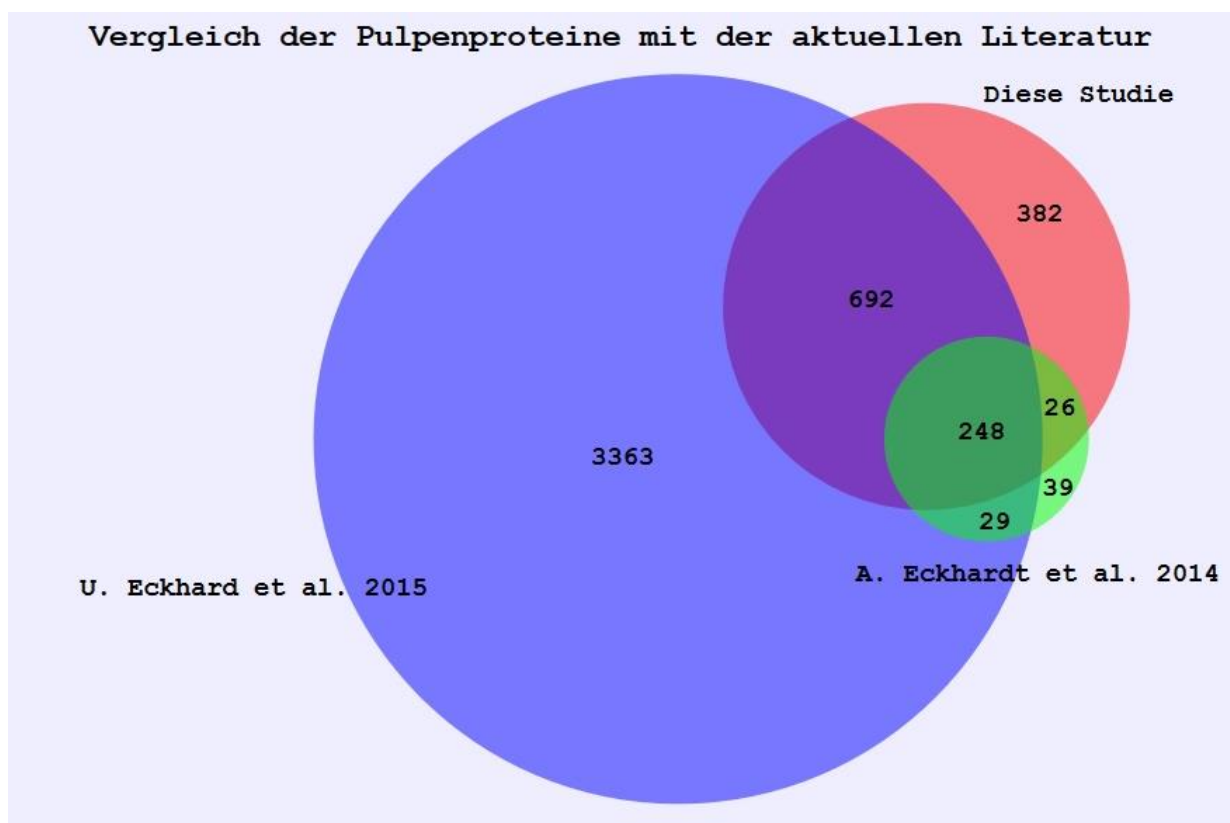


Abbildung 10: Venn Diagramm – Vergleich der Anzahl der identifizierten Proteine aus dieser Studie mit der Literatur: Eckhardt *et al.* 2014 sowie Eckhardt *et al.* 2015.

Tabelle 4.1 Auflistung der identifizierten Proteine mit Literaturvergleich [28, 29]

	Protein ID	Proteinnamen	U. Eckhard et al. 2015	A. Eckhardt et al. 2014
1	Q09666	Neuroblast differentiation-associated protein	x	
2	Q15149	Plectin	x	
3	P58107	Epiplakin	x	
4	P02768	Serum albumin		x
5	P12111	Collagen alpha-3	x	x
6	P21333	Filamin-A	x	x
7	P08670	Vimentin	x	x
8	P17661	Desmin	x	
9	P24821	Tenascin	x	x
10	Q13813	Spectrin alpha chain, non-erythrocytic 1	x	x
11	P01024	Complement C3	x	x
12	O75369	Filamin-B	x	x
13	P02787	Serotransferrin	x	x
14	P48681	Nestin	x	x
15	Q02952	A-kinase anchor protein 12	x	
16	P01023	Alpha-2-macroglobulin	x	
17	P20742	Pregnancy zone protein		
18	Q01082	Spectrin beta chain, non-erythrocytic 1	x	
19	O15020	Spectrin beta chain, non-erythrocytic 2	x	
20	P02751	Fibronectin	x	
21	P00450	Ceruloplasmin	x	x
22	P08133	Annexin A6	x	x
23	P08603	Complement factor H	x	
24	Q02985	Complement factor H-related protein 3		
25	P35555	Fibrillin-1	x	x
26	P07355	Annexin A2	x	x
27	A6NMY6	Putative annexin A2-like protein		
28	P98160	Basement membrane-specific heparan sulfate proteoglycan core protein	x	
29	P02774	Vitamin D-binding protein	x	x
30	P06576	ATP synthase subunit beta, mitochondrial	x	x
31	P01009	Alpha-1-antitrypsin	x	x
32	P02647	Apolipoprotein A-I	x	x
33	P02790	Hemopexin	x	x
34	P35580	Myosin-10	x	x
35	P04264	Keratin, type II cytoskeletal 1	x	x
36	P02545	Prelamin-A/C	x	x
37	P18206	Vinculin	x	
38	Q15582	Transforming growth factor-beta-induced protein ig-h3	x	x
39	P04083	Annexin A1	x	x
40	P14618	Pyruvate kinase PKM	x	x
41	P30613	Pyruvate kinase PKLR	x	

42	P35579	Myosin-9	x	x
43	P46821	Microtubule-associated protein 1B	x	
44	Q00610	Clathrin heavy chain 1	x	
45	P53675	Clathrin heavy chain 2		
46	P01008	Antithrombin-III	x	x
47	P08758	Annexin A5	x	x
48	P12814	Alpha-actinin-1	x	x
49	P35609	Alpha-actinin-2		
50	Q08043	Alpha-actinin-3	x	
51	Q9BXM0	Periaxin	x	
52	Q9Y490	Talin-1	x	
53	P00734	Prothrombin	x	x
54	P11021	Endoplasmic reticulum chaperone BiP	x	x
55	P13611	Versican core protein	x	
56	O15061	Synemin	x	
57	P06727	Apolipoprotein A-IV	x	
58	P12109	Collagen alpha-1	x	x
59	P19823	Inter-alpha-trypsin inhibitor heavy chain H2	x	x
60	P30101	Protein disulfide-isomerase A3	x	x
61	Q03252	Lamin-B2	x	
62	P13645	Keratin, type I cytoskeletal 10		x
63	Q7Z3Z0	Keratin, type I cytoskeletal 25		
64	Q7Z3Y8	Keratin, type I cytoskeletal 27		
65	Q7Z3Y7	Keratin, type I cytoskeletal 28		
66	P01042	Kininogen-1	x	x
67	P06396	Gelsolin	x	x
68	P10809	60 kDa heat shock protein, mitochondrial	x	
69	P19827	Inter-alpha-trypsin inhibitor heavy chain H1	x	
70	P25705	ATP synthase subunit alpha, mitochondrial	x	x
71	P55072	Transitional endoplasmic reticulum ATPase	x	x
72	Q9Y6C2	EMILIN-1	x	x
73	P00738	Haptoglobin	x	
74	P00739	Haptoglobin-related protein	x	
75	P10909	Clusterin	x	x
76	P12110	Collagen alpha-2	x	
77	P13797	Plastin-3	x	
78	P13796	Plastin-2	x	
79	Q14651	Plastin-1	x	
80	P14625	Endoplasmin	x	x
81	Q58FF3	Putative endoplasmin-like protein		
82	P22314	Ubiquitin-like modifier-activating enzyme 1	x	
83	P26022	Pentraxin-related protein PTX3	x	x
84	P27816	Microtubule-associated protein 4	x	
85	Q14624	Inter-alpha-trypsin inhibitor heavy chain H4	x	x
86	Q15063	Periostin	x	
87	Q16555	Dihydropyrimidinase-related protein 2	x	x
88	Q9Y6U3	Adseverin	x	x
89	O43707	Alpha-actinin-4	x	
90	Q9H254	Spectrin beta chain, non-erythrocytic 4	x	

91	P00352	Retinal dehydrogenase 1	x	x
92	P00558	Phosphoglycerate kinase 1	x	x
93	P07205	Phosphoglycerate kinase 2		
94	P02675	Fibrinogen beta chain	x	
95	P04217	Alpha-1B-glycoprotein	x	x
96	P06733	Alpha-enolase	x	x
97	P13929	Beta-enolase	x	
98	P08473	Neprilysin	x	
99	P11142	Heat shock cognate 71 kDa protein	x	
100	P30041	Peroxiredoxin-6	x	x
101	P36955	Pigment epithelium-derived factor	x	x
102	P41219	Peripherin	x	x
103	P51884	Lumican	x	x
104	P60174	Triosephosphate isomerase	x	x
105	Q96CX2	BTB/POZ domain-containing protein KCTD12	x	x
106	Q68DU8	BTB/POZ domain-containing protein KCTD16	x	
107	Q6ZWB6	BTB/POZ domain-containing protein KCTD8		
108	P01011	Alpha-1-antichymotrypsin	x	x
109	P02452	Collagen alpha-1	x	x
110	P02749	Beta-2-glycoprotein 1	x	x
111	P02766	Transthyretin	x	x
112	P05023	Sodium/potassium-transporting ATPase subunit alpha-1	x	
113	P13637	Sodium/potassium-transporting ATPase subunit alpha-3		
114	P50993	Sodium/potassium-transporting ATPase subunit alpha-2	x	
115	Q13733	Sodium/potassium-transporting ATPase subunit alpha-4		
116	P54707	Potassium-transporting ATPase alpha chain 2	x	
117	P20648	Potassium-transporting ATPase alpha chain 1	x	
118	P08123	Collagen alpha-2	x	x
119	P09525	Annexin A4	x	x
120	P10915	Hyaluronan and proteoglycan link protein 1	x	
121	P19338	Nucleolin	x	
122	P21810	Biglycan	x	x
123	P25311	Zinc-alpha-2-glycoprotein	x	x
124	P35556	Fibrillin-2	x	
125	Q75N90	Fibrillin-3	x	
126	P46940	Ras GTPase-activating-like protein IQGAP1	x	
127	P55786	Puromycin-sensitive aminopeptidase	x	
128	A6NEC2	Puromycin-sensitive aminopeptidase-like protein		
129	Q05682	Caldesmon	x	x
130	Q13228	Methanethiol oxidase	x	x
131	Q14204	Cytoplasmic dynein 1 heavy chain 1	x	
132	Q15113	Procollagen C-endopeptidase enhancer 1	x	
133	P00747	Plasminogen	x	
134	P00751	Complement factor B	x	

135	P04406	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase	x	x
136	P07196	Neurofilament light polypeptide	x	
137	P07197	Neurofilament medium polypeptide	x	
138	Q16352	Alpha-internexin		
139	P07237	Protein disulfide-isomerase	x	x
140	P07900	Heat shock protein HSP 90-alpha	x	x
141	Q14568	Heat shock protein HSP 90-alpha A2		
142	Q58FG0	Putative heat shock protein HSP 90-alpha A5		
143	Q58FG1	Putative heat shock protein HSP 90-alpha A4		
144	P08865	40S ribosomal protein SA	x	
145	P20774	Mimecan	x	x
146	P21796	Voltage-dependent anion-selective channel protein 1	x	x
147	P37802	Transgelin-2	x	x
148	Q9UI15	Transgelin-3		
149	P43652	Afamin	x	
150	Q05707	Collagen alpha-1	x	
151	Q07065	Cytoskeleton-associated protein 4	x	
152	Q9BXN1	Asporin	x	x
153	P35527	Keratin, type I cytoskeletal 9		x
154	P01834	Immunoglobulin kappa constant	x	x
155	P04075	Fructose-bisphosphate aldolase A	x	x
156	P04196	Histidine-rich glycoprotein	x	
157	P05155	Plasma protease C1 inhibitor	x	
158	P06737	Glycogen phosphorylase, liver form	x	
159	P11217	Glycogen phosphorylase, muscle form	x	
160	P07585	Decorin	x	
161	P0DMV8	Heat shock 70 kDa protein 1A		
162	P0DMV9	Heat shock 70 kDa protein 1B		
163	P48741	Putative heat shock 70 kDa protein 7		
164	P09211	Glutathione S-transferase P	x	x
165	P09382	Galectin-1	x	x
166	P22626	Heterogeneous nuclear ribonucleoproteins A2/B1	x	x
167	P28838	Cytosol aminopeptidase	x	x
168	P40926	Malate dehydrogenase, mitochondrial	x	x
169	P49419	Alpha-aminoacidic semialdehyde dehydrogenase	x	
170	P55268	Laminin subunit beta-2	x	
171	P62805	Histone H4	x	x
172	P62937	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase A	x	x
173	Q9Y536	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase A-like 4A		
174	F5H284	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase A-like 4D		
175	P68871	Hemoglobin subunit beta	x	x
176	P78371	T-complex protein 1 subunit beta	x	x
177	Q06830	Peroxiredoxin-1	x	x
178	Q07954	Prolow-density lipoprotein receptor-related protein 1	x	
179	Q14697	Neutral alpha-glucosidase AB	x	x

180	Q6UWY5	Olfactomedin-like protein 1	x	x
181	O95336	6-phosphogluconolactonase	x	
182	P01019	Angiotensinogen	x	
183	P02671	Fibrinogen alpha chain	x	x
184	P02679	Fibrinogen gamma chain	x	x
185	P02748	Complement component C9	x	
186	P04040	Catalase	x	
187	P05091	Aldehyde dehydrogenase, mitochondrial	x	
188	P05556	Integrin beta-1	x	
189	P09493	Tropomyosin alpha-1 chain	x	x
190	P14543	Nidogen-1	x	
191	P17858	ATP-dependent 6-phosphofructokinase, liver type	x	
192	Q01813	ATP-dependent 6-phosphofructokinase, platelet type		
193	P35232	Prohibitin	x	x
194	P49368	T-complex protein 1 subunit gamma	x	
195	P51888	Prolargin	x	
196	P60660	Myosin light polypeptide 6	x	x
197	P14649	Myosin light chain 6B		
198	P61978	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein K	x	
199	P0DP23	Calmodulin-1		
200	P0DP24	Calmodulin-2		
201	P0DP25	Calmodulin-3		
202	P27482	Calmodulin-like protein 3		
203	P98095	Fibulin-2	x	
204	Q06323	Proteasome activator complex subunit 1	x	
205	Q08380	Galectin-3-binding protein	x	
206	Q13561	Dynactin subunit 2	x	
207	Q9NZM1	Myoferlin	x	
208	Q9UBG0	C-type mannose receptor 2	x	
209	P35908	Keratin, type II cytoskeletal 2 epidermal	x	x
210	Q7Z794	Keratin, type II cytoskeletal 1b		
211	O00151	PDZ and LIM domain protein 1	x	x
212	O43491	Band 4.1-like protein 2	x	
213	O60664	Perilipin-3	x	
214	O75083	WD repeat-containing protein 1	x	
215	P00338	L-lactate dehydrogenase A chain	x	x
216	P00915	Carbonic anhydrase 1	x	x
217	P01857	Immunoglobulin heavy constant gamma 1	x	x
218	P02042	Hemoglobin subunit delta	x	x
219	P02100	Hemoglobin subunit epsilon	x	
220	P02652	Apolipoprotein A-II	x	
221	P02760	Protein AMBP	x	
222	P02763	Alpha-1-acid glycoprotein 1	x	x
223	P05156	Complement factor I	x	
224	P07203	Glutathione peroxidase 1	x	
225	P07737	Profilin-1	x	x
226	P09972	Fructose-bisphosphate aldolase C	x	x

227	P14314	Glucosidase 2 subunit beta	x	x
228	P17931	Galectin-3	x	x
229	P21266	Glutathione S-transferase Mu 3	x	x
230	P22352	Glutathione peroxidase 3	x	x
231	P25189	Myelin protein P0	x	
232	P27797	Calreticulin	x	x
233	P29692	Elongation factor 1-delta	x	
234	P29762	Cellular retinoic acid-binding protein 1	x	x
235	P30044	Peroxiredoxin-5, mitochondrial	x	
236	P30086	Phosphatidylethanolamine-binding protein 1	x	x
237	P30626	Sorcin	x	
238	P31939	Bifunctional purine biosynthesis protein PURH	x	
239	P35237	Serpin B6	x	x
240	P36269	Glutathione hydrolase 5 proenzyme	x	
241	P36871	Phosphoglucomutase-1	x	
242	P38646	Stress-70 protein, mitochondrial	x	x
243	P40925	Malate dehydrogenase, cytoplasmic	x	x
244	P49189	4-trimethylaminobutyraldehyde dehydrogenase	x	x
245	P50395	Rab GDP dissociation inhibitor beta	x	
246	P51149	Ras-related protein Rab-7a		
247	P54652	Heat shock-related 70 kDa protein 2	x	
248	Q01518	Adenylyl cyclase-associated protein 1	x	x
249	P40123	Adenylyl cyclase-associated protein 2	x	
250	Q14195	Dihydropyrimidinase-related protein 3	x	
251	Q14117	Dihydropyrimidinase		
252	Q15084	Protein disulfide-isomerase A6	x	
253	Q15417	Calponin-3	x	
254	Q16658	Fascin	x	x
255	Q32P51	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein A1-like 2		
256	P09651	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein A1	x	
257	Q5VTE0	Putative elongation factor 1-alpha-like 3		
258	P68104	Elongation factor 1-alpha 1	x	x
259	Q05639	Elongation factor 1-alpha 2		
260	Q6EMK4	Vasorin	x	
261	Q96KP4	Cytosolic non-specific dipeptidase	x	
262	Q9NRN5	Olfactomedin-like protein 3	x	x
263	O00264	Membrane-associated progesterone receptor component 1	x	
264	O95865	N(G), N(G)-dimethylarginine dimethylaminohydrolase 2	x	x
265	P00367	Glutamate dehydrogenase 1, mitochondrial	x	x
266	P49448	Glutamate dehydrogenase 2, mitochondrial	x	
267	P00387	NADH-cytochrome b5 reductase 3	x	
268	P00390	Glutathione reductase, mitochondrial	x	
269	P01859	Immunoglobulin heavy constant gamma 2	x	x
270	P02750	Leucine-rich alpha-2-glycoprotein	x	
271	P02765	Alpha-2-HS-glycoprotein	x	x

272	P04004	Vitronectin	x	x
273	P04632	Calpain small subunit 1	x	x
274	Q96L46	Calpain small subunit 2		
275	P04792	Heat shock protein beta-1	x	x
276	P04843	Dolichyl-diphosphooligosaccharide--protein glycosyltransferase subunit 1	x	
277	P05186	Alkaline phosphatase, tissue-nonspecific isozyme	x	
278	P05388	60S acidic ribosomal protein P0	x	
279	Q8NHW5	60S acidic ribosomal protein P0-like		
280	P07108	Acyl-CoA-binding protein		x
281	P07195	L-lactate dehydrogenase B chain	x	x
282	P07339	Cathepsin D	x	
283	P07384	Calpain-1 catalytic subunit	x	
284	P08185	Corticosteroid-binding globulin		
285	P09543	2',3'-cyclic-nucleotide 3'-phosphodiesterase	x	
286	P10599	Thioredoxin		
287	P11047	Laminin subunit gamma-1	x	
288	P12277	Creatine kinase B-type	x	x
289	P12956	X-ray repair cross-complementing protein 6	x	
290	P13489	Ribonuclease inhibitor	x	x
291	P13639	Elongation factor 2	x	x
292	P14550	Aldo-keto reductase family 1 member A1	x	x
293	P20073	Annexin A7	x	x
294	P23396	40S ribosomal protein S3	x	x
295	P23526	Adenosylhomocysteinase	x	x
296	P26641	Elongation factor 1-gamma	x	
297	P27348	14-3-3 protein theta	x	x
298	Q04917	14-3-3 protein eta	x	x
299	P61981	14-3-3 protein gamma	x	x
300	P31947	14-3-3 protein sigma		x
301	P28066	Proteasome subunit alpha type-5	x	
302	P31150	Rab GDP dissociation inhibitor alpha	x	x
303	P32119	Peroxiredoxin-2	x	x
304	P35611	Alpha-adducin	x	
305	P35612	Beta-adducin		
306	P36578	60S ribosomal protein L4	x	
307	P40227	T-complex protein 1 subunit zeta	x	
308	Q92526	T-complex protein 1 subunit zeta-2		
309	P45880	Voltage-dependent anion-selective channel protein 2	x	x
310	P47895	Aldehyde dehydrogenase family 1 member A3	x	
311	P50454	Serpin H1	x	
312	P50990	T-complex protein 1 subunit theta	x	
313	P52565	Rho GDP-dissociation inhibitor 1	x	x
314	P61158	Actin-related protein 3	x	x
315	P62258	14-3-3 protein epsilon	x	x
316	P62826	GTP-binding nuclear protein Ran	x	x
317	P62879	Guanine nucleotide-binding protein G	x	x

318	Q9HAV0	Guanine nucleotide-binding protein subunit beta-4	x	
319	P63244	Receptor of activated protein C kinase 1	x	x
320	P69905	Hemoglobin subunit alpha	x	x
321	Q07507	Dermatopontin	x	x
322	Q13162	Peroxiredoxin-4	x	
323	Q13838	Spliceosome RNA helicase DDX39B	x	
324	O00148	ATP-dependent RNA helicase DDX39A		
325	Q14112	Nidogen-2	x	
326	Q15019	Septin-2	x	
327	Q15293	Reticulocalbin-1		
328	Q15907	Ras-related protein Rab-11B	x	
329	P62491	Ras-related protein Rab-11A		
330	Q16822	Phosphoenolpyruvate carboxykinase	x	
331	Q2UY09	Collagen alpha-1	x	
332	Q92945	Far upstream element-binding protein 2	x	
333	Q96HC4	PDZ and LIM domain protein 5	x	
334	Q96PD5	N-acetylmuramoyl-L-alanine amidase	x	
335	Q96QK1	Vacuolar protein sorting-associated protein 35	x	
336	Q99497	Protein/nucleic acid deglycase DJ-1	x	x
337	Q99536	Synaptic vesicle membrane protein VAT-1 homolog	x	
338	Q99714	3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase type-2	x	
339	Q9BXX0	EMILIN-2	x	
340	Q9UHD8	Septin-9	x	
341	Q9Y2J2	Band 4.1-like protein 3	x	
342	O00231	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 11	x	
343	O00299	Chloride intracellular channel protein 1	x	x
344	O14773	Tripeptidyl-peptidase 1	x	
345	O14818	Proteasome subunit alpha type-7	x	x
346	Q8TAA3	Proteasome subunit alpha-type 8		
347	O15173	Membrane-associated progesterone receptor component 2	x	
348	O15230	Laminin subunit alpha-5	x	
349	O43852	Calumenin	x	
350	O75368	SH3 domain-binding glutamic acid-rich-like protein		
351	P00441	Superoxide dismutase	x	x
352	P00505	Aspartate aminotransferase, mitochondrial	x	x
353	P01625	Ig kappa chain V-IV region Len		
354	P06313	Ig kappa chain V-IV region Len	x	x
355	P06314	Ig kappa chain V-IV region Len		
356	P06312	Immunoglobulin kappa variable 4-1		x
357	P01871	Immunoglobulin heavy constant mu	x	
358	P02511	Alpha-crystallin B chain	x	x
359	P02656	Apolipoprotein C-III		
360	P02730	Band 3 anion transport protein	x	
361	P02753	Retinol-binding protein 4	x	

362	P02792	Ferritin light chain	x	x
363	P02794	Ferritin heavy chain	x	x
364	P04003	C4b-binding protein alpha chain	x	
365	P05154	Plasma serine protease inhibitor	x	
366	P05452	Tetranectin		
367	P05543	Thyroxine-binding globulin		
368	P05546	Heparin cofactor 2		
369	P06744	Glucose-6-phosphate isomerase	x	
370	P07437	Tubulin beta chain	x	x
371	Q9H4B7	Tubulin beta-1 chain		
372	P08238	Heat shock protein HSP 90-beta	x	x
373	Q58FF7	Putative heat shock protein HSP 90-beta-3		
374	P08697	Alpha-2-antiplasmin	x	
375	P09104	Gamma-enolase	x	
376	P09429	High mobility group protein B1		
377	B2RPK0	Putative high mobility group protein B1-like 1		
378	P26583	High mobility group protein B2		
379	P09455	Retinol-binding protein 1	x	
380	P09960	Leukotriene A-4 hydrolase	x	
381	P10644	cAMP-dependent protein kinase type I-alpha regulatory subunit	x	
382	P11177	Pyruvate dehydrogenase E1 component subunit beta, mitochondrial	x	x
383	P11413	Glucose-6-phosphate 1-dehydrogenase	x	
384	P11766	Alcohol dehydrogenase class-3	x	x
385	P12036	Neurofilament heavy polypeptide	x	
386	P12236	ADP/ATP translocase 3	x	
387	P12235	ADP/ATP translocase 1	x	
388	P05141	ADP/ATP translocase 2	x	
389	Q9H0C2	ADP/ATP translocase 4		
390	P12429	Annexin A3	x	
391	P17655	Calpain-2 catalytic subunit	x	
392	P19652	Alpha-1-acid glycoprotein 2	x	x
393	P20700	Lamin-B1	x	
394	P21589	5'-nucleotidase	x	
395	P22392	Nucleoside diphosphate kinase B	x	x
396	P15531	Nucleoside diphosphate kinase A		x
397	O60361	Putative nucleoside diphosphate kinase		
398	P23284	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase B	x	x
399	P23528	Cofilin-1	x	x
400	P26038	Moesin	x	
401	P27169	Serum paraoxonase/arylesterase 1		
402	P27824	Calnexin	x	
403	P28161	Glutathione S-transferase Mu 2	x	x
404	P29401	Transketolase	x	
405	P29622	Kallistatin	x	
406	P30048	Thioredoxin-dependent peroxide reductase, mitochondrial	x	x

407	P30153	Serine/threonine-protein phosphatase 2A 65 kDa regulatory subunit A alpha isoform	x	
408	P35749	Myosin-11	x	
409	P37837	Transaldolase	x	x
410	P39656	Dolichyl-diphosphooligosaccharide--protein glycosyltransferase 48 kDa subunit	x	
411	P40939	Trifunctional enzyme subunit alpha, mitochondrial	x	
412	P47756	F-actin-capping protein subunit beta	x	x
413	P50991	T-complex protein 1 subunit delta	x	x
414	P51608	Methyl-CpG-binding protein 2	x	
415	P51991	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein A3	x	
416	P59998	Actin-related protein 2/3 complex subunit 4	x	x
417	P60900	Proteasome subunit alpha type-6	x	x
418	P61604	10 kDa heat shock protein, mitochondrial	x	x
419	P62241	40S ribosomal protein S8	x	
420	P62249	40S ribosomal protein S16	x	
421	P62277	40S ribosomal protein S13		
422	P62834	Ras-related protein Rap-1A	x	
423	P61224	Ras-related protein Rap-1b		
424	A6NIZ1	Ras-related protein Rap-1b-like protein		
425	P63104	14-3-3 protein zeta/delta	x	x
426	P67936	Tropomyosin alpha-4 chain	x	x
427	P68371	Tubulin beta-4B chain	x	x
428	P04350	Tubulin beta-4A chain	x	
429	A6NNZ2	Tubulin beta-8 chain-like protein LOC260334		
430	Q00839	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein U	x	
431	Q02818	Nucleobindin-1		
432	Q04760	Lactoylglutathione lyase	x	
433	Q08257	Quinone oxidoreductase	x	x
434	Q13938	Calcyphosin	x	
435	Q14203	Dynactin subunit 1	x	
436	Q14980	Nuclear mitotic apparatus protein 1	x	
437	Q15121	Astrocytic phosphoprotein PEA-15		
438	Q86VP6	Cullin-associated NEDD8-dissociated protein 1	x	
439	Q92841	Probable ATP-dependent RNA helicase DDX17	x	
440	P17844	Probable ATP-dependent RNA helicase DDX5	x	
441	Q99623	Prohibitin-2	x	x
442	Q99983	Osteomodulin	x	
443	Q9BS26	Endoplasmic reticulum resident protein 44	x	
444	Q9HC35	Echinoderm microtubule-associated protein-like 4	x	
445	Q9NQC3	Reticulon-4	x	
446	Q9UHG3	Prenylcysteine oxidase 1	x	
447	Q9UNZ2	NSFL1 cofactor p47	x	
448	P02533	Keratin, type I cytoskeletal 14		x
449	P19012	Keratin, type I cytoskeletal 15		

450	P08727	Keratin, type I cytoskeletal 19		
451	Q04695	Keratin, type I cytoskeletal 17		x
452	O00468	Aggrin	x	
453	O15144	Actin-related protein 2/3 complex subunit 2	x	
454	O15145	Actin-related protein 2/3 complex subunit 3	x	
455	O43175	D-3-phosphoglycerate dehydrogenase	x	
456	O43301	Heat shock 70 kDa protein 12A	x	
457	O43488	Aflatoxin B1 aldehyde reductase member 2	x	
458	Q8NHP1	Aflatoxin B1 aldehyde reductase member 4		
459	O43598	2'-deoxynucleoside 5'-phosphate N-hydrolase 1	x	
460	O60701	UDP-glucose 6-dehydrogenase	x	
461	O60749	Sorting nexin-2	x	
462	Q13596	Sorting nexin-1	x	
463	O75131	Copine-3	x	
464	Q96FN4	Copine-2		
465	Q8IYJ1	Copine-9		
466	Q96A23	Copine-4		
467	O95741	Copine-6	x	
468	Q86YQ8	Copine-8		
469	Q9HCH3	Copine-5		
470	Q9UBL6	Copine-7		
471	O75367	Core histone macro-H2A.1	x	
472	O75746	Calcium-binding mitochondrial carrier protein Aralar1	x	
473	Q9UJS0	Calcium-binding mitochondrial carrier protein Aralar2	x	
474	O75874	Isocitrate dehydrogenase	x	
475	O75935	Dynactin subunit 3	x	
476	O94875	Sorbin and SH3 domain-containing protein 2	x	
477	O94905	Erlin-2	x	
478	O75477	Erlin-1		
479	P00568	Adenylate kinase isoenzyme 1	x	x
480	Q9Y6K8	Adenylate kinase isoenzyme 5		
481	P00736	Complement C1r subcomponent	x	
482	P00918	Carbonic anhydrase 2	x	x
483	P01780	Immunoglobulin heavy variable 3-7	x	
484	P01781	Ig heavy chain V-III region GAL	x	
485	P01782	Immunoglobulin heavy variable 3-9		
486	P01860	Immunoglobulin heavy constant gamma 3	x	x
487	P02549	Spectrin alpha chain, erythrocytic 1	x	
488	P02649	Apolipoprotein E	x	
489	P02743	Serum amyloid P-component	x	
490	P04080	Cystatin-B	x	x
491	P04275	von Willebrand factor, von Willebrand antigen 2	x	
492	P05090	Apolipoprotein D	x	
493	P05387	60S acidic ribosomal protein P2		
494	P01623	Ig kappa chain V-III region WOL		x

495	P01622	Ig kappa chain V-III region Ti	x	
496	P05455	Lupus La protein	x	
497	P06753	Tropomyosin alpha-3 chain	x	x
498	P07602	Prosaposin		
499	P07741	Adenine phosphoribosyltransferase	x	
500	P07858	Cathepsin B	x	
501	P07910	Heterogeneous nuclear ribonucleoproteins C1/C2	x	
502	O60812	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein C-like 1		
503	B2RXH8	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein C-like 2		
504	P08572	Collagen alpha-2	x	
505	P09871	Complement C1s subcomponent	x	
506	P09936	Ubiquitin carboxyl-Terminal hydrolase isozyme L1	x	x
507	P10643	Complement component C7		
508	P10768	S-formylglutathione hydrolase	x	x
509	P11277	Spectrin beta chain, erythrocytic	x	
510	P12821	Angiotensin-converting enzyme	x	
511	P13473	Lysosome-associated membrane glycoprotein 2	x	
512	P13667	Protein disulfide-isomerase A4	x	
513	P13716	Delta-aminolevulinic acid dehydratase	x	
514	P13861	cAMP-dependent protein kinase type II-alpha regulatory subunit	x	x
515	P13987	CD59 glycoprotein		
516	P16144	Integrin beta-4	x	
517	P16152	Carbonyl reductase	x	x
518	P17174	Aspartate aminotransferase, cytoplasmic	x	
519	P18621	60S ribosomal protein L17	x	
520	P19971	Thymidine phosphorylase	x	x
521	P20591	Interferon-induced GTP-binding protein Mx1	x	
522	P20592	Interferon-induced GTP-binding protein Mx2	x	
523	P20618	Proteasome subunit beta type-1	x	x
524	P21246	Pleiotrophin		
525	P21399	Cytoplasmic aconitate hydratase	x	
526	P21980	Protein-glutamine gamma-glutamyltransferase 2	x	
527	P22061	Protein-L-isoaspartate	x	
528	P22695	Cytochrome b-c1 complex subunit 2, mitochondrial	x	
529	P23142	Fibulin-1	x	
530	P23246	Splicing factor, proline- and glutamine-rich	x	
531	P25398	40S ribosomal protein S12	x	
532	P25788	Proteasome subunit alpha type-3	x	
533	P26373	60S ribosomal protein L13	x	
534	P29218	Inositol monophosphatase 1	x	
535	P29966	Myristoylated alanine-rich C-kinase substrate		

536	P30040	Endoplasmic reticulum resident protein 29		
537	P30043	Flavin reductase	x	x
538	P30046	D-dopachrome decarboxylase		
539	A6NHG4	D-dopachrome decarboxylase-like protein	x	
540	P30050	60S ribosomal protein L12	x	x
541	P35241	Radixin	x	
542	P35858	Insulin-like growth factor-binding protein complex acid labile subunit	x	
543	P36957	Dihydrolipoyllysine-residue succinyltransferase component of 2-oxoglutarate dehydrogenase complex, mitochondrial	x	
544	P38117	Electron transfer flavoprotein subunit beta	x	
545	P38159	RNA-binding motif protein, X chromosome	x	
546	Q96E39	RNA binding motif protein, X-linked-like-1	x	
547	O75526	RNA-binding motif protein, X-linked-like-2		
548	Q8N7X1	RNA-binding motif protein, X-linked-like-3		
549	P39060	Collagen alpha-1	x	
550	P42224	Signal transducer and activator of transcription 1-alpha/beta	x	
551	P45974	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 5	x	
552	P47755	F-actin-capping protein subunit alpha-2	x	x
553	P48643	T-complex protein 1 subunit epsilon	x	x
554	P49411	Elongation factor Tu, mitochondrial	x	x
555	P50995	Annexin A11	x	
556	P52272	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein M	x	
557	P53621	Coatomer subunit alpha	x	
558	P54709	Sodium/potassium-transporting ATPase subunit beta-3	x	
559	P55209	Nucleosome assembly protein 1-like 1	x	
560	P60953	Cell division control protein 42 homolog	x	
561	P60981	Destrin	x	x
562	P61019	Ras-related protein Rab-2A	x	
563	Q8WUD1	Ras-related protein Rab-2B		
564	P61163	Alpha-centractin	x	x
565	P42025	Beta-centractin	x	
566	P61970	Nuclear transport factor 2	x	
567	P62140	Serine/threonine-protein phosphatase PP1-beta catalytic subunit	x	
568	P36873	Serine/threonine-protein phosphatase PP1-gamma catalytic subunit	x	
569	P62136	Serine/threonine-protein phosphatase PP1-alpha catalytic subunit	x	x
570	P63000	Ras-related C3 botulinum toxin substrate 1	x	
571	P60763	Ras-related C3 botulinum toxin substrate 3		
572	P15153	Ras-related C3 botulinum toxin substrate 2	x	
573	P63208	S-phase kinase-associated protein 1		
574	P68366	Tubulin alpha-4A chain	x	
575	P69892	Hemoglobin subunit gamma-2		

576	P69891	Hemoglobin subunit gamma-1	x	
577	P78417	Glutathione S-transferase omega-1	x	x
578	P84243	Histone H3.3	x	x
579	Q71DI3	Histone H3.2	x	
580	Q16695	Histone H3.1t	x	
581	P68431	Histone H3.1	x	
582	Q6NXT2	Histone H3.3C		
583	Q01105	Protein SET	x	
584	P0DME0	Protein SETSIP		
585	Q07020	60S ribosomal protein L18	x	
586	Q07157	Tight junction protein ZO-1	x	
587	Q08209	Serine/threonine-protein phosphatase 2B catalytic subunit alpha isoform	x	
588	P16298	Serine/threonine-protein phosphatase 2B catalytic subunit beta isoform	x	
589	P48454	Serine/threonine-protein phosphatase 2B catalytic subunit gamma isoform		
590	Q09028	Histone-binding protein RBBP4	x	
591	Q16576	Histone-binding protein RBBP7	x	
592	Q13263	Transcription intermediary factor 1-beta	x	
593	Q13642	Four and a half LIM domains protein 1	x	x
594	Q14011	Cold-inducible RNA-binding protein	x	
595	Q14103	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein D0	x	x
596	Q14108	Lysosome membrane protein 2	x	
597	Q14247	Src substrate cortactin	x	
598	Q15370	Elongin-B		
599	Q16643	Drebrin	x	
600	Q16891	MICOS complex subunit MIC60	x	
601	Q4V9L6	Transmembrane protein 119	x	
602	Q5SSJ5	Heterochromatin protein 1-binding protein 3	x	
603	Q8IZP2	Putative protein FAM10A4		
604	P50502	Hsc70-interacting protein	x	
605	Q8NFI4	Putative protein FAM10A5		
606	Q8NCW5	NAD(P)H-hydrate epimerase	x	
607	Q92629	Delta-sarcoglycan	x	
608	Q93077	Histone H2A type 1-C		
609	Q7L7L0	Histone H2A type 3		
610	P04908	Histone H2A type 1-B/E	x	
611	Q99878	Histone H2A type 1-J		
612	Q96KK5	Histone H2A type 1-H		x
613	Q9BTM1	Histone H2A.J		
614	Q16777	Histone H2A type 2-C		
615	Q6FI13	Histone H2A type 2-A	x	
616	P20671	Histone H2A type 1-D		
617	P0C0S8	Histone H2A type 1		
618	Q96QV6	Histone H2A type 1-A		
619	P16104	Histone H2AX	x	
620	Q96AY3	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase FKBP10	x	
621	Q96IU4	Protein ABHD14B	x	

622	Q96P44	Collagen alpha-1	x	
623	Q99829	Copine-1	x	
624	Q9BSJ8	Extended synaptotagmin-1	x	
625	Q9H223	EH domain-containing protein 4	x	
626	Q9HBL0	Tensin-1	x	
627	Q63HR2	Tensin-2		
628	Q68CZ2	Tensin-3	x	
629	Q9NP97	Dynein light chain roadblock-type 1	x	
630	Q8TF09	Dynein light chain roadblock-type 2		
631	Q9NVA2	Septin-11	x	x
632	Q14141	Septin-6	x	
633	Q92599	Septin-8	x	
634	Q9UBP4	Dickkopf-related protein 3	x	
635	Q9UEY8	Gamma-adducin	x	
636	Q9UN36	Protein NDRG2	x	
637	Q9UPQ0	LIM and calponin homology domains-containing protein 1	x	
638	Q9Y224	RNA transcription, translation and transport factor protein	x	
639	Q9Y230	RuvB-like 2	x	
640	Q9Y281	Cofilin-2	x	x
641	Q9Y5Z4	Heme-binding protein 2	x	
642	P02461	Collagen alpha-1	x	x
643	P08779	Keratin, type I cytoskeletal 16		x
644	P13647	Keratin, type II cytoskeletal 5		x
645	P07951	Tropomyosin beta chain	x	x
646	E9PAV3	Nascent polypeptide-associated complex subunit alpha, muscle-specific form		
647	Q13765	Nascent polypeptide-associated complex subunit alpha		
648	O14737	Programmed cell death protein 5		
649	O43169	Cytochrome b5 type B		
650	O43172	U4/U6 small nuclear ribonucleoprotein Prp4		
651	O43390	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein R	x	
652	O43399	Tumor protein D54	x	
653	O43681	ATPase ASNA1	x	
654	O43813	Glutathione S-transferase LANCL1	x	
655	O43865	S-adenosylhomocysteine hydrolase-like protein 1	x	
656	Q96HN2	Adenosylhomocysteinase 3	x	
657	O60282	Kinesin heavy chain isoform 5C		
658	P33176	Kinesin-1 heavy chain	x	
659	Q12840	Kinesin heavy chain isoform 5A		
660	O60716	Catenin delta-1	x	
661	O75340	Programmed cell death protein 6	x	
662	O75347	Tubulin-specific chaperone A		
663	O75487	Glypican-4	x	
664	O75489	NADH dehydrogenase	x	
665	O75531	Barrier-to-autointegration factor		

666	O94760	N(G), N(G)-dimethylarginine dimethylaminohydrolase 1	x	
667	O95292	Vesicle-associated membrane protein- associated protein B/C	x	
668	Q9P0L0	Vesicle-associated membrane protein- associated protein A	x	
669	O95777	U6 snRNA-associated Sm-like protein LSm8	x	
670	O95834	Echinoderm microtubule-associated protein- like 2	x	
671	O95967	EGF-containing fibulin-like extracellular matrix protein 2	x	
672	P00167	Cytochrome b5		x
673	P00740	Coagulation factor IX		
674	P01031	Complement C5	x	
675	P01619	Immunoglobulin kappa variable 3-20	x	
676	P01772	Immunoglobulin heavy variable 3-33	x	
677	P01861	Immunoglobulin heavy constant gamma 4	x	x
678	P01876	Immunoglobulin heavy constant alpha 1	x	x
679	P01903	HLA class II histocompatibility antigen, DR alpha chain		
680	P01906	HLA class II histocompatibility antigen, DQ alpha 2 chain		
681	P02655	Apolipoprotein C-II		
682	P02686	Myelin basic protein	x	
683	P02689	Myelin P2 protein	x	
684	P15090	Fatty acid-binding protein, adipocyte		
685	P01624	Immunoglobulin kappa variable 3-15	x	
686	P04434	Deleted.	x	
687	P01700	Immunoglobulin lambda variable 1-47	x	
688	P04216	Thy-1 membrane glycoprotein	x	
689	P04271	Protein S100-B	x	
690	P04278	Sex hormone-binding globulin	x	
691	P04844	Dolichyl-diphosphooligosaccharide--protein glycosyltransferase subunit 2	x	
692	P05026	Sodium/potassium-transporting ATPase subunit beta-1	x	
693	P05109	Protein S100-A8	x	x
694	P06702	Protein S100-A9	x	x
695	P07954	Fumarate hydratase, mitochondrial	x	x
696	P08237	ATP-dependent 6-phosphofructokinase, muscle type	x	
697	P08559	Pyruvate dehydrogenase E1 component subunit alpha, somatic form, mitochondrial	x	
698	P08571	Monocyte differentiation antigen CD14	x	
699	P08582	Melanotransferrin	x	
700	P09619	Platelet-derived growth factor receptor beta		
701	P0C0L4	Complement C4-A	x	x
702	P10412	Histone H1.4	x	
703	P16402	Histone H1.3		

704	P22492	Histone H1t		
705	Q02539	Histone H1.1		
706	P11216	Glycogen phosphorylase, brain form	x	
707	P11310	Medium-chain specific acyl-CoA dehydrogenase, mitochondrial	x	
708	P11586	C-1-tetrahydrofolate synthase, cytoplasmic	x	
709	P12955	Xaa-Pro dipeptidase	x	
710	P13591	Neural cell adhesion molecule 1	x	
711	P13761	HLA class II histocompatibility antigen, DRB1-7 beta chain		
712	Q9TQE0	HLA class II histocompatibility antigen, DRB1-9 beta chain		
713	Q30167	HLA class II histocompatibility antigen, DRB1-10 beta chain		
714	Q30154	HLA class II histocompatibility antigen, DR beta 5 chain		
715	Q30134	HLA class II histocompatibility antigen, DRB1-8 beta chain		
716	Q29974	HLA class II histocompatibility antigen, DRB1-16 beta chain		
717	P79483	HLA class II histocompatibility antigen, DR beta 3 chain		
718	P20039	HLA class II histocompatibility antigen, DRB1-11 beta chain		
719	P13760	HLA class II histocompatibility antigen, DRB1-4 beta chain		
720	P04229	HLA class II histocompatibility antigen, DRB1-1 beta chain	x	
721	P13798	Acylamino-acid-releasing enzyme		
722	P14174	Macrophage migration inhibitory factor	x	x
723	P14854	Cytochrome c oxidase subunit 6B1		
724	P14868	Aspartate--tRNA ligase, cytoplasmic	x	
725	P15121	Aldose reductase	x	x
726	P15144	Aminopeptidase N		
727	P15880	40S ribosomal protein S2	x	
728	P16070	CD44 antigen	x	
729	P16112	Aggrecan core protein	x	
730	P16615	Sarcoplasmic/endoplasmic reticulum calcium ATPase 2	x	
731	O14983	Sarcoplasmic/endoplasmic reticulum calcium ATPase 1		
732	P16949	Stathmin		
733	Q93045	Stathmin-2		
734	P17987	T-complex protein 1 subunit alpha	x	
735	P18085	ADP-ribosylation factor 4		
736	P18124	60S ribosomal protein L7	x	
737	P18428	Lipopolysaccharide-binding protein	x	
738	P18669	Phosphoglycerate mutase 1	x	x
739	P15259	Phosphoglycerate mutase 2		

740	Q8N0Y7	Probable phosphoglycerate mutase 4	x	
741	P18859	ATP synthase-coupling factor 6, mitochondrial		
742	P19105	Myosin regulatory light chain 12A		
743	O14950	Myosin regulatory light chain 12B	x	x
744	P20340	Ras-related protein Rab-6A	x	
745	Q9NRW1	Ras-related protein Rab-6B		
746	Q14964	Ras-related protein Rab-39A		
747	P20810	Calpastatin	x	
748	P21281	V-type proton ATPase subunit B, brain isoform	x	
749	P22105	Tenascin-X	x	
750	Q16473	Putative tenascin-XA		
751	P23229	Integrin alpha-6	x	
752	P23468	Receptor-type tyrosine-protein phosphatase delta	x	
753	Q13332	Receptor-type tyrosine-protein phosphatase S	x	
754	P24534	Elongation factor 1-beta	x	
755	P24666	Low molecular weight phosphotyrosine protein phosphatase		
756	P24844	Myosin regulatory light polypeptide 9		
757	P25067	Collagen alpha-2	x	
758	P25789	Proteasome subunit alpha type-4	x	x
759	P26447	Protein S100-A4	x	
760	P26599	Polypyrimidine tract-binding protein 1	x	
761	P27105	Erythrocyte band 7 integral membrane protein	x	
762	P28062	Proteasome subunit beta type-8		x
763	P28482	Mitogen-activated protein kinase 1	x	x
764	P29590	Protein PML	x	
765	P30084	Enoyl-CoA hydratase, mitochondrial	x	
766	P30740	Leukocyte elastase inhibitor	x	x
767	P50452	Serpin B8		
768	O75830	Serpin I2		
769	P31040	Succinate dehydrogenase	x	
770	P31937	3-hydroxyisobutyrate dehydrogenase, mitochondrial	x	
771	P31942	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein H3	x	
772	P31943	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein H	x	
773	P52597	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein F	x	
774	P55795	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein H2	x	
775	P31946	14-3-3 protein beta/alpha	x	x
776	P31948	Stress-induced-phosphoprotein 1	x	
777	P33316	Deoxyuridine 5'-triphosphate nucleotidohydrolase, mitochondrial	x	
778	P35221	Catenin alpha-1	x	
779	P35222	Catenin beta-1	x	
780	P35268	60S ribosomal protein L22	x	
781	P35606	Coatomer subunit beta'	x	
782	P35637	RNA-binding protein FUS	x	
783	Q92804	TATA-binding protein-associated factor 2N		

784	P36405	ADP-ribosylation factor-like protein 3	x	
785	P39059	Collagen alpha-1	x	
786	P40429	60S ribosomal protein L13a	x	
787	Q6NVV1	Putative 60S ribosomal protein L13a protein RPL13AP3		
788	P42126	Enoyl-CoA delta isomerase 1, mitochondrial		
789	P42765	3-ketoacyl-CoA thiolase, mitochondrial	x	x
790	P43034	Platelet-activating factor acetylhydrolase IB subunit alpha		x
791	P43686	26S proteasome regulatory subunit 6B	x	
792	P46108	Adapter molecule crk	x	
793	P46777	60S ribosomal protein L5	x	
794	P46781	40S ribosomal protein S9	x	
795	P46782	40S ribosomal protein S5	x	
796	P46939	Utrophin	x	
797	P48147	Prolyl endopeptidase	x	
798	P48444	Coatomer subunit delta	x	
799	P48637	Glutathione synthetase	x	
800	P50135	Histamine N-methyltransferase	x	
801	P50895	Basal cell adhesion molecule		
802	P50914	60S ribosomal protein L14	x	
803	P51178	1-phosphatidylinositol 4,5-bisphosphate phosphodiesterase delta-1	x	
804	P51858	Hepatoma-derived growth factor		
805	P52209	6-phosphogluconate dehydrogenase, decarboxylating	x	
806	P52907	F-actin-capping protein subunit alpha-1	x	
807	P54578	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 14	x	
808	P54725	UV excision repair protein RAD23 homolog A	x	
809	P54727	UV excision repair protein RAD23 homolog B	x	
810	P55036	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 4	x	
811	P55084	Trifunctional enzyme subunit beta, mitochondrial	x	x
812	P55287	Cadherin-11	x	
813	P60033	CD81 antigen		
814	P60866	40S ribosomal protein S20	x	
815	P60891	Ribose-phosphate pyrophosphokinase 1		
816	P21108	Ribose-phosphate pyrophosphokinase 3		
817	P11908	Ribose-phosphate pyrophosphokinase 2	x	x
818	P60903	Protein S100-A10		x
819	P61088	Ubiquitin-conjugating enzyme E2 N	x	x
820	Q5JXB2	Putative ubiquitin-conjugating enzyme E2 N-like		
821	P61160	Actin-related protein 2	x	
822	P61247	40S ribosomal protein S3a	x	
823	P61353	60S ribosomal protein L27	x	
824	P61586	Transforming protein RhoA	x	
825	P08134	Rho-related GTP-binding protein RhoC		

826	P61758	Prefoldin subunit 3		
827	P62081	40S ribosomal protein S7	x	
828	P62269	40S ribosomal protein S18	x	
829	P62318	Small nuclear ribonucleoprotein Sm D3	x	
830	P62328	Thymosin beta-4		
831	P62424	60S ribosomal protein L7a	x	
832	P62701	40S ribosomal protein S4, X isoform	x	
833	P62851	40S ribosomal protein S25		
834	P62873	Guanine nucleotide-binding protein G	x	
835	P62888	60S ribosomal protein L30		x
836	P62942	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase FKBP1A	x	
837	P62987	Ubiquitin-60S ribosomal protein L40	x	
838	P62979	Ubiquitin-40S ribosomal protein S27a		x
839	P0CG47	Polyubiquitin-B		
840	P0CG48	Polyubiquitin-C		
841	P63092	Guanine nucleotide-binding protein G	x	
842	Q5JWF2	Guanine nucleotide-binding protein G	x	
843	P63098	Calcineurin subunit B type 1		
844	P63162	Small nuclear ribonucleoprotein-associated protein N	x	
845	P14678	Small nuclear ribonucleoprotein-associated proteins B and B'		
846	P04207	Ig kappa chain V-III region CLL (Rheumatoid factor)	x	
847	P01605	Ig kappa chain V-I region Lay	x	
848	P63167	Dynein light chain 1, cytoplasmic		x
849	Q96FJ2	Dynein light chain 2, cytoplasmic		
850	P68402	Platelet-activating factor acetylhydrolase IB subunit beta	x	
851	P80723	Brain acid soluble protein 1		
852	P84077	ADP-ribosylation factor 1		
853	P61204	ADP-ribosylation factor 3	x	
854	P84085	ADP-ribosylation factor 5		
855	Q00325	Phosphate carrier protein, mitochondrial	x	
856	Q00577	Transcriptional activator protein Pur-alpha	x	
857	Q01469	Fatty acid-binding protein 5	x	x
858	Q02878	60S ribosomal protein L6	x	
859	Q04837	Single-stranded DNA-binding protein, mitochondrial	x	
860	Q06033	Inter-alpha-trypsin inhibitor heavy chain H3		
861	Q06828	Fibromodulin	x	
862	Q07021	Complement component 1 Q subcomponent-binding protein, mitochondrial	x	
863	Q07075	Glutamyl aminopeptidase	x	
864	Q10588	ADP-ribosyl cyclase/cyclic ADP-ribose hydrolase 2		
865	Q12805	EGF-containing fibulin-like extracellular matrix protein 1	x	

866	Q12905	Interleukin enhancer-binding factor 2	x	
867	Q13011	Delta	x	
868	Q13126	S-methyl-5'-thioadenosine phosphorylase	x	x
869	Q13404	Ubiquitin-conjugating enzyme E2 variant 1	x	x
870	Q15819	Ubiquitin-conjugating enzyme E2 variant 2	x	
871	Q13510	Acid ceramidase	x	
872	Q14019	Coactosin-like protein	x	
873	Q14240	Eukaryotic initiation factor 4A-II	x	
874	Q14699	Raftlin		
875	Q14764	Major vault protein	x	
876	Q14766	Latent-transforming growth factor beta-binding protein 1	x	
877	Q14974	Importin subunit beta-1	x	
878	Q15257	Serine/threonine-protein phosphatase 2A activator	x	
879	Q15365	Poly	x	
880	Q15369	Elongin-C		
881	Q15404	Ras suppressor protein 1	x	
882	Q15631	Translin	x	
883	Q15717	ELAV-like protein 1	x	
884	Q15746	Myosin light chain kinase, smooth muscle	x	
885	Q15847	Adipogenesis regulatory factor		
886	Q16181	Septin-7	x	x
887	Q6ZU15	Septin-14		
888	Q16363	Laminin subunit alpha-4	x	
889	Q16401	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 5	x	
890	Q16527	Cysteine and glycine-rich protein 2	x	
891	Q16610	Extracellular matrix protein 1		
892	Q16678	Cytochrome P450 1B1	x	
893	Q16698	2,4-dienoyl-CoA reductase, mitochondrial	x	x
894	Q27J81	Inverted formin-2	x	
895	Q32P28	Prolyl 3-hydroxylase 1	x	
896	Q63ZY3	KN motif and ankyrin repeat domain-containing protein 2	x	x
897	Q6BCY4	NADH-cytochrome b5 reductase 2		x
898	Q6NZI2	Caveolae-associated protein 1	x	
899	Q6P2Q9	Pre-mRNA-processing-splicing factor 8	x	
900	Q71UI9	Histone H2A.V	x	
901	P0C0S5	Histone H2A.Z	x	
902	Q8IUE6	Histone H2A type 2-B		
903	Q86U42	Polyadenylate-binding protein 2	x	
904	Q86UP2	Kinectin	x	
905	Q86UP3	Zinc finger homeobox protein 4	x	
906	Q8IZ40	REST corepressor 2		
907	Q8N257	Histone H2B type 3-B		
908	Q16778	Histone H2B type 2-E		
909	P33778	Histone H2B type 1-B		
910	P23527	Histone H2B type 1-O		x

911	P06899	Histone H2B type 1-J	x	
912	Q6DRA6	Putative histone H2B type 2-D		
913	Q6DN03	Putative histone H2B type 2-C		
914	Q96A08	Histone H2B type 1-A		
915	Q8NBS9	Thioredoxin domain-containing protein 5	x	
916	Q8NC56	LEM domain-containing protein 2	x	
917	Q8WUM4	Programmed cell death 6-interacting protein	x	
918	Q8WZA0	Protein LZIC	x	
919	Q92522	Histone H1x	x	
920	Q92597	Protein NDRG1	x	
921	Q92734	Protein TFG	x	
922	Q92882	Osteoclast-stimulating factor 1	x	
923	Q96AC1	Fermitin family homolog 2	x	
924	Q96FV2	Secernin-2	x	
925	Q96FW1	Ubiquitin thioesterase OTUB1	x	
926	Q96IY4	Carboxypeptidase B2	x	
927	Q96JB5	CDK5 regulatory subunit-associated protein 3	x	
928	Q99439	Calponin-2	x	
929	Q99584	Protein S100-A13	x	x
930	Q99747	Gamma-soluble NSF attachment protein	x	
931	Q99798	Aconitate hydratase, mitochondrial	x	
932	Q99832	T-complex protein 1 subunit eta	x	
933	Q9BRA2	Thioredoxin domain-containing protein 17		
934	Q9BS40	Latexin	x	
935	Q9BTV4	Transmembrane protein 43	x	
936	Q9BX66	Sorbin and SH3 domain-containing protein 1		
937	Q9BX68	Histidine triad nucleotide-binding protein 2, mitochondrial		
938	Q9BY77	Polymerase delta-interacting protein 3		
939	Q9C040	Tripartite motif-containing protein 2		
940	Q9GZM7	Tubulointerstitial nephritis antigen-like	x	
941	Q9H0R4	Haloacid dehalogenase-like hydrolase domain-containing protein 2	x	x
942	Q9H0U4	Ras-related protein Rab-1B		
943	P62820	Ras-related protein Rab-1A		x
944	Q92928	Putative Ras-related protein Rab-1C		
945	Q9H2H8	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase-like 3		
946	Q9H2U2	Inorganic pyrophosphatase 2, mitochondrial	x	
947	Q9H4A4	Aminopeptidase B	x	
948	Q9H7C9	Mth938 domain-containing protein		
949	Q9H8H3	Methyltransferase-like protein 7A	x	
950	Q9HC38	Glyoxalase domain-containing protein 4	x	
951	Q9HDC9	Adipocyte plasma membrane-associated protein	x	
952	Q9NPH2	Inositol-3-phosphate synthase 1	x	x
953	Q9NQR4	Omega-amidase NIT2	x	
954	Q9NR12	PDZ and LIM domain protein 7	x	
955	Q9NR28	Diablo homolog, mitochondrial		
956	Q9NR31	GTP-binding protein SAR1a		

957	Q9Y6B6	GTP-binding protein SAR1b		
958	Q9NXU5	ADP-ribosylation factor-like protein 15		
959	Q9NZJ9	Diphosphoinositol polyphosphate phosphohydrolase 2	x	
960	Q9NZW4	Dentin sialophosphoprotein	x	
961	Q9P2E9	Ribosome-binding protein 1	x	
962	Q9P2R3	Rabankyrin-5	x	
963	Q9P2S6	Ankyrin repeat and MYND domain-containing protein 1		
964	Q9UBR2	Cathepsin Z	x	
965	Q9UFN0	Protein NipSnap homolog 3A	x	
966	Q9BS92	Protein NipSnap homolog 3B		
967	Q9UGM5	Fetuin-B	x	
968	Q9UHY7	Enolase-phosphatase E1	x	
969	Q9UIJ7	GTP: AMP phosphotransferase AK3, mitochondrial	x	x
970	Q9UJU6	Drebrin-like protein	x	
971	Q9UJZ1	Stomatin-like protein 2, mitochondrial		
972	Q9UKK9	ADP-sugar pyrophosphatase	x	
973	Q9UL46	Proteasome activator complex subunit 2	x	x
974	Q9UMX5	Neudesin		
975	Q9UQ80	Proliferation-associated protein 2G4	x	
976	Q9Y240	C-type lectin domain family 11 member A		
977	Q9Y285	Phenylalanine--tRNA ligase alpha subunit	x	
978	Q9Y3D6	Mitochondrial fission 1 protein		
979	Q9Y3Z3	Deoxynucleoside triphosphate triphosphohydrolase SAMHD1	x	
980	Q9Y4G6	Talin-2	x	
981	Q9Y639	Neuroplastin		
982	Q9Y680	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase FKBP7		
983	O14686	Histone-lysine N-methyltransferase 2D	x	
984	A0AVT1	Ubiquitin-like modifier-activating enzyme 6		
985	A6NI03	Putative tripartite motif-containing protein 64B		
986	O00461	Golgi integral membrane protein 4		
987	O14495	Phospholipid phosphatase 3	x	
988	O14618	Copper chaperone for superoxide dismutase	x	
989	O14791	Apolipoprotein L1		
990	O14880	Microsomal glutathione S-transferase 3		
991	O15031	Plexin-B2	x	
992	O15160	DNA-directed RNA polymerases I and III subunit RPAC1	x	
993	O15195	Villin-like protein		
994	O15212	Prefoldin subunit 6		
995	O15400	Syntaxin-7	x	
996	O43324	Eukaryotic translation elongation factor 1 epsilon-1	x	
997	O43617	Trafficking protein particle complex subunit 3		
998	O43731	ER lumen protein-retaining receptor 3		

999	O60220	Mitochondrial import inner membrane translocase subunit Tim8 A		
1000	O60313	Dynamin-like 120 kDa protein, mitochondrial		
1001	O75251	NADH dehydrogenase		
1002	O75396	Vesicle-trafficking protein SEC22b	x	
1003	O75475	PC4 and SFRS1-interacting protein		
1004	O75781	Paralemmmin-1	x	
1005	O75915	PRA1 family protein 3	x	
1006	O75947	ATP synthase subunit d, mitochondrial		
1007	O75955	Flotillin-1		
1008	O94973	AP-2 complex subunit alpha-2		
1009	O95782	AP-2 complex subunit alpha-1	x	
1010	O95394	Phosphoacetylglucosamine mutase	x	
1011	O95571	Persulfide dioxygenase ETHE1, mitochondrial		
1012	O95670	V-type proton ATPase subunit G 2		
1013	O75348	V-type proton ATPase subunit G 1		
1014	O95674	Phosphatidate cytidyltransferase 2		
1015	O95980	Reversion-inducing cysteine-rich protein with Kazal motifs		
1016	P00403	Cytochrome c oxidase subunit 2	x	
1017	P01602	Immunoglobulin kappa variable 1-5		
1018	P01597	Immunoglobulin kappa variable 1-39		x
1019	P01599	Immunoglobulin kappa variable 1-17		
1020	P01594	Immunoglobulin kappa variable 1-33		
1021	P01593	Immunoglobulin kappa variable 1D-33	x	
1022	P01596	Immunoglobulin kappa chain V-I region CAR	x	
1023	P01614	Immunoglobulin kappa variable 2D-40	x	
1024	P01615	Immunoglobulin kappa variable 2D-28		
1025	P01617	Immunoglobulin kappa chain V-II region TEW	x	x
1026	P06309	Immunoglobulin kappa chain V-II region GM607 (Fragment)	x	
1027	P06310	Immunoglobulin kappa variable 2-30	x	
1028	P01714	Immunoglobulin lambda variable 3-19	x	
1029	P01717	Immunoglobulin lambda variable 3-25	x	
1030	P01742	Immunoglobulin heavy variable 1-69	x	
1031	P01761	Immunoglobulin heavy chain V-I region SIE	x	
1032	P01743	Immunoglobulin heavy variable 1-46		
1033	P01767	Immunoglobulin heavy variable 3-53	x	
1034	P01764	Immunoglobulin heavy variable 3-23	x	
1035	P01766	Immunoglobulin heavy variable 3-13	x	x
1036	P01776	Immunoglobulin heavy chain V-III region WAS	x	
1037	P01825	Immunoglobulin heavy variable 4-59	x	
1038	P06331	Immunoglobulin heavy variable 4-34		
1039	P01877	Immunoglobulin heavy constant alpha 2	x	
1040	P02462	Collagen alpha-1	x	
1041	P02654	Apolipoprotein C-I		
1042	P04179	Superoxide dismutase	x	x
1043	P01704	Immunoglobulin lambda variable 2-14		

1044	P04233	HLA class II histocompatibility antigen gamma chain		
1045	P04430	Immunoglobulin kappa variable 1-16	x	
1046	P04433	Immunoglobulin kappa variable 3-11	x	x
1047	P04899	Guanine nucleotide-binding protein G	x	
1048	P63096	Guanine nucleotide-binding protein G		
1049	P09471	Guanine nucleotide-binding protein G		
1050	P11488	Guanine nucleotide-binding protein G		
1051	P19087	Guanine nucleotide-binding protein G		
1052	A8MTJ3	Guanine nucleotide-binding protein G		
1053	P38405	Guanine nucleotide-binding protein G		
1054	P05161	Ubiquitin-like protein ISG15	x	
1055	P05386	60S acidic ribosomal protein P1		
1056	P06454	Prothymosin alpha		
1057	P06681	Complement C2	x	
1058	P06703	Protein S100-A6	x	x
1059	P06748	Nucleophosmin	x	
1060	P07099	Epoxide hydrolase 1		
1061	P07225	Vitamin K-dependent protein S	x	
1062	P07305	Histone H1.0	x	
1063	P07358	Complement component C8 beta chain	x	
1064	P07738	Bisphosphoglycerate mutase	x	
1065	P08590	Myosin light chain 3		
1066	P09497	Clathrin light chain B		
1067	P09874	Poly	x	
1068	P0C0L5	Complement C4-B		
1069	P0C870	Bifunctional peptidase and		
1070	P0CG06	Immunoglobulin lambda-3 chain C regions	x	x
1071	P0CG04	Immunoglobulin lambda constant 1		
1072	B9A064	Immunoglobulin lambda-like polypeptide 5	x	x
1073	P0DOY2	Immunoglobulin lambda constant 2		
1074	P0DOY3	Immunoglobulin lambda constant 3		
1075	P0CF74	Immunoglobulin lambda constant 6		
1076	A0M8Q6	Immunoglobulin lambda constant 7		
1077	P10301	Ras-related protein R-Ras		
1078	P11279	Lysosome-associated membrane glycoprotein 1		
1079	P12270	Nucleoprotein TPR	x	
1080	P13010	X-ray repair cross-complementing protein 5	x	
1081	P13693	Translationally-controlled tumor protein	x	
1082	P15311	Ezrin	x	
1083	P16035	Metalloproteinase inhibitor 2		
1084	P16403	Histone H1.2	x	
1085	P17301	Integrin alpha-2		
1086	P17302	Gap junction alpha-1 protein	x	
1087	P17980	26S proteasome regulatory subunit 6A	x	
1088	P18583	Protein SON	x	
1089	P19404	NADH dehydrogenase	x	
1090	P20962	Parathymosin		

1091	P21291	Cysteine and glycine-rich protein 1	x	
1092	P22102	Trifunctional purine biosynthetic protein adenosine-3	x	
1093	P22234	Multifunctional protein ADE2	x	
1094	P24752	Acetyl-CoA acetyltransferase, mitochondrial	x	
1095	P25325	3-mercaptopyruvate sulfurtransferase	x	
1096	P25685	DnaJ homolog subfamily B member 1	x	
1097	P25787	Proteasome subunit alpha type-2	x	
1098	P28072	Proteasome subunit beta type-6	x	
1099	P29373	Cellular retinoic acid-binding protein 2		
1100	P30049	ATP synthase subunit delta, mitochondrial	x	
1101	P30459	HLA class I histocompatibility antigen, A-74 alpha chain		
1102	P10314	HLA class I histocompatibility antigen, A-32 alpha chain		
1103	P30512	HLA class I histocompatibility antigen, A-29 alpha chain		
1104	P16189	HLA class I histocompatibility antigen, A-31 alpha chain		
1105	P30455	HLA class I histocompatibility antigen, A-36 alpha chain		
1106	P30443	HLA class I histocompatibility antigen, A-1 alpha chain		
1107	P13746	HLA class I histocompatibility antigen, A-11 alpha chain		
1108	P04439	HLA class I histocompatibility antigen, A-3 alpha chain	x	
1109	P30456	HLA class I histocompatibility antigen, A-43 alpha chain		
1110	P31930	Cytochrome b-c1 complex subunit 1, mitochondrial	x	x
1111	P31949	Protein S100-A11	x	x
1112	P32004	Neural cell adhesion molecule L1	x	
1113	P32456	Guanylate-binding protein 2	x	
1114	P32455	Guanylate-binding protein 1	x	
1115	P35080	Profilin-2	x	x
1116	P35613	Basigin		
1117	P35998	26S proteasome regulatory subunit 7	x	
1118	P37108	Signal recognition particle 14 kDa protein	x	
1119	P37840	Alpha-synuclein	x	
1120	P40121	Macrophage-capping protein	x	
1121	P40306	Proteasome subunit beta type-10	x	
1122	P40763	Signal transducer and activator of transcription 3	x	
1123	P43307	Translocon-associated protein subunit alpha		
1124	P46776	60S ribosomal protein L27a	x	
1125	P46952	3-hydroxyanthranilate 3,4-dioxygenase	x	
1126	P48059	LIM and senescent cell antigen-like-containing domain protein 1	x	

1127	P48426	Phosphatidylinositol 5-phosphate 4-kinase type-2 alpha	x	
1128	P78356	Phosphatidylinositol 5-phosphate 4-kinase type-2 beta		
1129	P49207	60S ribosomal protein L34		
1130	P49588	Alanine--tRNA ligase, cytoplasmic	x	
1131	P49748	Very long-chain specific acyl-CoA dehydrogenase, mitochondrial	x	
1132	P50148	Guanine nucleotide-binding protein G	x	
1133	P50453	Serpin B9	x	
1134	P51148	Ras-related protein Rab-5C	x	
1135	P20339	Ras-related protein Rab-5A		
1136	P51572	B-cell receptor-associated protein 31		
1137	P51812	Ribosomal protein S6 kinase alpha-3		
1138	P52566	Rho GDP-dissociation inhibitor 2	x	x
1139	P53004	Biliverdin reductase A	x	x
1140	P53041	Serine/threonine-protein phosphatase 5		
1141	P53999	Activated RNA polymerase II transcriptional coactivator p15		x
1142	P55145	Mesencephalic astrocyte-derived neurotrophic factor		
1143	P55265	Double-stranded RNA-specific adenosine deaminase	x	
1144	P55290	Cadherin-13	x	
1145	P55769	NHP2-like protein 1	x	x
1146	P56134	ATP synthase subunit f, mitochondrial	x	
1147	P56199	Integrin alpha-1		
1148	P56385	ATP synthase subunit e, mitochondrial		
1149	P58546	Myotrophin	x	
1150	P59768	Guanine nucleotide-binding protein G	x	
1151	P60228	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit E	x	
1152	P60709	Actin, cytoplasmic 1		x
1153	Q6S8J3	POTE ankyrin domain family member E	x	
1154	P60842	Eukaryotic initiation factor 4A-I	x	
1155	P60983	Glia maturation factor beta	x	
1156	P61020	Ras-related protein Rab-5B		
1157	P61026	Ras-related protein Rab-10		
1158	P61106	Ras-related protein Rab-14		
1159	P61225	Ras-related protein Rap-2b		
1160	P61626	Lysozyme C	x	x
1161	P61769	Beta-2-microglobulin		
1162	P61803	Dolichyl-diphosphooligosaccharide--protein glycosyltransferase subunit DAD1	x	
1163	P62195	26S proteasome regulatory subunit 8	x	
1164	P62310	U6 snRNA-associated Sm-like protein LSm3		
1165	P62314	Small nuclear ribonucleoprotein Sm D1	x	
1166	P62333	26S proteasome regulatory subunit 10B	x	
1167	P62736	Actin, aortic smooth muscle	x	

1168	P63267	Actin, gamma-enteric smooth muscle	x	
1169	P62750	60S ribosomal protein L23a		
1170	P62857	40S ribosomal protein S28		
1171	P62861	40S ribosomal protein S30		
1172	P62995	Transformer-2 protein homolog beta		
1173	P63261	Actin, cytoplasmic 2	x	
1174	P63313	Thymosin beta-10		
1175	P67775	Serine/threonine-protein phosphatase 2A catalytic subunit alpha isoform		
1176	P62714	Serine/threonine-protein phosphatase 2A catalytic subunit beta isoform	x	x
1177	P67809	Nuclease-sensitive element-binding protein 1		
1178	Q9Y2T7	Y-box-binding protein 2		
1179	P78410	Butyrophilin subfamily 3 member A2		
1180	O00481	Butyrophilin subfamily 3 member A1		
1181	O00478	Butyrophilin subfamily 3 member A3		
1182	P78559	Microtubule-associated protein 1A	x	
1183	P80303	Nucleobindin-2		
1184	P80748	Immunoglobulin lambda variable 3-21	x	x
1185	P83731	60S ribosomal protein L24	x	
1186	P84090	Enhancer of rudimentary homolog	x	
1187	P84103	Serine/arginine-rich splicing factor 3	x	
1188	Q00341	Vigilin		
1189	Q01995	Transgelin	x	
1190	Q02252	Methylmalonate-semialdehyde dehydrogenase	x	
1191	Q02535	DNA-binding protein inhibitor ID-3		
1192	Q02543	60S ribosomal protein L18a	x	
1193	Q03135	Caveolin-1	x	
1194	Q03591	Complement factor H-related protein 1	x	
1195	Q9BXR6	Complement factor H-related protein 5		
1196	Q07812	Apoptosis regulator BAX		
1197	Q07960	Rho GTPase-activating protein 1	x	
1198	Q08357	Sodium-dependent phosphate transporter 2		
1199	Q12906	Interleukin enhancer-binding factor 3	x	
1200	Q13148	TAR DNA-binding protein 43	x	
1201	Q13185	Chromobox protein homolog 3		
1202	Q13232	Nucleoside diphosphate kinase 3		
1203	Q13243	Serine/arginine-rich splicing factor 5		
1204	Q13247	Serine/arginine-rich splicing factor 6	x	
1205	Q08170	Serine/arginine-rich splicing factor 4	x	
1206	Q13449	Limbic system-associated membrane protein	x	
1207	Q13885	Tubulin beta-2A chain	x	x
1208	Q14152	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit A	x	
1209	Q14258	E3 ubiquitin/ISG15 ligase TRIM25	x	
1210	Q14315	Filamin-C	x	
1211	Q14344	Guanine nucleotide-binding protein subunit alpha-13	x	

1212	Q14847	LIM and SH3 domain protein 1	x	
1213	Q15185	Prostaglandin E synthase 3	x	
1214	Q15366	Poly	x	
1215	Q15435	Protein phosphatase 1 regulatory subunit 7	x	
1216	Q15459	Splicing factor 3A subunit 1		
1217	Q15714	TSC22 domain family protein 1		
1218	Q15836	Vesicle-associated membrane protein 3	x	
1219	P63027	Vesicle-associated membrane protein 2		
1220	Q15942	Zyxin		
1221	Q16563	Synaptophysin-like protein 1		
1222	Q16629	Serine/arginine-rich splicing factor 7	x	
1223	Q16718	NADH dehydrogenase	x	
1224	Q16720	Plasma membrane calcium-transporting ATPase 3	x	
1225	P23634	Plasma membrane calcium-transporting ATPase 4	x	
1226	P20020	Plasma membrane calcium-transporting ATPase 1		
1227	Q2VIR3	Eukaryotic translation initiation factor 2 subunit 3B	x	
1228	P41091	Eukaryotic translation initiation factor 2 subunit 3		
1229	Q2WGJ9	Fer-1-like protein 6		
1230	Q3LXA3	Triokinase/FMN cyclase	x	
1231	Q3ZCM7	Tubulin beta-8 chain	x	
1232	Q53EL6	Programmed cell death protein 4	x	
1233	Q562R1	Beta-actin-like protein 2	x	
1234	Q58FF8	Putative heat shock protein HSP 90-beta 2		
1235	Q5M9N0	Coiled-coil domain-containing protein 158	x	
1236	Q5SRE7	Phytanoyl-CoA dioxygenase domain-containing protein 1	x	
1237	Q5T7N2	LINE-1 type transposase domain-containing protein 1		
1238	Q5TZA2	Rootletin	x	
1239	Q6DD88	Atlastin-3		
1240	Q6EEV6	Small ubiquitin-related modifier 4		
1241	P61956	Small ubiquitin-related modifier 2		
1242	P55854	Small ubiquitin-related modifier 3		
1243	Q6PCB0	von Willebrand factor A domain-containing protein 1	x	
1244	Q6UXY8	Transmembrane channel-like protein 5	x	
1245	Q71U36	Tubulin alpha-1A chain	x	x
1246	P0DPH7	Tubulin alpha-3C chain		
1247	P0DPH8	Tubulin alpha-3D chain		
1248	Q6PEY2	Tubulin alpha-3E chain		
1249	Q7Z3B1	Neuronal growth regulator 1		
1250	Q7Z406	Myosin-14	x	
1251	Q86YF9	Zinc finger protein DZIP1		

1252	Q8IVM7	Putative uncharacterized protein encoded by LINC00346	
1253	Q8IXH8	Cadherin-like protein 26	
1254	Q8IXL6	Extracellular serine/threonine protein kinase FAM20C	
1255	Q8IYT4	Katanin p60 ATPase-containing subunit A-like 2	
1256	Q8N4T0	Carboxypeptidase A6	
1257	Q8N5P1	Zinc finger CCCH domain-containing protein 8	
1258	Q8N8Q8	Cytochrome c oxidase assembly protein COX18, mitochondrial	
1259	Q8NBJ4	Golgi membrane protein 1	
1260	Q8NDC0	MAPK-interacting and spindle-stabilizing protein-like	
1261	Q8NHU6	Tudor domain-containing protein 7	
1262	Q8TCZ2	CD99 antigen-like protein 2	
1263	Q8TF30	WASP homolog-associated protein with actin, membranes and microtubules	x
1264	Q8WVM8	Sec1 family domain-containing protein 1	x
1265	Q8WVY7	Ubiquitin-like domain-containing CTD phosphatase 1	
1266	Q8WWI5	Choline transporter-like protein 1	
1267	Q8WX93	Palladin	x
1268	Q92499	ATP-dependent RNA helicase DDX1	x
1269	Q92747	Actin-related protein 2/3 complex subunit 1A	x
1270	Q92796	Disks large homolog 3	
1271	Q96A49	Synapse-associated protein 1	x
1272	Q96AE4	Far upstream element-binding protein 1	x
1273	Q96AG4	Leucine-rich repeat-containing protein 59	
1274	Q96CT7	Coiled-coil domain-containing protein 124	
1275	Q96D15	Reticulocalbin-3	
1276	Q96EP5	DAZ-associated protein 1	
1277	Q96FQ6	Protein S100-A16	
1278	Q96FZ7	Charged multivesicular body protein 6	
1279	Q96G03	Phosphoglucomutase-2	x
1280	Q96HY6	DDR GK domain-containing protein 1	x
1281	Q96LR9	Apolipoprotein L domain-containing protein 1	
1282	Q96S86	Hyaluronan and proteoglycan link protein 3	
1283	Q86UW8	Hyaluronan and proteoglycan link protein 4	
1284	Q96SM3	Probable carboxypeptidase X1	x
1285	Q96TA1	Niban-like protein 1	x
1286	Q99426	Tubulin-folding cofactor B	x
1287	Q99460	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 1	x
1288	Q99653	Calcineurin B homologous protein 1	
1289	Q99733	Nucleosome assembly protein 1-like 4	x
1290	Q99784	Noelin	
1291	Q99880	Histone H2B type 1-L	x
1292	Q99879	Histone H2B type 1-M	x

1293	Q99877	Histone H2B type 1-N		
1294	Q93079	Histone H2B type 1-H		
1295	Q5QNW6	Histone H2B type 2-F		
1296	P62807	Histone H2B type 1-C/E/F/G/I		
1297	P58876	Histone H2B type 1-D		
1298	P57053	Histone H2B type F-S		
1299	O60814	Histone H2B type 1-K		
1300	Q99962	Endophilin-A1	x	
1301	Q99961	Endophilin-A2		
1302	Q9BQE3	Tubulin alpha-1C chain		
1303	Q9BR76	Coronin-1B	x	
1304	Q9BRF8	Serine/threonine-protein phosphatase CPPED1	x	
1305	Q9BRX8	Peroxiredoxin-like 2A		
1306	Q9BUF5	Tubulin beta-6 chain	x	
1307	Q9BUR5	MICOS complex subunit MIC26	x	
1308	Q9BUT1	3-hydroxybutyrate dehydrogenase type 2	x	
1309	Q9BVA1	Tubulin beta-2B chain	x	
1310	Q9BVC6	Transmembrane protein 109	x	
1311	Q9BWM7	Sideroflexin-3	x	
1312	Q9BY67	Cell adhesion molecule 1	x	
1313	Q9H299	SH3 domain-binding glutamic acid-rich-like protein 3		
1314	Q9H4G4	Golgi-associated plant pathogenesis-related protein 1	x	
1315	Q9HCB6	Spondin-1	x	
1316	Q9NQ76	Matrix extracellular phosphoglycoprotein		
1317	Q9NRV9	Heme-binding protein 1	x	x
1318	Q9NTJ5	Phosphatidylinositide phosphatase SAC1	x	
1319	Q9NVD7	Alpha-parvin	x	
1320	Q9NY47	Voltage-dependent calcium channel subunit alpha-2/delta-2	x	
1321	Q9NZ08	Endoplasmic reticulum aminopeptidase 1	x	
1322	Q9NZN4	EH domain-containing protein 2	x	
1323	Q9NZW5	MAGUK p55 subfamily member 6	x	
1324	Q9P0M6	Core histone macro-H2A.2	x	
1325	Q9UBQ7	Glyoxylate reductase/hydroxypyruvate reductase	x	
1326	Q9UHV9	Prefoldin subunit 2		
1327	Q9UK22	F-box only protein 2	x	
1328	Q9UKY7	Protein CDV3 homolog		
1329	Q9UM54	Unconventional myosin-VI	x	
1330	Q9UMS6	Synaptopodin-2		
1331	Q9UQP3	Tenascin-N	x	
1332	Q9Y2S2	Lambda-crystallin homolog	x	
1333	Q9Y333	U6 snRNA-associated Sm-like protein LSm2		
1334	Q9Y3I0	tRNA-splicing ligase RtcB homolog	x	
1335	Q9Y3U8	60S ribosomal protein L36		

1336	Q9Y4F1	FERM, ARHGEF and pleckstrin domain-containing protein 1	x
1337	Q9Y4K3	TNF receptor-associated factor 6	
1338	Q9Y4L1	Hypoxia up-regulated protein 1	x
1339	Q9Y5L4	Mitochondrial import inner membrane translocase subunit Tim13	
1340	O60522	Tudor domain-containing protein 6	
1341	P10155	60 kDa SS-A/Ro ribonucleoprotein	
1342	P11226	Mannose-binding protein C	
1343	P61011	Signal recognition particle 54 kDa protein	x
1344	Q13496	Myotubularin	
1345	Q8IWZ3	Ankyrin repeat and KH domain-containing protein 1	
1346	Q8TCT8	Signal peptide peptidase-like 2A	
1347	Q8TE85	Grainyhead-like protein 3 homolog	x
1348	Q9UKI8	Serine/threonine-protein kinase tousled-like 1	

5. Diskussion

Durch das ultraschnelle Homogenisierungs- und Extraktionsverfahren unter Zuhilfenahme des PIRLS konnten entsprechend in dieser Arbeit insgesamt 1077 Proteingruppen sowie 1348 Proteine der Pulpa identifiziert werden. Im Vergleich zu herkömmlichen mechanischen Homogenisierungsverfahren, wie z.B. bei A. Eckhardt *et al.* (2014) und U. Eckhard *et al.* (2015) erfolgte in dieser Studie die Homogenisierung und Extraktion innerhalb eines kürzeren Zeitraums durch die Bestrahlung mit diesem innovativen Infrarotlasersystem.

Kwiatkowski *et al.* haben bei der Untersuchung von Pankreas- und Tonsillengewebe gezeigt, dass im Vergleich zu den herkömmlichen mechanischen Gewebhomogenisierungsverfahren, mit der PIRL-Homogenisierung eine signifikant höhere Anzahl an intakten Proteinspezies ermittelt werden konnte, die mithilfe der 2D-Gelelektrophorese und den hochauflösenden massenspektrometrischen Methoden analysiert wurden. Das feine Homogenat besaß durch das Fehlen von Partikeln, wie Zelltrümmern, eine hohe Qualität. Das Homogenat aus der mechanischen Vorgehensweise erfordert aufgrund der Partikelanwesenheit weitere Zentrifugationsschritte, welche wiederum mehr Arbeitszeit beanspruchen. Es zeigt außerdem, dass nicht alle Teile des Gewebes erfolgreich homogenisiert werden [24]. Die Ergebnisse dieser Studie haben gezeigt, dass der PIRL auch bei der Homogenisierung des Zahnpulpengewebes erfolgreich zum Einsatz kommen kann und aus den dabei entstandenen Homogenaten mit der Tandemmassenspektrometrie viele Proteine identifiziert werden können.

Beim Vergleich der LC-MS/MS-Ergebnisse dieser Studie mit den Ergebnissen der aktuellen Literatur [28, 29], stimmten 966 Proteine von den 1348 identifizierten Proteinen mit deren Ergebnissen überein. Die restlichen 382 Proteine wurden ausschließlich in dieser Arbeit identifiziert. Auf diese Proteine wird in den nächsten Abschnitten genauer eingegangen.

Wird die prozentuale Zusammensetzung der molekularen Funktion, der biologischen Prozesse und der zellulären Komponente aller 1348 Proteine aus der Tabelle 4.1 mit denen der aktuellen Literatur verglichen (siehe Abb. 5, 7, 9), zeigt es, dass es nur geringe Abweichungen gibt. Es kann folglich gesagt werden, dass der Hauptteil der

molekularen Funktion der identifizierten Proteine aus der Pulpa zu GO-Annotationen Bindungen (GO: 0005488) und katalytischen Aktivitäten (GO: 0003824) gehören.

Der Hauptteil der zellulären Komponenten der Pulpa besteht aus Zellen (GO: 0005623) und der Hauptteil der biologischen Prozesse der identifizierten Proteine aus der Pulpa kommen in zellulären Prozessen (GO: 0009987) vor.

Wird der zeitliche Ablauf dieser Studie mit der Studie von A. Eckhardt *et al.* (2014) und U. Eckhard *et al.* (2015) verglichen, reduziert sich die Analysezeit um die Hälfte. Statt 72 Stunden wurden nur 36 Vorbereitungsstunden benötigt, um die LC-MS/MS-Ergebnisse zu erhalten. Durch die Reduzierung der Versuchsschritte wurden eventuell die damit verbundenen Kontaminationsrisiken sowie Probenverlust minimiert.

U. Eckhard *et al.* (2015) haben jedoch mehr Proteine identifizieren können. Dies liegt u.a. daran, dass U. Eckhard *et al.* (2015) die Proteine spezifisch modifiziert haben, um auch die weniger abundanteren Proteine zu identifizieren. Die von U. Eckhard angewendete Methode maximiert auf der einen Seite die Durchsatzdynamik der Proteinidentifizierung, auf der anderen Seite ist sie aber sehr zeitaufwendig und kostspielig und nicht einsetzbar in Routineuntersuchungen, welches u.a. ein Ausblick dieser Studie ist. Dahingegen haben wir eine Methode verwendet, die keinen proteolytischen Abbau und Proteindegradation erlaubt und daher sehr nah an dem *in vivo* Zustand ist, wie dies bereits in der Arbeit von Kwiatkowski *et al.* nachgewiesen werden konnte. In der Arbeit zeigte er, dass durch die schonende Bestrahlung mit dem PIRL die Proteine intakt bleiben. Die Enzyme können durch den rasanten Homogenisierungsschritt keine bis kaum proteolytischen Abbaureaktionen in den Zellen verursachen [20]. In einer seiner weiteren Arbeiten [24] bewies er wiederum anhand der 2D-Gelelektrophorese seine erste These, dass beim PIRL keine proteolytischen Abbauprozesse stattfinden und keine artefaktischen Modifizierungen vorzufinden sind. Bedeutet, dass die in *in-vivo* vorhandenen Modifizierungen im Vergleich zur mechanischen Aufbereitungsmethode nach der Bestrahlung und sofortigem Auffangen des Homogenats durch Einfrieren (in Kwiatkowskis Arbeit [20, 24]) bzw. durch die Trocknung (in dieser Studie) erhalten bleiben. Dies ist auf die Eigenschaften des PIRLs zurückzuführen, welche seinen besonderen Parametern zugrunde liegt. Wie bereits erwähnt, basiert die schonende Bestrahlungsmethode auf der Absorption der Laserenergie durch die Wassermoleküle. Ausschlaggebend hierfür ist die Wellenlänge bei 2,94 µm sowie die Pulsdauer bei 300 Pikosekunden. Die

absorbierte Laser-Energie wird somit ultraschnell in translationaler Energie auf einer Zeitskala von wenigen Pikosekunden umgewandelt. Diese thermodynamischen Zustandsänderungen sprengen die Wassermoleküle und deren umgebenden Molekülen in die Gasphase. Auf diese Weise kann in dieser kurzen Zeit die absorbierte Laserenergie nicht in thermische Energie oder in Stoßwellen umgewandelt werden. Somit bietet die hier beschriebene PIRL Methode eine rasante Probenabtragung innerhalb weniger Sekunden, welche auch gleichzeitig durch die Trocknung der Proteine die enzymatischen Aktivitäten lahmlegt.

Mit den Eigenschaften des PIRLs könnte die Untersuchung von Proteinen erfolgen, welche als Biomarker festgelegt werden, die dann Veränderungen im Gewebe signalisieren.

Als Beispiel wurden in der Arbeit von Ma *et al.* [35] 16 Proteine klassifiziert, welche bei kariösen Zähnen eine erhöhte Expression aufwiesen. 13 dieser Proteine (CCT2, TPM2, TALDO1, CAPZB, MYL9, HSP90AA1, TARDBP, CAPG, STMN1, APEH, HNRNPF, KRT9, KRT10) kommen auch in dieser Arbeit vor.

Auch in der Arbeit von Jágr *et al.* [36] wurde eine Proteomanalyse der menschlichen Zahnpulpa durchgeführt, welche kariesfreie und kariöse Zähne untersucht. Hier wurden 12 Proteine identifiziert, die eine Down- und Up Regulation aufweisen. Folgende 11 Proteine kommen ebenfalls in dieser Arbeit vor (SERPINA1, HSPD1, ATP5B, PGK1, TPM1, VIM, ANXA2, ANXA5, PRDX1, APOH, TF).

Ein weiteres in dieser Arbeit vorkommendes Protein, das Alpha-2-macroglobulin, wurde in der Studie von McClanahan *et al.* auf seine Eigenschaft in Bezug auf Entzündungen im Pulpengewebe untersucht. Dabei wurden statistisch signifikante Unterschiede in der Konzentration von Alpha-2-macroglobulin bei mittelschwerer bis schwerer Entzündung im Vergleich zu normalem Pulpengewebe, sowie zwischen schwach entzündeten und mittelschwer bis stark entzündeten Pulpen festgestellt [37]. Die Zunahme der Konzentration dieses Proteaseinhibitors bei Entzündungen in der Pulpa deuten darauf hin, dass dieses Protein eine Rolle bei der Pathogenese von entzündlichen Erkrankungen der Pulpa, wie z.B. einer Karies oder Pulpitis, spielen können.

Die oben erwähnten Proteine können bereits als Proteinbiomarker für kariöse Zähne gelten und in Zukunft angewendet werden.

In dieser Arbeit wurden 1077 Proteingruppen identifiziert. Aus diesen 1077 Proteingruppen gehen 1348 Proteine hervor, von denen laut Abb. 10 382 Proteine nur in dieser Arbeit vorkommen. Werden diese Proteine untersucht, fällt auf, dass davon 187 Proteine zu Proteingruppen zugehörig sind, welche bei A. Eckhardt *et al.* (2014) und U. Eckhard *et al.* (2015) identifiziert wurden. Der Unterschied ist der, dass während in den o.g. Studien nur wenige Proteine einer jeweiligen Proteingruppe identifiziert wurden, in dieser Studie gleich mehrere Proteine einer Proteingruppe identifiziert wurden. Ein Beispiel ist die Proteingruppe Histone H2A. In den Studien vorher wurden zusammen nur 6 Proteine aus dieser Proteingruppe identifiziert. Mit diesem Verfahren hat sich die Anzahl der Proteine dieser Proteingruppe auf 15 erhöht. Durch die Anwendung des PIRLS konnten somit mehr Proteine einer schon bekannten Proteingruppe identifiziert werden.

In dieser Arbeit kommen 181 Proteingruppen vor, welche ausschließlich hier identifiziert wurden. Aus den 181 Proteingruppen gehen 195 Proteine hervor. Von den 181 Proteingruppen enthalten 170 jeweils nur ein Protein. Bei der Durchsicht der 195 Proteine sind fast alle Proteine allgemeinen Krankheiten zuzuordnen. Lediglich 4 Proteine (CCDC124, IGLC6, PPIAL4D, TRIM64B) sind laut der Open Targets Plattform keinerlei Erkrankungen zuzuordnen. In der Literatur wird das CCDC124 in Verbindung mit der Zytokinese und der damit verbundenen Midbody-Struktur, eine kurzlebige Verbindungsstruktur zum Ende der Zellteilung, erwähnt [38]. Das IGLC6 gehört zu den Immunglobulinen und ist im Bereich der Immunantwort tätig. Über PPIAL4D und TRIM64B ist bis heute keine Publikation zu finden. Weiterer Forschungsbedarf über diese 4 Proteine, vor allem in Bezug auf die Funktionen in der Pulpa, ist hier anzustreben.

Bei den restlichen Proteinen sind aus zahnmedizinischer Sicht nach Durchsicht der Literatur folgende Proteine interessant (HMGB1, TIMP2, CD59, TMSB10, ERP29, SLC20A2, TMSB4X, PDGFRB, MEPE, FAM20C, SUMO2, SUMO4, STMN1).

Das High mobility group protein B1 (HMGB1) ist ein Chromatin-Protein, das eine entzündungsfördernde Reaktion hervorruft und den Reparaturprozess des Gewebes unterstützt. In einer Studie wurden die Expression und Verteilung des Proteins in entzündeten Pulpen untersucht. Es wurde beobachtet, dass in entzündetem Pulpengewebe die mRNA-Expression von HMGB1 signifikant erhöht war, was zur Erkenntnis geführt hat, dass das Protein eine Rolle im Entzündungsprozess der Pulpa spielt. Zusätzlich soll das Protein eine wichtige Aufgabe bei der Rekrutierung von

Stammzellen der Pulpa haben und die Reparatur und Regeneration der Pulpa fördern [39].

Das Protein Metalloproteinase Inhibitor 2 (TIMP2) hat u.a. in der Arbeit von Accorsi-Mendonça *et al.* ebenfalls eine Veränderung in Form einer Hochregulierung bei entzündeten Pulpen gezeigt [40].

In einer Arbeit zur Untersuchung des Komplementsystems bei Entzündungs- und Regenerationsprozessen bei Pulpen wurde das Protein CD59 als Inhibitor für die Bildung des Membranangriffskomplexes erwähnt. Dieser Komplex soll für seine bakteriell lytische Wirkung bekannt sein und wurde in der Arbeit in Bezug auf die Bakterienbelastung durch *Streptococcus mutans* und *Streptococcus Sanguinis* untersucht. Der Komplex wird durch die Fibroblasten der Pulpa stimuliert und greift die Bakterien an. Als Kontrolluntersuchung der Wirksamkeit des Membranangriffskomplexes wurde bei Zugabe des Inhibitor CD59 eine signifikante Verringerung des Komplexes beobachtet [41]. Weitere Untersuchung des Proteins CD59 sollte in Erfahrung bringen, ob es anderen Aufgaben zugesprochen wird. Hier wäre es überlegenswert, das Protein so zu modifizieren, dass ein Unterbinden des Membranangriffskomplexes verhindert wird, sodass die Komplexbildung durch Fibroblasten der Pulpa eine bakterielle Belastung stärker bekämpfen könnten.

Auch die hier erwähnten Proteine könnten, wie die weiter oben erwähnten Proteine, als Proteinbiomarker bei der klinischen Untersuchung von Pulpen, welche Veränderungen aufgrund von Erkrankungen, wie z.B. Karies aufzeigen, eingeteilt werden.

Die folgenden Proteine sind vor allem in der Bildung der verschiedenen Zahnstrukturen tätig.

Das Expressionsmuster und die Funktionen des Proteins Thymosin beta-10 (TMSB10) wurde während der Zahnentwicklung an unteren ersten Molaren von Mäusen untersucht. Es wurde festgestellt, dass das Protein in dentalen Mesenchymzellen sowie dentalen Epithelzellen nachweisbar war. Im späten Stadium der Zahnentwicklung zeigten die Präodontoblasten eine starke TMSB10- Expression und die Präameloblasten eine starke Thymosin beta-4 (TMSB4X) Expression auf ungefähr gleicher Ebene auf. Es wurde so gedeutet, dass eine enge Zell-Zell-Wechselwirkung zwischen Präodontoblasten und Präameloblasten zur Bildung von Dentin- und Schmelzmatrix bestehen könnte. Da zusätzlich ein starkes TMSB10-Signal in den Odontoblasten in der lateralen Seite der Zahnpulpa und in der Hertwigsche

Epithelscheide vorgefunden wurde, sind die Autoren davon ausgegangen, dass das Protein an der Bildung des Zahnwurzelumrisses beteiligt sein kann [42].

Das Protein Endoplasmic reticulum resident protein 29 (ERP29) wurde in einer Arbeit aus Zahnschmelzzellen isoliert. Es soll hauptsächlich an normalen Proteinsekretionsereignissen, wie z.B. bei Schmelzsekretion beteiligt sein [43]. Sodium-dependent phosphate transporter 2 (SLC20A2) ist ein Membranprotein, welches die Phosphat Aufnahme während der Mineralisierung im Zahn steuert. In der Arbeit von Merametdjian *et al.* wurde das Protein in Bezug auf die räumlich-zeitliche Expression in murinen Zahnkeimen untersucht. Das Protein wurde vor allem im postnatalen Stadium der Zahnentwicklung stark exprimiert (2- bis 10-fach höher als im Vergleich zu anderen Transportern) und kam im Stratum Intermedium und in der subodontoblastischen Zellschicht des Zahnes vor [44].

In einer separaten Arbeit über das Protein Thymosin beta-4 (TMSB4X) wurde festgestellt, dass es eine Schlüsselrolle bei der odontoblastischen Differenzierung von humanen Zahnpulpen Zellen spielt und die Aktivierung des Proteins einen neuen Mechanismus für die regenerative Endodontie liefern könnte [45].

In der Arbeit von Cai *et al.* wurde das Protein Platelet-derived growth factor receptor beta (PDGFRB) untersucht und festgestellt, dass es das Potential einer Pulpen Stammzelle hat, da es in der Lage ist in vitro und in vivo dentinähnliche Strukturen zu erzeugen [46].

Das Protein Matrix extracellular phosphoglycoprotein (MEPE) wurde in der Arbeit von Wei *et al.* auf ihre Aufgabe untersucht. Die Autoren fanden heraus, dass das Protein eine wichtige Rolle bei der Proliferation und Osteogenesedifferenzierungsfähigkeit von der Zahnpulpa zu spielen scheint [47].

Auch die Proteine Extracellular serine/threonine protein kinase FAM20C, Small-ubiquitin-related modifier 2 und 4 (SUMO2, SUMO4), sowie Stathmin (STMN1) spielen ebenfalls eine Rolle in der Odontoblasten Differenzierung [48, 49, 50]. Das Stathmin wird zusätzlich oben in der Arbeit von Ma *et al.* 2014 [35] erwähnt.

Es wird somit zusätzlich bestätigt, dass es sich bei den nur in dieser Arbeit identifizierten Proteine auch um Proteine der Pulpa handelt, welche von A. Eckhardt *et al.* (2014) und U. Eckhardt *et al.* (2015) nicht identifiziert worden sind. Über die restlichen Proteine müsste weiter geforscht werden, um abschließend jede Funktion in der Pulpa nachzuvollziehen. Hier wären dann Ansätze für weitere Forschungen, wie z.B. der Hartgewebsregeneration, um zukünftig dentale Füllungen bei kariösen

Läsionen abzulösen oder die Revitalisierung eines Zahnes mit neuem Pulpengewebe induziert durch die entsprechenden Proteine.

Zur weiteren Validierung der ausschließlich bei uns vorkommenden 382 Proteine wurde außerdem die Plattform The Human Protein Atlas herangezogen. Jedes Protein wurde anhand seines Gennamens untersucht.

Der Human Protein Atlas ist eine Datenbank, die u.a. die Verteilung von Proteinen in menschlichen Geweben und Zellen zeigt. Dabei wird immer das Gewebe genannt, in dem das jeweilige Protein am stärksten exprimiert wird.

Erwähnenswert ist, dass im Human Protein Atlas das Gewebe der Pulpa nicht explizit aufgelistet wird.

Dem Human Protein Atlas ist zu entnehmen, dass 7,6 % der 382 Proteine Blut und 8,6% lymphatisches Gewebe sind.

Gestützt durch die Tatsache, dass die Pulpa, wie bereits in der Einleitung erwähnt, eine Mischung aus interzellulären Substanzen, Zellen, Faserelementen, Nerven und Gefäßen ist, könnten die o.g. Ergebnisse dem Pulpengewebe zugeordnet werden.

Die pulpenspezifischen Proteine, welche bei Pubmed bereits untersucht wurden, werden im Human Protein Atlas folgenden Geweben zugeordnet.

Die Proteine TMSB4X und TMSB10 werden dem Blut und das STMN1 dem lymphatischen Gewebe zugeordnet.

Die Proteine HMGB1, ERP29, PDGFRB, SUMO4 und SUMO2 sind in der Kategorie der niedrigen Gewebespezifität vorzufinden.

Hypothetisch kann behauptet werden, dass die 37,7% der 382 Proteine, welche beim Human Protein Atlas einer niedrigen Gewebespezifität zugeordnet werden, evtl. dem Pulpengewebe angehören.

Die Proteine MEPE, STMN1 werden im Human Protein Atlas in der Einteilung Gehirn gelistet, CD59, TIMP2 in der Plazenta und SLC20A2, FAM20C in der Speicheldrüse.

Wird die restliche prozentuale Gewebeverteilung der 382 Proteine betrachtet, kommen die meisten Proteine zu 9,4 % im Gehirngewebe, 6,5% in Hoden, 4,7% in Leber und 4,6% in skelettaler Muskulatur vor. Ein relativ großer Anteil von 10,2% sind dem Human Protein Atlas nicht bekannte Proteine.

Hierbei handelt es sich zum Teil um Immunglobuline, die Bestandteil des Immunsystems im Kampf gegen Fremdstoffe sind und durchaus in der Pulpa eine Funktion in der Abwehr gegen Krankheitserreger haben könnten. Zum anderen Teil handelt es sich um vermutete Proteine. Das sind Proteine, die eine

Aminosäuresequenz haben, welche bereits bekannten Proteinen zuzuordnen sind, jedoch in der Funktion nicht übereinstimmen.

Die restlichen 9,8 % kommen in 28 weiteren Geweben in geringer Menge (2,8 – 0,3%) vor.

Hervorzuheben sind trotz geringer Menge 1,8% Plazenta und 1% Speicheldrüse, da hier die o.g. pulpenspezifischen Proteine vorliegen.

Zusammenfassend lässt sich sagen, dass der Atlas nur zur groben Orientierung dienen kann. Dies ist der Tatsache geschuldet, dass die Pulpa nicht als Gewebe im Human Protein Atlas gelistet wird.

Es werden jeweils nur die Gewebe aufgelistet, in dem das Protein am stärksten exprimiert wird. Das muss aber nicht zwangsweise bedeuten, dass die jeweiligen Proteine nicht in der Pulpa vorkommen können.

Der Human Protein Atlas ist somit primär keine hilfreiche Plattform zur Validierung des Gewebes, bietet dennoch nützliche Aufschlüsse.

Mit der Anwendung des PIRLS konnte gezeigt werden, dass der Homogenisierungsschritt auf ein zeitliches Minimum reduziert werden kann, ohne dass die Ergebnisse beeinträchtigt werden. Es wurden sogar zusätzliche 382 nicht von A. Eckhardt *et al.* (2014) und U. Eckhardt *et al.* (2015) identifizierte Proteine entdeckt. Somit kann von einer konkurrenzfähigen Alternative in der Proteomanalytik gesprochen werden, welche im Vergleich eine kürzere Analysezeit hat, wirtschaftlicher ist und, aufgrund der Tatsache, dass das Homogenat wenig Zelltrümmer besitzt, qualitativ gute Ergebnisse liefert.

Neben den o.g. Optimierungsmaßnahmen zur Erhöhung der Proteinmenge wäre folgender Gedanke für die klinische Anwendung des PIRLS außerdem interessant.

Um in Zukunft mit dem PIRL zusätzlich eine klinische Anwendung durchzuführen, bei der direkt am Patienten eine Aussage getroffen werden kann, müsste der methodische Teil mit dem tryptischen Verdau als auch die LC-MS/MS Analyse beschleunigt werden. Hier besteht weiterer Forschungsbedarf auf biochemischer Ebene zur Optimierung des Gesamtverfahrens. Diese innovative Methodik wäre dann nicht nur für die Zahnmedizin interessant, sondern vor allem im Bereich der Tumorthherapie, bei der es wichtig ist festzulegen, welche Ausdehnung ein Tumor hat, wenn dieser *in toto* entfernt werden soll. Dafür sind dann verständlicherweise andere Biomarker notwendig, die aussagen, ob es sich bei dem Gewebe noch um Tumorgewebe handelt oder nicht.

Es kann behauptet werden, dass in dieser Arbeit nicht primär die Quantität, sondern die Qualität der identifizierten Proteine angestrebt wird mit dem Gedanken sehr nah der *in vivo* Zustand zu sein. Wird diese Arbeit, mit der von Eckhardt *et al.* 2014 verglichen, sind dennoch sowohl quantitativ als auch qualitativ gute Ergebnisse erreicht worden.

Um die zu identifizierende Proteinanzahl in dieser Arbeit noch weiter zu erhöhen, können weitere Verfahrensmöglichkeiten herangezogen werden.

Eine Möglichkeit wäre diese Methodik mit Anreicherungsverfahren zu koppeln. Es könnten zum Beispiel die MudPIT (Multidimensional-Protein Identification Technology) zusätzlich angewendet werden, indem mehrere unterschiedliche Chromatographie Methoden miteinander gekoppelt werden, um eine effizientere Auftrennung zu erzielen [51]. Eine weitere Methode ist die 2D-Gelelektrophorese, welche die Analyse von Proteinspezies ermöglicht und somit ein breiteres Spektrum an Proteomanalytik für die Pulpa bietet.

Nachdem das Verfahren durch die Hinzuziehung dieser Optionen verfeinert wird, könnte in Zukunft für die Proteinzusammensetzung der Pulpa eine gute Forschungsgrundlage geschaffen werden.

6. Zusammenfassung

Das Ziel dieser Arbeit war die Proteomanalyse der menschlichen Zahnpulpa mit Hilfe der Tandem-Massenspektrometrie sowie unter Verwendung des PIRLS. Nach der Versuchsdurchführung konnte gezeigt werden, dass dieses innovative Gewebekomogenisierungsverfahren eine schnelle Methode ist, welche die sich bei der Probenvorbereitung der Proteomanalyse der menschlichen Zahnpulpa als effektiv erwiesen hat. Es wurden 1348 Proteine identifiziert, welche im Vergleich mit der Literatur zum Großteil bestätigt werden konnten. 382 Proteine wurden nur in dieser Arbeit identifiziert. Es konnte eine Übersicht über die molekulare Funktion, der biologischen Prozesse und der zellulären Komponente der Pulpa zusammengestellt werden. Um in Zukunft eine höhere Anzahl von identifizierten Proteinen zu erreichen, können weitere Verfahrenstechniken wie die MudPIT und die 2D-Gelelektrophorese hinzugezogen werden. Für die Reduktion des zeitlichen Ablaufs der Homogenisierung hat sich der PIRL als besonders effektiv gezeigt. Um dieses Verfahren jedoch für klinische Anwendungen, wie z.B. die Aussage zu treffen, ob eine pathologische Veränderung im Gewebe vorliegt oder nicht, nutzen zu können, ist es nötig, dass die Aufbereitung und Analyse in Zukunft abgekürzt bzw. beschleunigt wird. Da zum heutigen Standpunkt eine Verkürzung des tryptischen Verdaus, sowie der LC-MS/MS Analyse nicht möglich ist, ist zu überlegen, wie das Homogenat, welches direkt durch den Laser in die Gasphase überführt wird, zeitnah analysiert werden kann. Bevor jedoch der PIRL direkt am Patienten angewendet werden kann, muss das Gerät handlicher konzipiert werden.

7. Literaturverzeichnis

1. Pashley, David H., Richard E. Walton, and Harold C. Slavkin. "Histology and physiology of the dental pulp." Endodontics 5th ed. Ingle JI, Bakland LK. BC Decker Inc, Hamilton (2002): 25-60.
2. Slavkin HC. The nature and nurture of epithelial-mesenchymal interactions during tooth morphogenesis. J Biol Buccale. 1978 Sep;6(3):189-204. [PubMed: 282288]
3. Brännstrom M., Astrom A. The hydrodynamics of the dentin: its possible relationship of dentinal pain. Int Dent J. 1972 Jun;22(2):219-27. [PubMed: 4505631]
4. Yu C, Abbott PV. An overview of the dental pulp: its functions and responses to injury. Aust Dent J. 2007 Mar;52(1 Suppl): S4-16. [PubMed: 17546858]
5. Wilkins M. Proteomics data mining. Expert Rev Proteomics. 2009 Dec;6(6):599-603. [PubMed: 19929606]
6. Wasinger VC, Cordwell SJ, Cerpa-Poljak A, Yan JX, Gooley AA, Wilkins MR, et al. Progress with gene-product mapping of the Mollicutes: Mycoplasma genitalium. Electrophoresis. 1995 Jul;16(7):1090-4. [PubMed: 7498152]
7. Wilkins MR, Pasquali C, Appel RD, Ou K, Golaz O, Sanchez JC, Yan JX, et al. From proteins to proteomes: large scale protein identification by two-dimensional electrophoresis and amino acid analysis. Biotechnology (N Y). 1996 Jan;14(1):61-5. [PubMed: 9636313]
8. Jágř M, Eckhardt A, Pataridis S, Foltán R, Myšák J, Mikšík I. Proteomic analysis of human tooth pulp proteomes - Comparison of caries-resistant and caries-susceptible persons. J Proteomics. 2016 Aug 11; 145:127-136. [PubMed: 27109349]
9. Lin C, Nie M, Zhang L, Chen Z. Two-dimensional electrophoresis analysis of the protein expression of dental pulp in different conditions. Zhonghua Kou Qiang Yi Xue Za Zhi. 2008 Mar;43(3):154-6. [PubMed: 18788549]
10. Ma D, Cui L, Gao J, Yan W, Liu Y, Xu S, Wu B. Proteomic analysis of mesenchymal stem cells from normal and deep carious dental pulp. PLoS One. 2014 May 8;9(5): e97026. [PubMed: 24809979]
11. Padula MP, Berry IJ, O'Rourke MB, Raymond BB, Santos J, Djordjevic SP. A Comprehensive Guide for Performing Sample Preparation and Top-Down Protein Analysis. Proteomes. 2017 Apr 7;5(2). [PubMed: 28387712]
12. Zhang Y, Fonslow BR, Shan B, Baek MC, Yates JR 3rd. Protein analysis by

shotgun/bottom-up proteomics. Chem Rev. 2013 Apr 10;113(4):2343-94.

[PubMed: 23438204]

13. Lipton MS, Paša-Tolić L. Mass Spectrometry of Proteins and Peptides, Methods and Protocols. Second Edition, Pacific Northwest National Laboratory, Richland, WA, USA, Humana Press 2009.

14. Schlüter H, Apweiler R, Holzhütter HG, Jungblut PR. Finding one's way in proteomics: a protein species nomenclature. Chem Cent J. 2009 Sep 9; 3:11

[PubMed: 19740416]

15. Tholey A, Becker A. Top-down proteomics for the analysis of proteolytic events - Methods, applications and perspectives. Biochim Biophys Acta Mol Cell Res. 2017 Nov;1864(11 Pt B):2191-2199. [PubMed: 28711385]

16. Burden DW. Guide to the Homogenization of Biological Samples. Random Primers 2012 Issue No., Page 1-25

17. Graham, JM, Rickwood D. Homogenization of tissues and cells, Subcellular Fractionation: A Practical Approach. Oxford University Press, 1997 (173): p. p. 12ff

18. Chapter 6. Mass Spectrometry for Post-Translational Modifications. Carol E. Parker, Viorel Mocanu, Mihaela Mocanu, Nedyalka Dicheva, and Maria R. Warren. Neuroproteomics, Verlag Boca Raton (FL): CRC Press/Taylor & Francis; **2010**.; ISBN-13: 978-1-4200-7625-7,

19. Yi Wang, Xiaojuan Li, Yan-Hui Liu, Daisy Richardson, Huijuan Li, Mohammed Shameem & Xiaoyu Yang, Simultaneous monitoring of oxidation, deamidation, isomerization, and glycosylation of monoclonal antibodies by liquid chromatography-mass spectrometry method with ultrafast tryptic digestion, mAbs, **2016**, 8:8, 1477-1486.

20. Kwiatkowski M, Wurlitzer M, Omid M, Ren L, Kruber S, Nimer R, Robertson WD, Horst A, Miller RJ, Schlüter H. Ultrafast extraction of proteins from tissues using desorption by impulsive vibrational excitation. Angew Chem Int Ed Engl. 2015 Jan 2;54(1):285-8. [PubMed: 25346525]

21. Jowett N, Wöllmer W, Mlynarek AM, Wiseman P, Segal B, Franjic K, Krötz P, Böttcher A, Knecht R, Miller RJ. Heat generation during ablation of porcine skin with erbium: YAG laser vs a novel picosecond infrared laser. JAMA Otolaryngol Head Neck Surg. 2013 Aug 1;139(8):828-33. [PubMed: 23949359]

22. Franjic K, Cowan ML, Kraemer D, Miller RJ. Laser selective cutting of biological tissues by impulsive heat deposition through ultrafast vibrational excitations. Opt Express. 2009 Dec 7;17(25):22937-59. [PubMed: 20052221]
23. Franjic K, Miller D. Vibrationally excited ultrafast thermodynamic phase transitions at the water/air interface. Phys Chem. Chem. Phys. 2010;12(20):5225-39. [PubMed: 20431828]
24. Kwiatkowski M, Wurlitzer M, Krutilin A, Kiani P, Nimer R, Omid M. Homogenization of tissues via picosecond-infrared laser (PIRL) ablation: Giving a closer view on the in-vivo composition of protein species as compared to mechanical homogenization. J Proteomics. 2016 Feb 16;134:193-202 [PubMed: 26778141]
25. Pääkkönen V, Tjäderhane L. High-throughput gene and protein expression analysis in pulp biologic research: review. J Endod. 2010 Feb;36(2):179-89. [PubMed: 20113773]
26. Jágr M, Eckhardt A, Pataridis S, Broukal Z, Dušková J, Mikšík I. Proteomics of human teeth and saliva. Physiol Res. 2014;63 (Suppl 1), S141-54. [PubMed: 24564654]
27. Pääkkönen V, Ohlmeier S, Bergmann U, Larmas M, Salo T, Tjäderhane L. Analysis of gene and protein expression in healthy and carious tooth pulp with cDNA microarray and two-dimensional gel electrophoresis. Eur J Oral Sci. 2005 Oct;113(5):369-79. [PubMed: 16202023]
28. Eckhardt A, Jágr M. Proteomic analysis of human tooth pulp: proteomics of human tooth. J Endod. 2014 Dec;40(12):1961-6. [PubMed: 25305236]
29. Eckhard U, Marino G, Abbey SR, Matthew I, Overall CM. TAILS N-terminomic and proteomic datasets of healthy human dental pulp. Data Brief. 2015 Oct 16; 5:542-8 [PubMed: 26587561]
30. PANTHER version 14: more genomes, a new PANTHER GO-slim and improvements in enrichment analysis tools.
Huaiyu Mi, Anushya Muruganujan, Dustin Ebert, Xiaosong Huang and Paul D. Thomas
Nucl. Acids Res. (2019) (Zugriff 2019)
31. BioVenn - a web application for the comparison and visualization of biological lists using area-proportional Venn diagrams
T. Hulsen, J. de Vlieg and W. Alkema, BMC Genomics 2008, 9 (1): 488 (Zugriff 2019)
32. UniProt: the universal protein knowledgebase; Nucleic Acids Res. 2017 45: D158D169, <https://www.uniprot.org/>

33. Koscielny G, An P, Carvalho-Silva D, Cham JA, Fumis L, Gasparyan R, Hasan S, Karamanis N, Maguire M, Papa E, Pierleoni A, Pignatelli M, Platt T, Rowland F, Wankar P, Bento AP, Burdett T, Fabregat A, Forbes S, Gaulton A, Gonzalez CY, Hermjakob H, Hersey A, Jupe S, Kafkas Ş, Keays M, Leroy C, Lopez FJ, Magarinos MP, Malone J, McEntyre J, Munoz-Pomer Fuentes A, O'Donovan C, Papatheodorou I, Parkinson H, Palka B, Paschall J, Petryszak R, Pratanwanich N, Sarntivijal S, Saunders G, Sidiropoulos K, Smith T, Sondka Z, Stegle O, Tang YA, Turner E, Vaughan B, Vrousitou O, Watkins X, Martin MJ, Sanseau P, Vamathevan J, Birney E, Barrett J, Dunham I. Open Targets: a platform for therapeutic target identification and validation. *Nucleic Acids Res.* 2017; 45(D1): D985-D994.
<https://www.targetvalidation.org/target/ENSG00000136155/associations>
34. The Human Protein Atlas, <https://www.proteinatlas.org/> (Zugriff 2019)
35. Ma D, Cui L, Gao J, Yan W, Liu Y, Xu S, Wu B. Proteomic analysis of mesenchymal stem cells from normal and deep carious dental pulp. *PLoS One.* 2014 May 8;9(5): e97026. [PubMed: 24809979]
36. Jäger M, Eckhardt A, Pataridis S, Foltán R, Myšák J, Mikšík I. Proteomic analysis of human tooth pulp proteomes - Comparison of caries-resistant and caries-susceptible persons. *J Proteomics.* 2016 Aug 11;145:127-136. Epub 2016 Apr 22. [PubMed: 27109349]
37. McClanahan SB, Turner DW, Kaminski EJ, Osetek EM, Heuer MA. Natural modifiers of the inflammatory process in the human dental pulp. *J Endod.* 1991 Dec;17(12):589-93. [PubMed: 1726472]
38. Telkoparan P, Erkek S, Yaman E, Alotaibi H, Bayık D, Tazebay UH. Coiled-coil domain containing protein 124 is a novel centrosome and midbody protein that interacts with the Ras-guanine nucleotide exchange factor 1B and is involved in cytokinesis. *PLoS One.* 2013 Jul 19;8(7):e69289. [PubMed: 23894443]
39. Zhang X, Jiang H, Gong Q, Fan C, Huang Y, Ling J. Expression of high mobility group box 1 in inflamed dental pulp and its chemotactic effect on dental pulp cells. *Biochem Biophys Res Commun.* 2014 Aug 8;450(4):1547-52. Epub 2014 Jul 11. [PubMed: 25019990]
40. Accorsi-Mendonça T, Silva EJ, Marcaccini AM, Gerlach RF, Duarte KM, Pardo AP, Line SR, Zaia AA. Evaluation of gelatinases, tissue inhibitor of matrix metalloproteinase-2, and myeloperoxidase protein in healthy and inflamed human dental pulp tissue. *J Endod.* 2013 Jul;39(7):879-82. 2013 Jan 21. [PubMed: 23791255]

41. Jeanneau C, Rufas P, Rombouts C, Giraud T, Dejou J, About I. Can Pulp Fibroblasts Kill Cariogenic Bacteria? Role of Complement Activation. J Dent Res. 2015 Dec;94(12):1765-72. Epub 2015 Oct 13. [PubMed: 26464397]
42. Shiotsuka M, Wada H, Kiyoshima T, Nagata K, Fujiwara H, Kihara M, Hasegawa K, Someya H, Takahashi I, Sakai H. The expression and function of thymosin beta 10 in tooth germ development. Int J Dev Biol. 2013;57(11-12):873-83. [PubMed: 24623079]
43. Hubbard MJ, McHugh NJ, Carne DL. Isolation of ERp29, a novel endoplasmic reticulum protein, from rat enamel cells. Evidence for a unique role in secretory-protein synthesis. Eur J Biochem. 2000 Apr;267(7):1945-57. [PubMed: 10727933]
44. Merametdjian L, Beck-Cormier S, Bon N, Couasnay G, Sourice S, Guicheux J, Gaucher C, Beck L. Expression of Phosphate Transporters during Dental Mineralization. J Dent Res. 2018 Feb;97(2):209-217. Epub 2017 Sep 11. [PubMed: 28892649]
45. Lee SI, Kim DS, Lee HJ, Cha HJ, Kim EC. The role of thymosin beta 4 on odontogenic differentiation in human dental pulp cells. PLoS One. 2013 Apr 17;8(4):e61960. Print 2013. [PubMed: 23613983]
46. Cai S, Zhang W, Chen W. PDGFR β (+)/c-kit(+) pulp cells are odontoblastic progenitors capable of producing dentin-like structure in vitro and in vivo. BMC Oral Health. 2016 Oct 28;16(1):113. [PubMed: 27793148]
47. Wei X, Liu L, Zhou X, Zhang F, Ling J. The effect of matrix extracellular phosphoglycoprotein and its downstream osteogenesis-related gene expression on the proliferation and differentiation of human dental pulp cells. J Endod. 2012 Mar;38(3):330-8. Epub 2011 Nov 23. [PubMed: 22341070]
48. Li Q, Yi B, Feng Z, Meng R, Tian C, Xu Q. FAM20C could be targeted by TET1 to promote odontoblastic differentiation potential of human dental pulp cells. Cell Prolif. 2018 Apr;51(2):e12426. Epub 2017 Dec 25. [PubMed: 29277934]
49. Hosoya A, Yukita A, Ninomiya T, Hiraga T, Yoshida K, Yoshida N, Kasahara E, Nakamura H. Localization of SUMOylation factors and Osterix in odontoblast lineage cells during dentin formation and regeneration. Histochem Cell Biol. 2013 Aug;140(2):201-11. Epub 2013 Jan 25. [PubMed: 23354182]
50. Zhang X, Ning T, Wang H, Xu S, Yu H, Luo X, Hao C, Wu B, Ma D. Stathmin regulates the proliferation and odontoblastic/osteogenic differentiation of human dental

pulp stem cells through Wnt/ β -catenin signaling pathway. J Proteomics. 2019 Jun 30;202:103364. Epub 2019 Apr 19. [PubMed: 31009804]

51. Krisp C, McKay MJ, Wolters DA, Molloy MP. Multidimensional protein identification technology-selected reaction monitoring improving detection and quantification for protein biomarker studies. Anal Chem. 2012 Feb 7;84(3):1592-600. [PubMed: 22224914]

8. Anhang

Tabelle 8.1 Auflistung der identifizierten Proteingruppen

	Protein IDs	Majority protein IDs	Proteinennamen	Gennamen	Anzahl der Proteine	Anzahl der Unique-Peptide
1	Q09666	Q09666	Neuroblast differentiation-associated protein AHNAK	AHNAK	1	83
2	Q15149; P58107	Q15149	Plectin	PLEC	2	82
3	CON__P02768-1; P02768	CON__P02768-1; P02768	Serum albumin	ALB	2	69
4	P12111	P12111	Collagen alpha-3(VI) chain	COL6A3	1	63
5	P21333	P21333	Filamin-A	FLNA	1	58
6	P08670; P17661	P08670	Vimentin	VIM	2	55
7	Q13813	Q13813	Spectrin alpha chain, non-erythrocytic 1	SPTAN1	1	50
8	P24821	P24821	Tenascin	TNC	1	50
9	P01024	P01024	Complement C3	C3	1	44
10	O75369	O75369	Filamin-B	FLNB	1	39
11	P02787	P02787	Serotransferrin	TF	1	39
12	P48681	P48681	Nestin	NES	1	37
13	Q02952	Q02952	A-kinase anchor protein 12	AKAP12	1	35
14	P01023; CON__ENSEMBL : ENSBTAP00000024146; P20742	P01023	Alpha-2-macroglobulin	A2M	3	32
15	Q01082; O15020	Q01082	Spectrin beta chain, non-erythrocytic 1	SPTBN1	2	27
16	P02751	P02751	Fibronectin	FN1	1	24
17	P35555	P35555	Fibrillin-1	FBN1	1	23

	Protein IDs	Majority protein IDs	Proteinennamen	Gennamen	Anzahl der Proteine	Anzahl der Unique-Peptide
18	P08603; Q02985	P08603	Complement factor H	CFH	2	23
19	P00450; CON__ENSEMBL : ENSBTAP000000 31900	P00450	Ceruloplasmin	CP	2	23
20	P08133	P08133	Annexin A6	ANXA6	1	23
21	P07355; A6NMY6	P07355; A6NMY6	Annexin A2	ANXA2; ANXA2P 2	2	22
22	P98160	P98160	Basement membrane-specific heparan sulfate proteoglycan core protein	HSPG2	1	22
23	P06576	P06576	ATP synthase subunit beta, mitochondrial	ATP5B	1	21
24	P02774; CON__Q3MHN5; CON__ENSEMBL : ENSBTAP000000 18229	P02774	Vitamin D-binding protein	GC	3	21
25	P02790	P02790	Hemopexin	HPX	1	20
26	P01009	P01009	Alpha-1-antitrypsin	SERPIN A1	1	20
27	P02647; CON__P15497	P02647	Apolipoprotein A-I	APOA1	2	20
28	P35580	P35580	Myosin-10	MYH10	1	20
29	P18206	P18206	Vinculin	VCL	1	19
30	Q15582	Q15582	Transforming growth factor-beta-induced protein ig-h3	TGFB1	1	19

	Protein IDs	Majority protein IDs	Proteinennamen	Gennamen	Anzahl der Proteine	Anzahl der Unique-Peptide
31	P02545	P02545	Prelamin-A/C	LMNA	1	19
32	CON__P04264; P04264; CON__ENSEMBL : ENSBTAP000000 38253	CON__P04264; P04264	Keratin, type II cytoskeletal 1	KRT1	3	19
33	P46821	P46821	Microtubule-associated protein 1B	MAP1B	1	18
34	P35579	P35579	Myosin-9	MYH9	1	18
35	Q00610; P53675	Q00610	Clathrin heavy chain 1	CLTC	2	18
36	P14618; P30613	P14618	Pyruvate kinase PKM	PKM	2	18
37	P04083	P04083	Annexin A1	ANXA1	1	18
38	Q9Y490	Q9Y490	Talin-1	TLN1	1	17
39	Q9BXM0	Q9BXM0	Periaxin	PRX	1	17
40	P12814; P35609; Q08043	P12814	Alpha-actinin-1	ACTN1	3	17
41	P01008; CON__P41361	P01008	Antithrombin-III	SERPIN C1	2	17
42	P08758	P08758	Annexin A5	ANXA5	1	17
43	P11021	P11021	78 kDa glucose-regulated protein	HSPA5	1	16
44	P13611	P13611	Versican core protein	VCAN	1	16
45	P00734; CON__P00735	P00734	Prothrombin	F2	2	16
46	O15061	O15061	Synemin	SYNM	1	15
47	P06727; CON__Q32PJ2	P06727	Apolipoprotein A-IV	APOA4	2	15
48	P19823; CON__Q9TRI1	P19823	Inter-alpha-trypsin inhibitor heavy chain H2	ITIH2	2	14
49	P30101	P30101	Protein disulfide-isomerase A3	PDIA3	1	14

	Protein IDs	Majority protein IDs	Proteinennamen	Gennamen	Anzahl der Proteine	Anzahl der Unique-Peptide
50	P12109	P12109	Collagen alpha-1(VI) chain	COL6A1	1	14
51	Q03252	Q03252	Lamin-B2	LMNB2	1	14
52	Q9Y6C2	Q9Y6C2	EMILIN-1	EMILIN1	1	13
53	P19827; CON__Q0VCM5	P19827	Inter-alpha-trypsin inhibitor heavy chain H1	ITIH1	2	13
54	P55072	P55072	Transitional endoplasmic reticulum ATPase	VCP	1	13
55	P01042	P01042	Kininogen-1	KNG1	1	13
56	CON__P13645; P13645; CON__P02535-1; CON__P08730-1; CON__Q7Z3Z0; CON__Q7Z3Y8; CON__Q148H6; CON__Q7Z3Y7; Q7Z3Z0; Q7Z3Y8; Q7Z3Y7	CON__P13645; P13645	Keratin, type I cytoskeletal 10	KRT10	11	13
57	P10809	P10809	60 kDa heat shock protein, mitochondrial	HSPD1	1	13
58	P25705	P25705	ATP synthase subunit alpha, mitochondrial	ATP5A1	1	13
59	P06396; CON__Q3SX14	P06396; CON__Q3SX14	Gelsolin	GSN	2	13
60	P27816	P27816	Microtubule-associated protein 4	MAP4	1	12
61	P22314	P22314	Ubiquitin-like modifier-activating enzyme 1	UBA1	1	12
62	P12110	P12110	Collagen alpha-2(VI) chain	COL6A2	1	12

	Protein IDs	Majority protein IDs	Proteinennamen	Gennamen	Anzahl der Proteine	Anzahl der Unique-Peptide
63	Q14624	Q14624	Inter-alpha-trypsin inhibitor heavy chain H4	ITIH4	1	12
64	Q15063; CON__Q2KJC7	Q15063; CON__Q2KJC7	Periostin	POSTN	2	12
65	P14625; Q58FF3	P14625	Endoplasmin	HSP90B1	2	12
66	P13797; P13796; Q14651	P13797	Plastin-3	PLS3	3	12
67	Q16555	Q16555	Dihydropyrimidinase-related protein 2	DPYSL2	1	12
68	P10909	P10909	Clusterin	CLU	1	12
69	P00738; P00739	P00738; P00739	Haptoglobin	HP; HPR	2	12
70	P26022	P26022	Pentraxin-related protein PTX3	PTX3	1	12
71	Q9Y6U3	Q9Y6U3	Adseverin	SCIN	1	12
72	O43707; Q9H254	O43707	Alpha-actinin-4	ACTN4	2	11
73	P08473	P08473	Neprilysin	MME	1	11
74	P11142	P11142	Heat shock cognate 71 kDa protein	HSPA8	1	11
75	P00352	P00352	Retinal dehydrogenase 1	ALDH1A1	1	11
76	P04217; CON__Q2KJF1	P04217	Alpha-1B-glycoprotein	A1BG	2	11
77	P02675; CON__P02676	P02675	Fibrinogen beta chain	FGB	2	11
78	P41219	P41219	Peripherin	PRPH	1	11
79	P06733; P13929	P06733	Alpha-enolase	ENO1	2	11
80	P36955; CON__Q95121	P36955	Pigment epithelium-derived factor	SERPINF1	2	11
81	P00558; P07205	P00558	Phosphoglycerate kinase 1	PGK1	2	11
82	P51884; CON__Q05443	P51884	Lumican	LUM	2	11

	Protein IDs	Majority protein IDs	Proteinennamen	Gennamen	Anzahl der Proteine	Anzahl der Unique-Peptide
83	Q96CX2; Q68DU8; Q6ZWB6	Q96CX2	BTB/POZ domain-containing protein KCTD12	KCTD12	3	11
84	P30041	P30041	Peroxioredoxin-6	PRDX6	1	11
85	P60174	P60174	Triosephosphate isomerase	TPI1	1	11
86	Q14204	Q14204	Cytoplasmic dynein 1 heavy chain 1	DYNC1H 1	1	10
87	P35556; Q75N90	P35556	Fibrillin-2	FBN2	2	10
88	P46940	P46940	Ras GTPase-activating-like protein IQGAP1	IQGAP1	1	10
89	P02452; CON__Q862S4	P02452	Collagen alpha-1(I) chain	COL1A1	2	10
90	P08123	P08123	Collagen alpha-2(I) chain	COL1A2	1	10
91	P55786; A6NEC2	P55786; A6NEC2	Puromycin-sensitive aminopeptidase	NPEPPS ; NPEPPS L1	2	10
92	Q05682	Q05682	Caldesmon	CALD1	1	10
93	P19338	P19338	Nucleolin	NCL	1	10
94	Q13228	Q13228	Selenium-binding protein 1	SELENB P1	1	10
95	Q15113	Q15113	Procollagen C-endopeptidase enhancer 1	PCOLCE	1	10
96	P01011	P01011	Alpha-1-antichymotrypsin	SERPIN A3	1	10
97	P21810	P21810	Biglycan	BGN	1	10
98	P10915	P10915	Hyaluronan and proteoglycan link protein 1	HAPLN1	1	10

	Protein IDs	Majority protein IDs	Proteinennamen	Gennamen	Anzahl der Proteine	Anzahl der Unique-Peptide
99	P02749; CON__P17690	P02749	Beta-2-glycoprotein 1	APOH	2	10
100	P09525	P09525	Annexin A4	ANXA4	1	10
101	P25311	P25311	Zinc-alpha-2-glycoprotein	AZGP1	1	10
102	P02766	P02766	Transthyretin	TTR	1	10
103	P05023; P13637; P50993; Q13733; P54707; P20648	P05023; P13637	Sodium/potassium-transporting ATPase subunit alpha-1	ATP1A1; ATP1A3	6	10
104	Q05707	Q05707	Collagen alpha-1(XIV) chain	COL14A1	1	9
105	P07197; Q16352	P07197	Neurofilament medium polypeptide	NEFM	2	9
106	P00747	P00747	Plasminogen	PLG	1	9
107	P00751	P00751	Complement factor B	CFB	1	9
108	P07900; Q14568; Q58FG0; Q58FG1	P07900	Heat shock protein HSP 90-alpha	HSP90A A1	4	9
109	Q07065	Q07065	Cytoskeleton-associated protein 4	CKAP4	1	9
110	P43652; CON__REFSEQ: XP_585019	P43652	Afamin	AFM	2	9
111	P07196	P07196	Neurofilament light polypeptide	NEFL	1	9
112	P07237	P07237	Protein disulfide-isomerase	P4HB	1	9
113	Q9BXN1	Q9BXN1	Asporin	ASPN	1	9
114	P04406	P04406	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase	GAPDH	1	9
115	P20774	P20774	Mimecan	OGN	1	9
116	P08865	P08865	40S ribosomal protein SA	RPSA	1	9
117	P21796	P21796	Voltage-dependent anion-selective channel protein 1	VDAC1	1	9
118	P37802; Q9UI15	P37802	Transgelin-2	TAGLN2	2	9

	Protein IDs	Majority protein IDs	Proteinennamen	Gennamen	Anzahl der Proteine	Anzahl der Unique-Peptide
119	P08107; P48741	P08107	Heat shock 70 kDa protein 1A	HSPA1A	2	8
120	Q07954	Q07954	Prolow-density lipoprotein receptor-related protein 1	LRP1	1	8
121	P55268	P55268	Laminin subunit beta-2	LAMB2	1	8
122	Q14697	Q14697	Neutral alpha-glucosidase AB	GANAB	1	8
123	P06737; P11217	P06737	Glycogen phosphorylase, liver form	PYGL	2	8
124	CON__P35527; P35527	CON__P35527; P35527	Keratin, type I cytoskeletal 9	KRT9	2	8
125	P49419	P49419	Alpha-aminoadipic semialdehyde dehydrogenase 1	ALDH7A1	1	8
126	P78371	P78371	T-complex protein 1 subunit beta	CCT2	1	8
127	P04196	P04196	Histidine-rich glycoprotein	HRG	1	8
128	P28838	P28838	Cytosol aminopeptidase	LAP3	1	8
129	P05155; CON__P50448	P05155	Plasma protease C1 inhibitor	SERPIN G1	2	8
130	Q6UWY5	Q6UWY5	Olfactomedin-like protein 1	OLFML1	1	8
131	P04075	P04075	Fructose-bisphosphate aldolase A	ALDOA	1	8
132	P07585	P07585	Decorin	DCN	1	8
133	P22626	P22626	Heterogeneous nuclear ribonucleoproteins A2/B1	HNRNP A2B1	1	8
134	P40926	P40926	Malate dehydrogenase, mitochondrial	MDH2	1	8
135	P09211	P09211	Glutathione S-transferase P	GSTP1	1	8
136	Q06830	Q06830	Peroxisomal oxidoreductin-1	PRDX1	1	8
137	P62937; Q9Y536; F5H284	P62937	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase A	PPIA	3	8
138	P68871	P68871	Hemoglobin subunit beta	HBB	1	8
139	P09382	P09382	Galectin-1	LGALS1	1	8
140	P01834	P01834	Ig kappa chain C region	IGKC	1	8

	Protein IDs	Majority protein IDs	Proteinennamen	Gennamen	Anzahl der Proteine	Anzahl der Unique-Peptide
141	P62805	P62805	Histone H4	HIST1H4A	1	8
142	Q9UBG0	Q9UBG0	C-type mannose receptor 2	MRC2	1	7
143	P14543	P14543	Nidogen-1	NID1	1	7
144	P98095	P98095	Fibulin-2	FBLN2	1	7
145	P02671; CON__P02672	P02671	Fibrinogen alpha chain	FGA	2	7
146	P05556	P05556	Integrin beta-1	ITGB1	1	7
147	P17858; Q01813	P17858	ATP-dependent 6-phosphofructokinase, liver type	PFKL	2	7
148	Q08380	Q08380	Galectin-3-binding protein	LGALS3BP	1	7
149	P02748; CON__Q3MHN2	P02748	Complement component C9	C9	2	7
150	P49368	P49368	T-complex protein 1 subunit gamma	CCT3	1	7
151	P04040	P04040	Catalase	CAT	1	7
152	P05091	P05091	Aldehyde dehydrogenase, mitochondrial	ALDH2	1	7
153	P01019	P01019	Angiotensinogen	AGT	1	7
154	P61978	P61978	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein K	HNRNP K	1	7
155	P02679	P02679	Fibrinogen gamma chain	FGG	1	7
156	Q13561	Q13561	Dynactin subunit 2	DCTN2	1	7
157	P51888	P51888	Prolargin	PRELP	1	7
158	P09493	P09493	Tropomyosin alpha-1 chain	TPM1	1	7
159	P35232	P35232	Prohibitin	PHB	1	7
160	O95336	O95336	6-phosphogluconolactonase	PGLS	1	7
161	Q06323	Q06323	Proteasome activator complex subunit 1	PSME1	1	7
162	P60660; P14649	P60660	Myosin light polypeptide 6	MYL6	2	7
163	P62158; P27482	P62158	Calmodulin	CALM1	2	7

	Protein IDs	Majority protein IDs	Proteinennamen	Gennamen	Anzahl der Proteine	Anzahl der Unique-Peptide
164	O43491	O43491	Band 4 1-like protein 2			7
165	Q9NZM1	Q9NZM1	Myoferlin	MYOF	1	7
166	Q14195; Q14117	Q14195	Dihydropyrimidinase-related protein 3	DPYSL3	2	6
167	P38646	P38646	Stress-70 protein, mitochondrial	HSPA9	1	6
168	Q6EMK4	Q6EMK4	Vasorin	VASN	1	6
169	CON__P35908; P35908; CON__Q9R0H5; CON__Q6NXH9; CON__Q6IFZ6; CON__Q7Z794; Q7Z794	CON__P35908; P35908	Keratin, type II cytoskeletal 2 epidermal	KRT2	7	6
170	P54652	P54652	Heat shock-related 70 kDa protein 2	HSPA2	1	6
171	O75083	O75083	WD repeat-containing protein 1	WDR1	1	6
172	P31939	P31939	Bifunctional purine biosynthesis protein PURH	ATIC	1	6
173	P36269	P36269	Gamma-glutamyltransferase 5	GGT5	1	6
174	P05156; CON__Q32PI4	P05156	Complement factor I	CFI	2	6
175	P36871	P36871	Phosphoglucomutase-1	PGM1	1	6
176	P14314	P14314	Glucosidase 2 subunit beta	PRKCSH	1	6
177	P49189	P49189	4-trimethylaminobutyraldehyde dehydrogenase	ALDH9A1	1	6
178	Q16658	Q16658	Fascin	FSCN1	1	6
179	Q96KP4	Q96KP4	Cytosolic non-specific dipeptidase	CNDP2	1	6
180	Q5VTE0; P68104; Q05639	Q5VTE0; P68104; Q05639	Putative elongation factor 1-alpha-like 3	EEF1A1P5;	3	6

Protein IDs		Majority protein IDs	Proteinennamen	Gennamen	Anzahl der Proteine	Anzahl der Unique-Peptide
181	Q15084	Q15084	Protein disulfide-isomerase A6	EEF1A1; EEF1A2 PDIA6	1	6
182	P27797	P27797	Calreticulin	CALR	1	6
183	Q9NRN5	Q9NRN5	Olfactomedin-like protein 3	OLFML3	1	6
184	P35237	P35237	Serpin B6	SERPIN B6	1	6
185	P09972	P09972	Fructose-bisphosphate aldolase C	ALDOC	1	6
186	P02760	P02760	Protein AMBP	AMBP	1	6
187	P40925	P40925	Malate dehydrogenase, cytoplasmic	MDH1	1	6
188	P00338	P00338	L-lactate dehydrogenase A chain	LDHA	1	6
189	P01857	P01857	Ig gamma-1 chain C region	IGHG1	1	6
190	Q15417	Q15417	Calponin-3	CNN3	1	6
191	O00151	O00151	PDZ and LIM domain protein 1	PDLIM1	1	6
192	P02652	P02652	Apolipoprotein A-II	APOA2	1	6
193	P17931	P17931	Galectin-3	LGALS3	1	6
194	P25189	P25189	Myelin protein P0	MPZ	1	6
195	P22352	P22352	Glutathione peroxidase 3	GPX3	1	6
196	P21266	P21266	Glutathione S-transferase Mu 3	GSTM3	1	6
197	P30044	P30044	Peroxisredoxin-5, mitochondrial	PRDX5	1	6
198	P51149	P51149	Ras-related protein Rab-7a	RAB7A	1	6
199	P07203	P07203	Glutathione peroxidase 1	GPX1	1	6
200	P02763	P02763	Alpha-1-acid glycoprotein 1	ORM1	1	6
201	P30626	P30626	Sorcin	SRI	1	6
202	P30086	P30086	Phosphatidylethanolamine-binding protein 1	PEBP1	1	6

	Protein IDs	Majority protein IDs	Proteinennamen	Gennamen	Anzahl der Proteine	Anzahl der Unique-Peptide
203	P02042; CON__P02070; P02100	P02042	Hemoglobin subunit delta	HBD	3	6
204	P07737; CON__P02584	P07737	Profilin-1	PFN1	2	6
205	P29762	P29762	Cellular retinoic acid-binding protein 1	CRABP1	1	6
206	P00915	P00915	Carbonic anhydrase 1	CA1	1	6
207	Q01518; P40123	Q01518	Adenylyl cyclase-associated protein 1	CAP1	2	6
208	P50395	P50395	Rab GDP dissociation inhibitor beta	GDI2	1	6
209	O60664	O60664	Perilipin-3	PLIN3	1	6
210	Q32P51; P09651	Q32P51; P09651	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein A1-like 2	HNRNP A1L2; HNRNP A1	2	6
211	P29692	P29692	Elongation factor 1-delta	EEF1D	1	6
212	P11047	P11047	Laminin subunit gamma-1	LAMC1	1	5
213	Q14112	Q14112	Nidogen-2	NID2	1	5
214	Q2UY09	Q2UY09	Collagen alpha-1(XXVIII) chain	COL28A1	1	5
215	Q9BXX0	Q9BXX0	EMILIN-2	EMILIN2	1	5
216	P13639	P13639	Elongation factor 2	EEF2	1	5
217	Q96QK1	Q96QK1	Vacuolar protein sorting-associated protein 35	VPS35	1	5
218	P07384	P07384	Calpain-1 catalytic subunit	CAPN1	1	5
219	Q92945	Q92945	Far upstream element-binding protein 2	KHSRP	1	5
220	Q16822	Q16822	Phosphoenolpyruvate carboxykinase [GTP], mitochondrial	PCK2	1	5
221	P12956	P12956	X-ray repair cross-complementing protein 6	XRCC6	1	5

	Protein IDs	Majority protein IDs	Proteinennamen	Gennamen	Anzahl der Proteine	Anzahl der Unique-Peptide
222	P04843	P04843	Dolichyl-diphosphooligosaccharide--protein glycosyltransferase subunit 1	RPN1	1	5
223	Q96HC4	Q96HC4	PDZ and LIM domain protein 5	PDLIM5	1	5
224	Q9UHD8	Q9UHD8	Septin-9	SEPT9	1	5
225	Q96PD5; CON__ENSEMBL : ENSBTAP000000 16285	Q96PD5	N-acetylmuramoyl-L-alanine amidase	PGLYRP 2	2	5
226	P50990	P50990	T-complex protein 1 subunit theta	CCT8	1	5
227	P40227; Q92526	P40227	T-complex protein 1 subunit zeta	CCT6A	2	5
228	P05186	P05186	Alkaline phosphatase, tissue-nonspecific isozyme	ALPL	1	5
229	P47895	P47895	Aldehyde dehydrogenase family 1 member A3	ALDH1A 3	1	5
230	P20073	P20073	Annexin A7	ANXA7	1	5
231	P13489	P13489	Ribonuclease inhibitor	RNH1	1	5
232	P31150	P31150	Rab GDP dissociation inhibitor alpha	GDI1	1	5
233	P26641	P26641	Elongation factor 1-gamma	EEF1G	1	5
234	P23526	P23526	Adenosylhomocysteinase	AHCY	1	5
235	Q13838; O00148	Q13838; O00148	Spliceosome RNA helicase	DDX39B ; DDX39A	2	5
236	P36578	P36578	60S ribosomal protein L4	RPL4	1	5
237	P09543	P09543	2,3-cyclic-nucleotide 3-phosphodiesterase	CNP	1	5
238	P61158	P61158	Actin-related protein 3	ACTR3	1	5
239	P50454	P50454	Serpin H1	SERPIN H1	1	5

	Protein IDs	Majority protein IDs	Proteinennamen	Gennamen	Anzahl der Proteine	Anzahl der Unique-Peptide
240	P07339	P07339	Cathepsin D	CTSD	1	5
241	P08185	P08185	Corticosteroid-binding globulin	SERPIN	1	5
				A6		
242	Q99536	Q99536	Synaptic vesicle membrane protein	VAT1	1	5
			VAT-1 homolog			
243	P12277	P12277	Creatine kinase B-type	CKB	1	5
244	P02765	P02765	Alpha-2-HS-glycoprotein	AHSG	1	5
245	P16403	P16403	Histone H1	HIST1H1	2	5
				C		
246	P02750	P02750	Leucine-rich alpha-2-glycoprotein	LRG1	1	5
247	P62879; Q9HAV0	P62879; Q9HAV0	Guanine nucleotide-binding protein	GNB2;	2	5
			G(I)/G(S)/G(T) subunit beta-2	GNB4		
248	Q15293	Q15293	Reticulocalbin-1	RCN1	1	5
249	P01859	P01859	Ig gamma-2 chain C region	IGHG2	1	5
250	P14550	P14550	Alcohol dehydrogenase [NADP (+)]	AKR1A1	1	5
251	P63244	P63244	Guanine nucleotide-binding protein	GNB2L1	1	5
			subunit beta-2-like 1			
252	P05388; Q8NHW5	P05388; Q8NHW5	60S acidic ribosomal protein P0	RPLP0;	2	5
				RPLP0P		
				6		
253	P00387	P00387	NADH-cytochrome b5 reductase 3	CYB5R3	1	5
254	P45880	P45880	Voltage-dependent anion-selective	VDAC2	1	5
			channel protein 2			
255	O95865	O95865	N(G), N(G)-dimethylarginine	DDAH2	1	5
			dimethylaminohydrolase 2			
256	Q13162	Q13162	Peroxisomal oxidoreductase	PRDX4	1	5
257	P04632; Q96L46	P04632	Calpain small subunit 1	CAPNS1	2	5
258	Q99714	Q99714	3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase	HSD17B	1	5
			type-2	10		

	Protein IDs	Majority protein IDs	Proteinennamen	Gennamen	Anzahl der Proteine	Anzahl der Unique-Peptide
259	P62258	P62258	14-3-3 protein epsilon	YWHAE	1	5
260	P27348; Q04917; P61981; P31947	P27348	14-3-3 protein theta	YWHAQ	4	5
261	P23396	P23396	40S ribosomal protein S3	RPS3	1	5
262	P28066	P28066	Proteasome subunit alpha type-5	PSMA5	1	5
263	Q15907; P62491	Q15907; P62491	Ras-related protein Rab-11B	RAB11B; RAB11A	2	5
264	P62826	P62826	GTP-binding nuclear protein Ran	RAN	1	5
265	P04792	P04792	Heat shock protein beta-1	HSPB1	1	5
266	P52565	P52565	Rho GDP-dissociation inhibitor 1	ARHGDI A	1	5
267	Q07507	Q07507	Dermatopontin	DPT	1	5
268	P32119	P32119	Peroxiredoxin-2	PRDX2	1	5
269	O00264	O00264	Membrane-associated progesterone receptor component 1	PGRMC 1	1	5
270	Q99497	Q99497	Protein deglycase DJ-1	PARK7	1	5
271	P69905	P69905	Hemoglobin subunit alpha	HBA1	1	5
272	P10599	P10599	Thioredoxin	TXN	1	5
273	P07108	P07108	Acyl-CoA-binding protein	DBI	1	5
274	Q9Y2J2	Q9Y2J2	Band 4.1-like protein 3	EPB41L 3		5
275	P07195	P07195	L-lactate dehydrogenase B chain	LDHB	1	5
276	P04004; CON__Q3ZBS7	P04004	Vitronectin	VTN	2	5
277	P35611; P35612	P35611	Alpha-adducin	ADD1	2	5
278	P00390	P00390	Glutathione reductase, mitochondrial	GSR	1	5
279	P00367; P49448	P00367; P49448	Glutamate dehydrogenase 1, mitochondrial	GLUD1; GLUD2	2	5
280	Q15019	Q15019	Septin-2	SEPT2	1	5

	Protein IDs	Majority protein IDs	Proteinennamen	Gennamen	Anzahl der Proteine	Anzahl der Unique-Peptide
281	P07437; CON__ENSEMBL : ENSBTAP000000 25008; Q9H4B7	P07437	Tubulin beta chain	TUBB	3	4
282	O15230	O15230	Laminin subunit alpha-5	LAMA5	1	4
283	Q14980	Q14980	Nuclear mitotic apparatus protein 1	NUMA1	1	4
284	P35749	P35749	Myosin-11	MYH11	1	4
285	Q14203	Q14203	Dynactin subunit 1	DCTN1	1	4
286	Q86VP6	Q86VP6	Cullin-associated NEDD8-dissociated protein 1	CAND1	1	4
287	Q9NQC3	Q9NQC3	Reticulon-4	RTN4	1	4
288	P12036	P12036	Neurofilament heavy polypeptide	NEFH	1	4
289	Q9HC35	Q9HC35	Echinoderm microtubule-associated protein-like 4	EML4	1	4
290	P02730	P02730	Band 3 anion transport protein	SLC4A1	1	4
291	Q00839	Q00839	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein U	HNRNP U	1	4
292	P40939	P40939	Trifunctional enzyme subunit alpha, mitochondrial	HADHA	1	4
293	Q92841; P17844	Q92841	Probable ATP-dependent RNA helicase DDX17	DDX17	2	4
294	P08238; Q58FF7	P08238	Heat shock protein HSP 90-beta	HSP90A B1	2	4
295	P17655	P17655	Calpain-2 catalytic subunit	CAPN2	1	4
296	P29401	P29401	Transketolase	TKT	1	4
297	O75367	O75367	Core histone macro-H2A	H2AFY	1	4
298	P09960	P09960	Leukotriene A-4 hydrolase	LTA4H	1	4
299	P04003	P04003	C4b-binding protein alpha chain	C4BPA	1	4

	Protein IDs	Majority protein IDs	Proteinennamen	Gennamen	Anzahl der Proteine	Anzahl der Unique-Peptide
300	P27824	P27824	Calnexin	CANX	1	4
301	P30153	P30153	Serine/threonine-protein phosphatase 2A 65 kDa regulatory subunit A alpha isoform	PPP2R1A	1	4
302	P20700	P20700	Lamin-B1	LMNB1	1	4
303	P26038	P26038	Moesin	MSN	1	4
304	P21589	P21589	5-nucleotidase	NT5E	1	4
305	O14773	O14773	Tripeptidyl-peptidase 1	TPP1	1	4
306	P06744; CON__Q3ZBD7	P06744	Glucose-6-phosphate isomerase	GPI	2	4
307	P50991	P50991	T-complex protein 1 subunit delta	CCT4	1	4
308	P11413	P11413	Glucose-6-phosphate 1-dehydrogenase	G6PD	1	4
309	Q9UHG3	Q9UHG3	Prenylcysteine oxidase 1	PCYOX1	1	4
310	P05546	P05546	Heparin cofactor 2	SERPIN D1	1	4
311	P08697; CON__P28800	P08697	Alpha-2-antiplasmin	SERPIN F2	2	4
312	P51608	P51608	Methyl-CpG-binding protein 2	MECP2	1	4
313	Q02818	Q02818	Nucleobindin-1	NUCB1	1	4
314	P39656	P39656	Dolichyl-diphosphooligosaccharide--protein glycosyltransferase 48 kDa subunit	DDOST	1	4
315	P01871; P04220	P01871; P04220	Ig mu chain C region	IGHM	2	4
316	P09104	P09104	Gamma-enolase	ENO2	1	4
317	P00505	P00505	Aspartate aminotransferase, mitochondrial	GOT2	1	4
318	P29622	P29622	Kallistatin	SERPIN A4	1	4

	Protein IDs	Majority protein IDs	Proteinennamen	Gennamen	Anzahl der Proteine	Anzahl der Unique-Peptide
319	O00231	O00231	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 11	PSMD11	1	4
320	Q99983	Q99983	Osteomodulin	OMD	1	4
321	P05543; CON__Q9TT36	P05543; CON__Q9TT36	Thyroxine-binding globulin	SERPIN A7	2	4
322	Q9BS26	Q9BS26	Endoplasmic reticulum resident protein 44	ERP44	1	4
323	P05154	P05154	Plasma serine protease inhibitor	SERPIN A5	1	4
324	P10644	P10644	cAMP-dependent protein kinase type I- alpha regulatory subunit	PRKAR1 A	1	4
325	P51991	P51991	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein A3	HNRNP A3	1	4
326	P11766	P11766	Alcohol dehydrogenase class-3	ADH5	1	4
327	Q9UNZ2	Q9UNZ2	NSFL1 cofactor p47	NSFL1C	1	4
328	P11177	P11177	Pyruvate dehydrogenase E1 component subunit beta, mitochondrial	PDHB	1	4
329	P27169	P27169	Serum paraoxonase/arylesterase 1	PON1	1	4
330	P37837	P37837	Transaldolase	TALDO1	1	4
331	Q08257	Q08257	Quinone oxidoreductase	CRYZ	1	4
332	P68371; P04350; A6NNZ2	P68371; P04350	Tubulin beta-4B chain	TUBB4B ; TUBB4A	3	4
333	O43852	O43852	Calumenin	CALU	1	4
334	Q99623	Q99623	Prohibitin-2	PHB2	1	4
335	P12236; P12235; P05141; Q9H0C2	P12236; P12235; P05141	ADP/ATP translocase 3	SLC25A 6; SLC25A 4;	4	4

	Protein IDs	Majority protein IDs	Proteinennamen	Gennamen	Anzahl der Proteine	Anzahl der Unique-Peptide
				SLC25A5		
336	P30048	P30048	Thioredoxin-dependent peroxide reductase, mitochondrial	PRDX3	1	4
337	O14818; Q8TAA3	O14818; Q8TAA3	Proteasome subunit alpha type-7	PSMA7; PSMA8	2	4
338	P67936	P67936	Tropomyosin alpha-4 chain	TPM4	1	4
339	P60900	P60900	Proteasome subunit alpha type-6	PSMA6	1	4
340	P63104	P63104	14-3-3 protein zeta/delta	YWHAZ	1	4
341	O00299	O00299	Chloride intracellular channel protein 1	CLIC1	1	4
342	O15173	O15173	Membrane-associated progesterone receptor component 2	PGRMC2	1	4
343	P28161	P28161	Glutathione S-transferase Mu 2	GSTM2	1	4
344	P23284	P23284	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase B	PPIB	1	4
345	P09429; B2RPK0; P26583	P09429; B2RPK0	High mobility group protein B1	HMGB1; HMGB1 P1	3	4
346	P62241	P62241	40S ribosomal protein S8	RPS8	1	4
347	P05452; CON__Q2KIS7	P05452; CON__Q2KIS7	Tetranectin	CLEC3B	2	4
348	P02753	P02753	Retinol-binding protein 4	RBP4	1	4
349	P19652	P19652	Alpha-1-acid glycoprotein 2	ORM2	1	4
350	Q13938	Q13938	Calcyphosin	CAPS	1	4
351	Q04760	Q04760	Lactoylglutathione lyase	GLO1	1	4
352	P62834; P61224; A6NIZ1	P62834; P61224; A6NIZ1	Ras-related protein Rap-1A	RAP1A; RAP1B	3	4
353	P02794	P02794	Ferritin heavy chain	FTH1	1	4
354	P02792	P02792	Ferritin light chain	FTL	1	4
355	P02511	P02511	Alpha-crystallin B chain	CRYAB	1	4

	Protein IDs	Majority protein IDs	Proteinennamen	Gennamen	Anzahl der Proteine	Anzahl der Unique-Peptide
356	P59998	P59998	Actin-related protein 2/3 complex subunit 4	ARPC4	1	4
357	P23528	P23528	Cofilin-1	CFL1	1	4
358	P00441	P00441	Superoxide dismutase [Cu-Zn]	SOD1	1	4
359	P22392; P15531; O60361	P22392; P15531; O60361	Nucleoside diphosphate kinase B	NME2; NME1; NME2P1	3	4
360	P62277	P62277	40S ribosomal protein S13	RPS13	1	4
361	P62249	P62249	40S ribosomal protein S16	RPS16	1	4
362	P09455	P09455	Retinol-binding protein 1	RBP1	1	4
363	Q15121	Q15121	Astrocytic phosphoprotein PEA-15	PEA15	1	4
364	P01625; P06312; P06313; P83593	P01625; P06312; P06313; P06314	Ig kappa chain V-IV region Len	IGKV4-1	5	4
365	O75368	O75368	SH3 domain-binding glutamic acid-rich-like protein	SH3BGR L	1	4
366	P61604	P61604	10 kDa heat shock protein, mitochondrial	HSPE1	1	4
367	P02656	P02656	Apolipoprotein C-III	APOC3	1	4
368	P12429	P12429	Annexin A3	ANXA3	1	4
369	P47756	P47756	F-actin-capping protein subunit beta	CAPZB	1	4
370	P04275	P04275	von Willebrand factor, von Willebrand antigen 2	VWF	1	3
371	P02549	P02549	Spectrin alpha chain, erythrocytic 1	SPTA1	1	3
372	O00468	O00468	Agrin	AGRN	1	3
373	P16144	P16144	Integrin beta-4	ITGB4	1	3
374	Q07157	Q07157	Tight junction protein ZO-1	TJP1	1	3
375	Q9HBL0; Q63HR2; Q68CZ2	Q9HBL0	Tensin-1	TNS1	3	3

	Protein IDs	Majority protein IDs	Proteinennamen	Gennamen	Anzahl der Proteine	Anzahl der Unique-Peptide
376	P08572	P08572	Collagen alpha-2(IV) chain	COL4A2	1	3
377	P12821	P12821	Angiotensin-converting enzyme	ACE	1	3
378	Q9BSJ8	Q9BSJ8	Extended synaptotagmin-1	ESYT1	1	3
379	O94875	O94875	Serbin and SH3 domain-containing protein 2	SORBS2	1	3
380	Q9UPQ0	Q9UPQ0	LIM and calponin homology domains-containing protein 1	LIMCH1	1	3
381	Q96P44	Q96P44	Collagen alpha-1(XI) chain	COL21A1	1	3
382	P21399	P21399	Cytoplasmic aconitate hydratase	ACO1	1	3
383	P45974	P45974	Ubiquitin carboxyl-Terminal hydrolase 5	USP5	1	3
384	P10643; CON__Q29RQ1	P10643	Complement component C7	C7	2	3
385	Q13263	Q13263	Transcription intermediary factor 1-beta	TRIM28	1	3
386	Q16891	Q16891	MICOS complex subunit MIC60	IMMT	1	3
387	P42224	P42224	Signal transducer and activator of transcription 1-alpha/beta	STAT1	1	3
388	P52272	P52272	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein M	HNRNP M	1	3
389	P23246	P23246	Splicing factor, proline- and glutamine-rich	SFPQ	1	3
390	Q9UEY8	Q9UEY8	Gamma-adducin	ADD3	1	3
391	P00736	P00736	Complement C1r subcomponent	C1R	1	3
392	P23142; CON__ENSEMBL : ENSBTAP000000 16046	P23142	Fibulin-1	FBLN1	2	3
393	P09871	P09871	Complement C1s subcomponent	C1S	1	3

	Protein IDs	Majority protein IDs	Proteinennamen	Gennamen	Anzahl der Proteine	Anzahl der Unique-Peptide
394	P21980	P21980	Protein-glutamine gamma-glutamyltransferase 2	TGM2	1	3
395	O43301	O43301	Heat shock 70 kDa protein 12A	HSPA12A	1	3
396	P20591; P20592	P20591; P20592	Interferon-induced GTP-binding protein Mx1	MX1; MX2	2	3
397	Q16643	Q16643	Drebrin	DBN1	1	3
398	P13667	P13667	Protein disulfide-isomerase A4	PDIA4	1	3
399	P35858	P35858	Insulin-like growth factor-binding protein complex acid labile subunit	IGFALS	1	3
400	P35241	P35241	Radixin	RDX	1	3
401	Q5SSJ5	Q5SSJ5	Heterochromatin protein 1-binding protein 3	HP1BP3	1	3
402	Q14247	Q14247	Src substrate cortactin	CTTN	1	3
403	P48643	P48643	T-complex protein 1 subunit epsilon	CCT5	1	3
404	Q9H223	Q9H223	EH domain-containing protein 4	EHD4	1	3
405	Q99829	Q99829	Copine-1	CPNE1	1	3
406	O43175	O43175	D-3-phosphoglycerate dehydrogenase	PHGDH	1	3
407	P07602	P07602	Prosaposin	PSAP	1	3
408	Q08209; P16298; P48454	Q08209; P16298	Serine/threonine-protein phosphatase 2B catalytic subunit alpha isoform	PPP3CA; PPP3CB	3	3
409	O60749; Q13596	O60749; Q13596	Sorting nexin-2	SNX2; SNX1	2	3
410	P50995	P50995	Annexin A11	ANXA11	1	3
411	O60701	O60701	UDP-glucose 6-dehydrogenase	UGDH	1	3
412	P19971	P19971	Thymidine phosphorylase	TYMP	1	3
413	Q14108	Q14108	Lysosome membrane protein 2	SCARB2	1	3

	Protein IDs	Majority protein IDs	Proteinennamen	Gennamen	Anzahl der Proteine	Anzahl der Unique-Peptide
414	CON__P02533; P02533; CON__Q6IFX2; CON__P19012; P19012; CON__Q61782; CON__P08727; CON__P19001; CON__Q04695; CON__Q9QWL7; CON__A2A4G1; P08727; Q04695	CON__P02533; P02533; CON__Q6IFX2	Keratin, type I cytoskeletal	14 KRT14	13	3
415	Q9Y230	Q9Y230	RuvB-like 2	RUVBL2	1	3
416	P36957	P36957	Dihydrolipoyllysine-residue succinyltransferase component of 2-oxoglutarate dehydrogenase complex, mitochondrial	DLST	1	3
417	P22695	P22695	Cytochrome b-c1 complex subunit 2, mitochondrial	UQCRC2	1	3
418	P68366	P68366	Tubulin alpha-4A chain	TUBA4A	1	3
419	Q9NVA2; Q14141; Q92599	Q9NVA2; Q14141	Septin-11	SEPT11; SEPT6	3	3
420	Q09028; Q16576	Q09028; Q16576	Histone-binding protein	RBBP4; RBBP7	2	3
421	P17174	P17174	Aspartate aminotransferase, cytoplasmic	GOT1	1	3
422	P13473	P13473	Lysosome-associated membrane glycoprotein 2	LAMP2	1	3
423	P05455	P05455	Lupus La protein	SSB	1	3

	Protein IDs	Majority protein IDs	Proteinennamen	Gennamen	Anzahl der Proteine	Anzahl der Unique-Peptide
424	P13861	P13861	cAMP-dependent protein kinase type II- alpha regulatory subunit	PRKAR2 A	1	3
425	P55209	P55209	Nucleosome assembly protein 1-like 1	NAP1L1	1	3
426	P01860	P01860	Ig gamma-3 chain C region	IGHG3	1	3
427	P61163; P42025	P61163	Alpha-centractin	ACTR1A	2	3
428	Q9UN36	Q9UN36	Protein NDRG2	NDRG2	1	3
429	O43488; Q8NHP1	O43488	Aflatoxin B1 aldehyde reductase member 2	AKR7A2	2	3
430	Q14103	Q14103	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein D0	HNRNP D	1	3
431	Q9UBP4	Q9UBP4	Dickkopf-related protein 3	DKK3	1	3
432	P07858	P07858	Cathepsin B	CTSB	1	3
433	P29966	P29966	Myristoylated alanine-rich C-kinase substrate	MARCK S	1	3
434	P13716	P13716	Delta-aminolevulinic acid dehydratase	ALAD	1	3
435	P62140; P36873; P62140 P62136	P62140	Serine/threonine-protein phosphatase PP1-beta catalytic subunit	PPP1CB	3	3
436	Q13642	Q13642	Four and a half LIM domains protein 1	FHL1	1	3
437	P02649	P02649	Apolipoprotein E	APOE	1	3
438	P07910; O60812; P07910 B2RXH8	P07910	Heterogeneous nuclear ribonucleoproteins C1/C2	HNRNP C	3	3
439	O15144	O15144	Actin-related protein 2/3 complex subunit 2	ARPC2	1	3
440	Q01105; P0DME0	Q01105; P0DME0	Protein SET	SET; SETSIP	2	3
441	Q92629	Q92629	Delta-sarcoglycan	SGCD	1	3
442	Q8NCW5	Q8NCW5	NAD(P)H-hydrate epimerase	APOA1B P	1	3
443	P47755	P47755	F-actin-capping protein subunit alpha-2	CAPZA2	1	3

	Protein IDs	Majority protein IDs	Proteinennamen	Gennamen	Anzahl der Proteine	Anzahl der Unique-Peptide
444	Q4V9L6	Q4V9L6	Transmembrane protein 119	TMEM119	1	3
445	P10768	P10768	S-formylglutathione hydrolase	ESD	1	3
446	P54709	P54709	Sodium/potassium-transporting ATPase subunit beta-3	ATP1B3	1	3
447	P16152	P16152	Carbonyl reductase [NADPH] 1	CBR1	1	3
448	P29218	P29218	Inositol monophosphatase 1	IMPA1	1	3
449	P30040	P30040	Endoplasmic reticulum resident protein 29	ERP29	1	3
450	P00918	P00918	Carbonic anhydrase 2	CA2	1	3
451	P38117	P38117	Electron transfer flavoprotein subunit beta	ETFB	1	3
452	P25788	P25788	Proteasome subunit alpha type-3	PSMA3	1	3
453	Q9Y224	Q9Y224	UPF0568 protein C14orf166	C14orf166	1	3
454	P78417	P78417	Glutathione S-transferase omega-1	GSTO1	1	3
455	P20618	P20618	Proteasome subunit beta type-1	PSMB1	1	3
456	Q8IZP2; Q8NFI4	P50502; Q8IZP2; Q8NFI4	Putative protein FAM10A4	ST13P4; ST13; ST13P5	3	3
457	P22061	P22061	Protein-L-isoaspartate(D-aspartate) O-methyltransferase	PCMT1	1	3
458	P02743	P02743	Serum amyloid P-component	APCS	1	3
459	P09936	P09936	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase isozyme L1	UCHL1	1	3
460	P61019; Q8WUD1	P61019; Q8WUD1	Ras-related protein Rab-2A	RAB2A; RAB2B	2	3
461	P26373	P26373	60S ribosomal protein L13	RPL13	1	3

	Protein IDs	Majority protein IDs	Proteinennamen	Gennamen	Anzahl der Proteine	Anzahl der Unique-Peptide
462	Q96IU4	Q96IU4	Alpha/beta hydrolase domain-containing protein 14B	ABHD14B	1	3
463	P30043	P30043	Flavin reductase (NADPH)	BLVRB	1	3
464	Q9Y5Z4	Q9Y5Z4	Heme-binding protein 2	HEBP2	1	3
465	P00568; Q9Y6K8	P00568	Adenylate kinase isoenzyme 1	AK1	2	3
466	P63000; P60763; P15153	P63000; P60763; P15153	Ras-related C3 botulinum toxin substrate 1	RAC1; RAC3; RAC2	3	3
467	P60953	P60953	Cell division control protein 42 homolog	CDC42	1	3
468	P05090	P05090	Apolipoprotein D	APOD	1	3
469	Q07020	Q07020	60S ribosomal protein L18	RPL18	1	3
470	O75935	O75935	Dynactin subunit 3	DCTN3	1	3
471	P18621	P18621	60S ribosomal protein L17	RPL17	1	3
472	P07741	P07741	Adenine phosphoribosyltransferase	APRT	1	3
473	O15145	O15145	Actin-related protein 2/3 complex subunit 3	ARPC3	1	3
474	O43598	O43598	2-deoxynucleoside 5-phosphate N-hydrolase 1	DNPH1	1	3
475	Q14011	Q14011	Cold-inducible RNA-binding protein	CIRBP	1	3
476	P21246	P21246	Pleiotrophin	PTN	1	3
477	Q9Y281	Q9Y281	Cofilin-2	CFL2	1	3
478	P60981	P60981	Destrin	DSTN	1	3
479	P30050	P30050	60S ribosomal protein L12	RPL12	1	3
480	P63208	P63208	S-phase kinase-associated protein 1	SKP1	1	3
481	P69892; P69891	P69892; P69891	Hemoglobin subunit gamma-2	HBG2; HBG1	2	3
482	P84243; Q71DI3; Q16695; P68431; Q6NXT2	P84243; Q71DI3; Q16695; P68431	Histone H3.3	H3F3A; HIST2H3A;	5	3

	Protein IDs	Majority protein IDs	Proteinennamen	Gennamen	Anzahl der Proteine	Anzahl der Unique-Peptide
				HIST3H3 ; HIST1H3 A		
483	P25398	P25398	40S ribosomal protein S12	RPS12	1	3
484	Q93077; Q7L7L0; P04908; Q99878; Q96KK5; Q9BTM1; Q16777; Q6FI13; P20671; P0C0S8; Q96QV6; P16104	Q93077; Q7L7L0; P04908; Q99878; Q96KK5; Q9BTM1; Q16777; Q6FI13; P20671; P0C0S8; Q96QV6; P16104	Histone H2A type 1-C	HIST1H2 AC; HIST3H2 A; HIST1H2 AB; HIST1H2 AJ; HIST1H2 AH; H2AFJ; HIST2H2 AC; HIST2H2 AA3; HIST1H2 AD; HIST1H2 AG; HIST1H2 AA; H2AFX	12	3
485	P13987	P13987	CD59 glycoprotein	CD59	1	3
486	P61970	P61970	Nuclear transport factor 2	NUTF2	1	3

	Protein IDs	Majority protein IDs	Proteinennamen	Gennamen	Anzahl der Proteine	Anzahl der Unique-Peptide
487	P30046; A6NHG4	P30046; A6NHG4	D-dopachrome decarboxylase	DDT; DDTL	2	3
488	Q15370	Q15370	Transcription elongation factor B polypeptide 2	TCEB2	1	3
489	P01781; P01782	P01781	Ig heavy chain V-III region GAL		2	3
490	P05387	P05387	60S acidic ribosomal protein P2	RPLP2	1	3
491	P01623; P01620; P04206; P01622; P18136; P18135	P01623; P01620; P04206; P01622; P18136; P18135	Ig kappa chain V-III region WOL		6	3
492	P04080	P04080	Cystatin-B	CSTB	1	3
493	Q9NP97; Q8TF09	Q9NP97; Q8TF09	Dynein light chain roadblock-type 1	DYNLRB 1; DYNLRB 2	2	3
494	P39060	P39060	Collagen alpha-1(XVIII) chain	COL18A 1	1	3
495	P49411	P49411	Elongation factor tu, mitochondrial	TUFM	1	3
496	P38159; Q96E39; O75526; Q8N7X1	P38159; Q96E39	RNA-binding motif protein, X chromosome	RBMX; RBMXL1	4	3
497	O94905; O75477	O94905	Erlin-2	ERLIN2	2	3
498	Q96AY3	Q96AY3	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase FKBP10	FKBP10	1	3
499	O75874	O75874	Isocitrate dehydrogenase [NADP] cytoplasmic	IDH1	1	3
500	P11277	P11277	Spectrin beta chain, erythrocytic	SPTB	1	3
501	P53621	P53621	Coatomer subunit alpha	COPA	1	3
502	O75746; Q9UJS0	O75746	Calcium-binding mitochondrial carrier protein Aralar1	SLC25A 12	2	3

	Protein IDs	Majority protein IDs	Proteinennamen	Gennamen	Anzahl der Proteine	Anzahl der Unique-Peptide
503	O75131; Q96FN4; Q8IYJ1; Q96A23; O95741; Q86YQ8; Q9HCH3; Q9UBL6	O75131		Copine-3 CPNE3	8	3
504	P06753	P06753	Tropomyosin alpha-3 chain	TPM3	1	3
505	O14737	O14737	Programmed cell death protein 5	PDCD5	1	2
506	REV__O14686	REV__O14686			1	2
507	Q9UIJ7	Q9UIJ7	GTP: AMP phosphotransferase AK3, mitochondrial	AK3	1	2
508	P22105; Q16473	P22105; Q16473	Tenascin-X	TNXB; TNXA	2	2
509	Q86UP3	Q86UP3	Zinc finger homeobox protein 4	ZFHX4	1	2
510	P46939	P46939	Utrophin	UTRN	1	2
511	Q9Y4G6	Q9Y4G6	Talin-2	TLN2	1	2
512	P16112	P16112	Aggrecan core protein	ACAN	1	2
513	Q6P2Q9	Q6P2Q9	Pre-mRNA-processing-splicing factor 8	PRPF8	1	2
514	E9PAV3; Q13765	E9PAV3; Q13765	Nascent polypeptide-associated complex subunit alpha, muscle-specific form	NACA	2	2
515	Q15746	Q15746	Myosin light chain kinase, smooth muscle	MYLK	1	2
516	P23468; Q13332	P23468; Q13332	Receptor-type tyrosine-protein phosphatase delta	PTPRD; PTPRS	2	2
517	Q16363	Q16363	Laminin subunit alpha-4	LAMA4	1	2
518	P0C0L4; CON__ENSEMBL : ENSBTAP000000	P0C0L4	Complement C4-A	C4A	3	2

	Protein IDs	Majority protein IDs	Proteinennamen	Gennamen	Anzahl der Proteine	Anzahl der Unique-Peptide
519	07350; CON__P01030 Q14766	Q14766	Latent-transforming growth factor beta-binding protein 1	LTBP1	1	2
520	P01031	P01031	Complement C5	C5	1	2
521	CON__P04258; P02461	CON__P04258; P02461	Collagen alpha-1(III) chain	COL3A1	2	2
522	Q9P2E9	Q9P2E9	Ribosome-binding protein 1	RRBP1	1	2
523	P39059	P39059	Collagen alpha-1(XV) chain	COL15A1	1	2
524	Q86UP2	Q86UP2	Kinectin	KTN1	1	2
525	Q9NZW4	Q9NZW4	Dentin sialophosphoprotein	DSPP	1	2
526	Q9BX66	Q9BX66	Serbin and SH3 domain-containing protein 1	SORBS1	1	2
527	Q27J81	Q27J81	Inverted formin-2	INF2	1	2
528	Q9P2R3	Q9P2R3	Rabankyrin-5	ANKFY1	1	2
529	P23229	P23229	Integrin alpha-6	ITGA6	1	2
530	P09619	P09619	Platelet-derived growth factor receptor beta	PDGFRB	1	2
531	P16615; O14983	P16615; O14983	Sarcoplasmic/endoplasmic reticulum calcium ATPase 2	ATP2A2; ATP2A1	2	2
532	O60716	O60716	Catenin delta-1	CTNND1	1	2
533	P15144	P15144	Aminopeptidase N	ANPEP	1	2
534	Q07075	Q07075	Glutamyl aminopeptidase	ENPEP	1	2
535	O60282; P33176; Q12840	O60282; P33176; Q12840	Kinesin heavy chain isoform 5C	KIF5C; KIF5B; KIF5A	3	2
536	Q9P2S6	Q9P2S6	Ankyrin repeat and MYND domain-containing protein 1	ANKMY1	1	2

	Protein IDs	Majority protein IDs	Proteinennamen	Gennamen	Anzahl der Proteine	Anzahl der Unique-Peptide
537	P11586	P11586	C-1-tetrahydrofolate synthase, cytoplasmic	MTHFD1	1	2
538	P35221	P35221	Catenin alpha-1	CTNNA1	1	2
539	P35606	P35606	Coatomer subunit beta	COPB2	1	2
540	Q14764	Q14764	Major vault protein	MVP	1	2
541	Q06033	Q06033	Inter-alpha-trypsin inhibitor heavy chain H3	ITIH3	1	2
542	P29590	P29590	Protein PML	PML	1	2
543	Q14974	Q14974	Importin subunit beta-1	KPNB1	1	2
544	Q8WUM4	Q8WUM4	Programmed cell death 6-interacting protein	PDCD6I P	1	2
545	P13591	P13591	Neural cell adhesion molecule 1	NCAM1	1	2
546	Q63ZY3	Q63ZY3	KN motif and ankyrin repeat domain-containing protein 2	KANK2	1	2
547	P11216	P11216	Glycogen phosphorylase, brain form	PYGB	1	2
548	P55287	P55287	Cadherin-11	CDH11	1	2
549	P35222	P35222	Catenin beta-1	CTNNB1	1	2
550	P08237	P08237	ATP-dependent 6-phosphofructokinase, muscle type	PFKM	1	2
551	P51178	P51178	1-phosphatidylinositol 4,5-bisphosphate phosphodiesterase delta-1	PLCD1	1	2
552	Q9C040	Q9C040	Tripartite motif-containing protein 2	TRIM2	1	2
553	P08582	P08582	Melanotransferrin	MFI2	1	2
554	Q32P28	Q32P28	Prolyl 3-hydroxylase 1	LEPRE1	1	2
555	P13798	P13798	Acylamino-acid-releasing enzyme	APEH	1	2
556	P48147	P48147	Prolyl endopeptidase	PREP	1	2
557	P20810	P20810	Calpastatin	CAST	1	2
558	P25067	P25067	Collagen alpha-2(VIII) chain	COL8A2	1	2
559	Q96AC1	Q96AC1	Fermitin family homolog 2	FERMT2	1	2

	Protein IDs	Majority protein IDs	Proteinennamen	Gennamen	Anzahl der Proteine	Anzahl der Unique-Peptide
560	P31040	P31040	Succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit, mitochondrial	SDHA	1	2
561	Q9H4A4	Q9H4A4	Aminopeptidase B	RNPEP	1	2
562	O95834	O95834	Echinoderm microtubule-associated protein-like 2	EML2	1	2
563	O43390	O43390	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein R	HNRNP R	1	2
564	P04844	P04844	Dolichyl-diphosphooligosaccharide--protein glycosyltransferase subunit 2	RPN2	1	2
565	P50895	P50895	Basal cell adhesion molecule	BCAM	1	2
566	Q9Y3Z3	Q9Y3Z3	Deoxynucleoside triphosphate triphosphohydrolase SAMHD1	SAMHD1	1	2
567	CON__P13647; P13647	CON__P13647; P13647	Keratin, type II cytoskeletal 5	KRT5	2	2
568	Q14699	Q14699	Raftlin	RFTN1	1	2
569	Q9NPH2	Q9NPH2	Inositol-3-phosphate synthase 1	ISYNA1	1	2
570	P17987	P17987	T-complex protein 1 subunit alpha	TCP1	1	2
571	Q99832	Q99832	T-complex protein 1 subunit eta	CCT7	1	2
572	P31948	P31948	Stress-induced-phosphoprotein 1	STIP1	1	2
573	Q16678	Q16678	Cytochrome P450 1B1	CYP1B1	1	2
574	Q16610	Q16610	Extracellular matrix protein 1	ECM1	1	2
575	P26599	P26599	Polypyrimidine tract-binding protein 1	PTBP1	1	2
576	O43865; Q96HN2	O43865; Q96HN2	Putative adenosylhomocysteinase 2	AHCYL1 ; AHCYL2	2	2
577	P35637; Q92804	P35637; Q92804	RNA-binding protein FUS	FUS; TAF15	2	2
578	Q8IZ40	Q8IZ40	REST corepressor 2	RCOR2	1	2

	Protein IDs	Majority protein IDs	Proteinennamen	Gennamen	Anzahl der Proteine	Anzahl der Unique-Peptide
579	O43172	O43172	U4/U6 small nuclear ribonucleoprotein Prp4	PRPF4	1	2
580	P48444	P48444	Coatomer subunit delta	ARCN1	1	2
581	P21281	P21281	V-type proton ATPase subunit B, brain isoform B2	ATP6V1	1	2
582	P07954	P07954	Fumarate hydratase, mitochondrial	FH	1	2
583	Q9Y285	Q9Y285	Phenylalanine--tRNA ligase alpha subunit	FARSA	1	2
584	Q96JB5	Q96JB5	CDK5 regulatory subunit-associated protein 3	CDK5RA	1	2
585	Q16401	Q16401	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 5	PSMD5	1	2
586	Q8NC56	Q8NC56	LEM domain-containing protein 2	LEMD2	1	2
587	P14868	P14868	Aspartate--tRNA ligase, cytoplasmic	DARS	1	2
588	P54578	P54578	Ubiquitin carboxyl-Terminal hydrolase 14	USP14	1	2
589	Q12805	Q12805	EGF-containing fibulin-like extracellular matrix protein 1	EFEMP1	1	2
590	P12955	P12955	Xaa-Pro dipeptidase	PEPD	1	2
591	P52209	P52209	6-phosphogluconate dehydrogenase, decarboxylating	PGD	1	2
592	P18428	P18428	Lipopolysaccharide-binding protein	LBP	1	2
593	P48637	P48637	Glutathione synthetase	GSS	1	2
594	P55084	P55084	Trifunctional enzyme subunit beta, mitochondrial	HADHB	1	2
595	CON__P08779; P08779	CON__P08779; P08779	Keratin, type I cytoskeletal 16	KRT16	2	2
596	Q9GZM7	Q9GZM7	Tubulointerstitial nephritis antigen-like 1	TINAGL1	1	2

	Protein IDs	Majority protein IDs	Proteinennamen	Gennamen	Anzahl der Proteine	Anzahl der Unique-Peptide
597	P00740	P00740	Coagulation factor IX	F9	1	2
598	Q9NR12	Q9NR12	PDZ and LIM domain protein 7	PDLIM7	1	2
599	P31943; P52597; P55795	P31943; P52597; P55795	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein H	HNRNP H1; HNRNP F; HNRNP H2	3	2
600	O95967	O95967	EGF-containing fibulin-like extracellular matrix protein 2	EFEMP2	1	2
601	Q8NBS9	Q8NBS9	Thioredoxin domain-containing protein 5	TXNDC5	1	2
602	Q9UJU6	Q9UJU6	Drebrin-like protein	DBNL	1	2
603	Q96FV2	Q96FV2	Secernin-2	SCRN2	1	2
604	Q96IY4	Q96IY4	Carboxypeptidase B2	CPB2	1	2
605	Q9BY77	Q9BY77	Polymerase delta-interacting protein 3	POLDIP3	1	2
606	P11310	P11310	Medium-chain specific acyl-CoA dehydrogenase, mitochondrial	ACADM	1	2
607	P43686	P43686	26S protease regulatory subunit 6B	PSMC4	1	2
608	P43034	P43034	Platelet-activating factor acetylhydrolase IB subunit alpha	PAFAH1B1	1	2
609	P54727	P54727	UV excision repair protein RAD23 homolog B	RAD23B	1	2
610	Q14240	Q14240	Eukaryotic initiation factor 4A-II	EIF4A2	1	2
611	P04278	P04278	Sex hormone-binding globulin	SHBG	1	2
612	Q92734	Q92734	Protein TFG	TFG	1	2
613	Q9BTV4	Q9BTV4	Transmembrane protein 43	TMEM43	1	2
614	O43813	O43813	LanC-like protein 1	LANCL1	1	2
615	Q9Y639	Q9Y639	Neuroplastin	NPTN	1	2

	Protein IDs	Majority protein IDs	Proteinennamen	Gennamen	Anzahl der Proteine	Anzahl der Unique-Peptide
616	P42765	P42765	3-ketoacyl-CoA thiolase, mitochondrial	ACAA2	1	2
617	Q13510	Q13510	Acid ceramidase	ASAH1	1	2
618	Q92597	Q92597	Protein NDRG1	NDRG1	1	2
619	Q9UQ80	Q9UQ80	Proliferation-associated protein 2G4	PA2G4	1	2
620	P63092; Q5JWF2	P63092; Q5JWF2	Guanine nucleotide-binding protein G(s) subunit alpha isoforms short	GNAS	2	2
621	P61160	P61160	Actin-related protein 2	ACTR2	1	2
622	P08559	P08559	Pyruvate dehydrogenase E1 component subunit alpha, somatic Form, mitochondrial	PDHA1	1	2
623	Q6NZI2	Q6NZI2	Polymerase I and transcript release factor	PTRF	1	2
624	Q12905	Q12905	Interleukin enhancer-binding factor 2	ILF2	1	2
625	Q9UGM5	Q9UGM5	Fetuin-B	FETUB	1	2
626	P30740; P50452; O75830	P30740	Leukocyte elastase inhibitor	SERPIN B1	3	2
627	P55036	P55036	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 4	PSMD4	1	2
628	P08571	P08571	Monocyte differentiation antigen CD14	CD14	1	2
629	P54725	P54725	UV excision repair protein RAD23 homolog A	RAD23A	1	2
630	Q00325	Q00325	Phosphate carrier protein, mitochondrial	SLC25A3	1	2
631	P28482	P28482	Mitogen-activated protein kinase 1	MAPK1	1	2
632	Q15257	Q15257	Serine/threonine-protein phosphatase 2A activator	PPP2R4	1	2
633	Q15365	Q15365	Poly(rC)-binding protein 1	PCBP1	1	2
634	Q9UJZ1	Q9UJZ1	Stomatin-like protein 2, mitochondrial	STOML2	1	2
635	P01876	P01876	Ig alpha-1 chain C region	IGHA1	1	2

Protein IDs		Majority protein IDs	Proteinennamen	Gennamen	Anzahl der Proteine	Anzahl der Unique-Peptide
636	O43681	O43681	ATPase ASNA1	ASNA1	1	2
637	P31942	P31942	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein H3	HNRNP H3	1	2
638	P62873	P62873	Guanine nucleotide-binding protein G(I)/G(S)/G(T) subunit beta-1	GNB1	1	2
639	P31937	P31937	3-hydroxyisobutyrate dehydrogenase, mitochondrial	HIBADH	1	2
640	Q16698	Q16698	2,4-dienoyl-CoA reductase, mitochondrial	DECR1	1	2
641	Q9H2U2	Q9H2U2	Inorganic pyrophosphatase 2, mitochondrial	PPA2	1	2
642	Q13011	Q13011	Delta (3,5) -Delta (2,4) -dienoyl-CoA isomerase, mitochondrial	ECH1	1	2
643	P01861	P01861	Ig gamma-4 chain C region	IGHG4	1	2
644	Q15717	Q15717	ELAV-like protein 1	ELAVL1	1	2
645	Q9Y240	Q9Y240	C-type lectin domain family 11 member A	CLEC11A	1	2
646	Q00577	Q00577	Transcriptional activator protein Pur-alpha	PURA	1	2
647	Q10588	Q10588	ADP-ribosyl cyclase/cyclic ADP-ribose hydrolase 2	BST1	1	2
648	P60891; P21108; P11908	P60891; P21108; P11908	Ribose-phosphate pyrophosphokinase 1	PRPS1; PRPS1L1; PRPS2	3	2
649	P15121	P15121	Aldose reductase	AKR1B1	1	2
650	Q9HC38	Q9HC38	Glyoxalase domain-containing protein 4	GLOD4	1	2
651	Q99747	Q99747	Gamma-soluble NSF attachment protein	NAPG	1	2

	Protein IDs	Majority protein IDs	Proteinennamen	Gennamen	Anzahl der Proteine	Anzahl der Unique-Peptide
652	Q99439	Q99439	Calponin-2	CNN2	1	2
653	Q86U42	Q86U42	Polyadenylate-binding protein 2	PABPN1	1	2
654	P46108	P46108	Adapter molecule crk	CRK	1	2
655	P02686	P02686	Myelin basic protein	MBP	1	2
656	Q9UBR2	Q9UBR2	Cathepsin Z	CTSZ	1	2
657	P05026	P05026	Sodium/potassium-transporting ATPase subunit beta-1	ATP1B1	1	2
658	P46777	P46777	60S ribosomal protein L5	RPL5	1	2
659	P15880	P15880	40S ribosomal protein S2	RPS2	1	2
660	P50135	P50135	Histamine N-methyltransferase	HNMT	1	2
661	P30084	P30084	Enoyl-CoA hydratase, mitochondrial	ECHS1	1	2
662	Q02878	Q02878	60S ribosomal protein L6	RPL6	1	2
663	P52907	P52907	F-actin-capping protein subunit alpha-1	CAPZA1	1	2
664	O94760	O94760	N(G), N(G)-dimethylarginine dimethylaminohydrolase 1	DDAH1	1	2
665	CON_Q3SX28; P07951	CON_Q3SX28; P07951	Tropomyosin beta chain	TPM2	2	2
666	Q13126	Q13126	S-methyl-5-thioadenosine phosphorylase	MTAP	1	2
667	Q07021	Q07021	Complement component 1 Q subcomponent-binding protein, mitochondrial	C1QBP	1	2
668	Q15404	Q15404	Ras suppressor protein 1	RSU1	1	2
669	Q9NQR4	Q9NQR4	Omega-amidase NIT2	NIT2	1	2
670	Q6BCY4	Q6BCY4	NADH-cytochrome b5 reductase 2	CYB5R2	1	2
671	P28062	P28062	Proteasome subunit beta type-8	PSMB8	1	2
672	Q96FW1	Q96FW1	Ubiquitin thioesterase OTUB1	OTUB1	1	2
673	P13761; Q9TQE0; Q30167; Q30154; Q9TQE0;	P13761; Q9TQE0;	HLA class II histocompatibility antigen, DRB1-7 beta chain	HLA-DRB1;	10	2

	Protein IDs	Majority protein IDs	Proteinennamen	Gennamen	Anzahl der Proteine	Anzahl der Unique-Peptide
	Q30134; Q29974; P79483; P20039; P13760; P04229	Q30167; Q30154; Q30134; Q29974; P79483; P20039; P13760; P04229		HLA-DRB5; HLA-DRB3		
674	O75489	O75489	NADH dehydrogenase [ubiquinone] iron-sulfur protein 3, mitochondrial	NDUFS3	1	2
675	P61247	P61247	40S ribosomal protein S3a	RPS3A	1	2
676	P62701	P62701	40S ribosomal protein S4, X isoform	RPS4X	1	2
677	P25789	P25789	Proteasome subunit alpha type-4	PSMA4	1	2
678	Q9UHY7	Q9UHY7	Enolase-phosphatase E1	ENOPH1	1	2
679	Q9Y680	Q9Y680	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase FKBP7	FKBP7	1	2
680	Q9H0R4	Q9H0R4	Haloacid dehalogenase-like hydrolase domain-containing protein 2	HDHD2	1	2
681	P18669; P15259; Q8N0Y7	P18669; P15259; Q8N0Y7	Phosphoglycerate mutase 1	PGAM1; PGAM2; PGAM4	3	2
682	P01903; P01906	P01903; P01906	HLA class II histocompatibility antigen, DR alpha chain	HLA-DRA; HLA-DQA2	2	2
683	P33316	P33316	Deoxyuridine 5-triphosphate nucleotidohydrolase, mitochondrial	DUT	1	2
684	P18124	P18124	60S ribosomal protein L7	RPL7	1	2
685	Q9UFN0; Q9BS92	Q9UFN0; Q9BS92	Protein NipSnap homolog 3A	NIPSNA P3A; NIPSNA P3B	2	2
686	P31946	P31946	14-3-3 protein beta/alpha	YWHAB	1	2

	Protein IDs	Majority protein IDs	Proteinennamen	Gennamen	Anzahl der Proteine	Anzahl der Unique-Peptide
687	Q9H8H3	Q9H8H3	Methyltransferase-like protein 7A	METTL7A	1	2
688	O95292; Q9P0L0	O95292; Q9P0L0	Vesicle-associated membrane protein-associated protein B/C	VAPB; VAPA	2	2
689	P51858	P51858	Hepatoma-derived growth factor	HDGF	1	2
690	P63162; P14678	P63162; P14678	Small nuclear ribonucleoprotein-associated protein N	SNRPN; SNRPB	2	2
691	Q9NR28	Q9NR28	Diablo homolog, mitochondrial	DIABLO	1	2
692	Q9UL46	Q9UL46	Proteasome activator complex subunit 2	PSME2	1	2
693	P60033	P60033	CD81 antigen	CD81	1	2
694	P68402	P68402	Platelet-activating factor acetylhydrolase IB subunit beta	PAFAH1B2	1	2
695	P80723	P80723	Brain acid soluble protein 1	BASP1	1	2
696	P24534	P24534	Elongation factor 1-beta	EEF1B2	1	2
697	Q9BS40	Q9BS40	Latexin	LXN	1	2
698	Q9UKK9	Q9UKK9	ADP-sugar pyrophosphatase	NUDT5	1	2
699	P10412; P16402; P22492; Q02539	P10412; P16402	Histone H1.4	HIST1H1E; HIST1H1D	4	2
700	P50914	P50914	60S ribosomal protein L14	RPL14	1	2
701	Q92882	Q92882	Osteoclast-stimulating factor 1	OSTF1	1	2
702	Q92522	Q92522	Histone H1x	H1FX	1	2
703	P20340; Q9NRW1; Q14964	P20340; Q9NRW1; Q14964	Ras-related protein Rab-6A	RAB6A; RAB6B; RAB39A	3	2
704	O43399	O43399	Tumor protein D54	TPD52L2	1	2
705	P46782	P46782	40S ribosomal protein S5	RPS5	1	2

	Protein IDs	Majority protein IDs	Proteinennamen	Gennamen	Anzahl der Proteine	Anzahl der Unique-Peptide
706	Q9NXU5	Q9NXU5	ADP-ribosylation factor-like protein 15	ARL15	1	2
707	P40429; Q6NVV1	P40429; Q6NVV1	60S ribosomal protein L13a	RPL13A; RPL13A P3	2	2
708	Q9H0U4; P62820; Q92928	Q9H0U4; P62820; Q92928	Ras-related protein Rab-1B	RAB1B; RAB1A; RAB1C	3	2
709	Q9NR31; Q9Y6B6	Q9NR31; Q9Y6B6	GTP-binding protein SAR1a	SAR1A; SAR1B	2	2
710	P61758	P61758	Prefoldin subunit 3	VBP1	1	2
711	P46781	P46781	40S ribosomal protein S9	RPS9	1	2
712	P62081	P62081	40S ribosomal protein S7	RPS7	1	2
713	P61586; P08134	P61586; P08134	Transforming protein RhoA	RHOA; RHOC	2	2
714	Q16527	Q16527	Cysteine and glycine-rich protein 2	CSRP2	1	2
715	P36405	P36405	ADP-ribosylation factor-like protein 3	ARL3	1	2
716	P84077; P61204; P84085	P84077; P61204; P84085	ADP-ribosylation factor 1	ARF1; ARF3; ARF5	3	2
717	Q9NZJ9	Q9NZJ9	Diphosphoinositol polyphosphate phosphohydrolase 2	NUDT4	1	2
718	P18085	P18085	ADP-ribosylation factor 4	ARF4	1	2
719	Q9UMX5	Q9UMX5	Neudesin	NENF	1	2
720	P24844	P24844	Myosin regulatory light polypeptide 9	MYL9	1	2
721	P19105; O14950	P19105; O14950	Myosin regulatory light chain 12A	MYL12A; MYL12B	2	2
722	P63098	P63098	Calcineurin subunit B type 1	PPP3R1	1	2
723	P04216	P04216	Thy-1 membrane glycoprotein	THY1	1	2

	Protein IDs	Majority protein IDs	Proteinennamen	Gennamen	Anzahl der Proteine	Anzahl der Unique-Peptide
724	Q9H2H8	Q9H2H8	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase-like 3	PPIL3	1	2
725	P24666	P24666	Low molecular weight phosphotyrosine protein phosphatase	ACP1	1	2
726	P61088; Q5JXB2	P61088; Q5JXB2	Ubiquitin-conjugating enzyme E2 N	UBE2N; UBE2NL	2	2
727	P62269	P62269	40S ribosomal protein S18	RPS18	1	2
728	Q9Y3D6	Q9Y3D6	Mitochondrial fission 1 protein	FIS1	1	2
729	P16949; Q93045	P16949; Q93045	Stathmin	STMN1; STMN2	2	2
730	Q04837	Q04837	Single-stranded DNA-binding protein, mitochondrial	SSBP1	1	2
731	Q13404; Q15819	Q13404; Q15819	Ubiquitin-conjugating enzyme E2 variant 1	UBE2V1; UBE2V2	2	2
732	O43169	O43169	Cytochrome b5 type B	CYB5B	1	2
733	Q14019	Q14019	Coactosin-like protein	COTL1	1	2
734	P61353	P61353	60S ribosomal protein L27	RPL27	1	2
735	Q01469	Q01469	Fatty acid-binding protein, epidermal	FABP5	1	2
736	P00167	P00167	Cytochrome b5	CYB5A	1	2
737	P02689; P15090	P02689; P15090	Myelin P2 protein	PMP2; FABP4	2	2
738	P04207; P01605; P01624; P04434	P04207; P01605; P01624; P04434	Ig kappa chain V-III region CLL		4	2
739	P35268	P35268	60S ribosomal protein L22	RPL22	1	2
740	Q71UI9; P0C0S5; Q8IUE6	Q71UI9; P0C0S5	Histone H2A.V	H2AFV; H2AFZ	3	2
741	P62987; P62979; P0CG47; P0CG48	P62987; P62979; P0CG47; P0CG48	Ubiquitin-60S ribosomal protein L40	UBA52; RPS27A;	4	2

	Protein IDs	Majority protein IDs	Proteinennamen	Gennamen	Anzahl der Proteine	Anzahl der Unique-Peptide
				UBB; UBC		
742	P62318	P62318	Small nuclear ribonucleoprotein Sm D3	SNRPD3	1	2
743	P01772	P01772	Ig heavy chain V-III region KOL		1	2
744	P62851	P62851	40S ribosomal protein S25	RPS25	1	2
745	Q9BRA2	Q9BRA2	Thioredoxin domain-containing protein 17	TXNDC17	1	2
746	Q9H7C9	Q9H7C9	Mth938 domain-containing protein	AAMDC	1	2
747	P60866	P60866	40S ribosomal protein S20	RPS20	1	2
748	P14174	P14174	Macrophage migration inhibitory factor	MIF	1	2
749	P62888	P62888	60S ribosomal protein L30	RPL30	1	2
750	P06702	P06702	Protein S100-A9	S100A9	1	2
751	Q15369	Q15369	Transcription elongation factor B polypeptide 1	TCEB1	1	2
752	P04208; P01700	P04208	Ig lambda chain V-I region WAH		2	2
753	P18859	P18859	ATP synthase-coupling factor 6, mitochondrial	ATP5J	1	2
754	O75347	O75347	Tubulin-specific chaperone A	TBCA	1	2
755	P26447	P26447	Protein S100-A4	S100A4	1	2
756	P02655	P02655	Apolipoprotein C-II	APOC2	1	2
757	Q99584	Q99584	Protein S100-A13	S100A13	1	2
758	P60903	P60903	Protein S100-A10	S100A10	1	2
759	O95777	O95777	U6 snRNA-associated Sm-like protein LSm8	LSM8	1	2
760	P05109	P05109	Protein S100-A8	S100A8	1	2
761	P04271	P04271	Protein S100-B	S100B	1	2
762	P63167; Q96FJ2	P63167; Q96FJ2	Dynein light chain 1, cytoplasmic	DYNLL1; DYNLL2	2	2
763	O75531	O75531	Barrier-to-autointegration factor	BANF1	1	2

	Protein IDs	Majority protein IDs	Proteinennamen	Gennamen	Anzahl der Proteine	Anzahl der Unique-Peptide
764	P14854	P14854	Cytochrome c oxidase subunit 6B1	COX6B1	1	2
765	Q15847	Q15847	Adipogenesis regulatory factor	ADIRF	1	2
766	P62328	P62328	Thymosin beta-4	TMSB4X	1	2
767	Q9P0M6	Q9P0M6	Core histone macro-H2A	H2AFY2	2	2
768	P01621	P01621	Ig kappa chain V-III region NG9		1	2
769	Q15631	Q15631	Translin	TSN	1	2
770	P62942	P62942	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase FKBP1A	FKBP1A	1	2
771	Q9HDC9	Q9HDC9	Adipocyte plasma membrane-associated protein	APMAP	1	2
772	Q99798	Q99798	Aconitate hydratase, mitochondrial	ACO2	1	2
773	Q16181; Q6ZU15	Q16181; Q6ZU15	Septin-7	SEPT7; SEPT14	2	2
774	Q06828	Q06828	Fibromodulin	FMOD	1	2
775	P27105	P27105	Erythrocyte band 7 integral membrane protein	STOM	1	2
776	O75340	O75340	Programmed cell death protein 6	PDCD6	1	2
777	P16070	P16070	CD44 antigen	CD44	1	2
778	O75487	O75487	Glypican-4	GPC4	1	2
779	P42126	P42126	Enoyl-CoA delta isomerase 1, mitochondrial	ECI1	1	2
780	Q8WZA0	Q8WZA0	Protein LZIC	LZIC	1	2
781	Q9BX68	Q9BX68	Histidine triad nucleotide-binding protein 2, mitochondrial	HINT2	1	2
782	P62424	P62424	60S ribosomal protein L7a	RPL7A	1	2
783	Q8N257; Q16778; P33778; P23527; P06899; Q6DRA6; Q6DN03; Q96A08	Q8N257; Q16778; P33778; P23527; P06899; Q6DRA6; Q6DN03; Q96A08	Histone H2B type 3-B	HIST3H2 BB; HIST2H2 BE;	8	2

Protein IDs		Majority protein IDs	Proteinennamen	Gennamen	Anzahl der Proteine	Anzahl der Unique-Peptide
		Q6DRA6; Q6DN03		HIST1H2 BB; HIST1H2 BO; HIST1H2 BJ; HIST2H2 BD; HIST2H2 BC		
784	P04209	P04209	Ig lambda chain V-II region NIG-84		1	1
785	P25787	P25787	Proteasome subunit alpha type-2	PSMA2	1	1
786	Q9BR76	Q9BR76	Coronin-1B	CORO1 B	1	1
787	Q5T7N2	Q5T7N2	LINE-1 type transposase domain-containing protein 1	L1TD1	1	1
788	Q96AE4	Q96AE4	Far upstream element-binding protein 1	FUBP1	1	1
789	P55290	P55290	Cadherin-13	CDH13	1	1
790	Q9UBQ7	Q9UBQ7	Glyoxylate reductase/hydroxypyruvate reductase	GRHPR	1	1
791	Q86YF9	Q86YF9	Zinc finger protein DZIP1	DZIP1	1	1
792	Q9NZN4	Q9NZN4	EH domain-containing protein 2	EHD2	1	1
793	P07099	P07099	Epoxide hydrolase 1	EPHX1	1	1
794	Q01995	Q01995	Transgelin	TAGLN	1	1
795	P78559	P78559	Microtubule-associated protein 1A	MAP1A	1	1
796	Q14315	Q14315	Filamin-C	FLNC	1	1
797	P18583	P18583	Protein SON	SON	1	1
798	P12270	P12270	Nucleoprotein TPR	TPR	1	1
799	Q5TZA2	Q5TZA2	Rootletin	CROCC	1	1

	Protein IDs	Majority protein IDs	Proteinennamen	Gennamen	Anzahl der Proteine	Anzahl der Unique-Peptide
800	Q7Z406	Q7Z406	Myosin-14	MYH14	1	1
801	Q2WGJ9	Q2WGJ9	Fer-1-like protein 6	FER1L6	1	1
802	O15031	O15031	Plexin-B2	PLXNB2	1	1
803	P0C0L5	P0C0L5	Complement C4-B	C4B	1	1
804	Q8WX93	Q8WX93	Palladin	PALLD	1	1
805	Q14152	Q14152	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit A	EIF3A	1	1
806	Q9UQP3	Q9UQP3	Tenascin-N	TNN	1	1
807	Q9UM54	Q9UM54	Unconventional myosin-VI	MYO6	1	1
808	Q00341	Q00341	Vigilin	HDLBP	1	1
809	P32004	P32004	Neural cell adhesion molecule L1	L1CAM	1	1
810	P55265	P55265	Double-stranded RNA-specific adenosine deaminase	ADAR	1	1
811	Q16720; P23634; P20020	Q16720; P23634; P20020	Plasma membrane calcium-transporting ATPase 3	ATP2B3; ATP2B4; ATP2B1	3	1
812	P17301	P17301	Integrin alpha-2	ITGA2	1	1
813	P56199	P56199	Integrin alpha-1	ITGA1	1	1
814	Q5M9N0	Q5M9N0	Coiled-coil domain-containing protein 158	CCDC158	1	1
815	Q8NHU6	Q8NHU6	Tudor domain-containing protein 7	TDRD7	1	1
816	Q9UMS6	Q9UMS6	Synaptopodin-2	SYNPO2	1	1
817	Q15714	Q15714	TSC22 domain family protein 1	TSC22D1	1	1
818	Q9Y4F1	Q9Y4F1	FERM, RhoGEF and pleckstrin domain-containing protein 1	FARP1	1	1
819	P09874	P09874	Poly [ADP-ribose] polymerase 1	PARP1	1	1
820	P22102	P22102	Trifunctional purine biosynthetic protein adenosine 3	GART	1	1

	Protein IDs	Majority protein IDs	Proteinennamen	Gennamen	Anzahl der Proteine	Anzahl der Unique-Peptide
821	Q6UXY8	Q6UXY8	Transmembrane channel-like protein 5	TMC5	1	1
822	Q9Y4L1	Q9Y4L1	Hypoxia up-regulated protein 1	HYOU1	1	1
823	O95980	O95980	Reversion-inducing cysteine-rich protein with Kazal motifs	RECK	1	1
824	P49588	P49588	Alanine--tRNA ligase, cytoplasmic	AARS	1	1
825	O60313	O60313	Dynamin-like 120 kDa protein, mitochondrial	OPA1	1	1
826	Q99460	Q99460	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 1	PSMD1	1	1
827	Q9NZ08	Q9NZ08	Endoplasmic reticulum aminopeptidase 1	ERAP1	1	1
828	O94973; O95782	O94973; O95782	AP-2 complex subunit alpha-2	AP2A2; AP2A1	2	1
829	Q12906	Q12906	Interleukin enhancer-binding factor 3	ILF3	1	1
830	P07305	P07305	Histone H1.0	H1FO	1	1
831	O15195	O15195	Villin-like protein	VILL	1	1
832	Q8IXH8	Q8IXH8	Cadherin-like protein 26	CDH26	1	1
833	Q92796	Q92796	Disks large homolog 3	DLG3	1	1
834	Q8TF30	Q8TF30	WASP homolog-associated protein with actin, membranes and microtubules	WHAMM	1	1
835	Q9HCB6	Q9HCB6	Spondin-1	SPON1	1	1
836	Q15459	Q15459	Splicing factor 3A subunit 1	SF3A1	1	1
837	P40763	P40763	Signal transducer and activator of transcription 3	STAT3	1	1
838	P06681	P06681	Complement C2	C2	1	1
839	Q96TA1	Q96TA1	Niban-like protein 1	FAM129B	1	1
840	Q92499	Q92499	ATP-dependent RNA helicase DDX1	DDX1	1	1

	Protein IDs	Majority protein IDs	Proteinennamen	Gennamen	Anzahl der Proteine	Anzahl der Unique-Peptide
841	P51812	P51812	Ribosomal protein S6 kinase alpha-3	RPS6KA3	1	1
842	P13010	P13010	X-ray repair cross-complementing protein 5	XRCC5	1	1
843	O00461	O00461	Golgi integral membrane protein 4	GOLIM4	1	1
844	P07225	P07225	Vitamin K-dependent protein S	PROS1	1	1
845	Q8WWI5	Q8WWI5	Choline transporter-like protein 1	SLC44A1	1	1
846	P49748	P49748	Very long-chain specific acyl-CoA dehydrogenase, mitochondrial	ACADVL	1	1
847	Q08357	Q08357	Sodium-dependent phosphate transporter 2	SLC20A2	1	1
848	Q8WVM8	Q8WVM8	Sec1 family domain-containing protein 1	SCFD1	1	1
849	Q14258	Q14258	E3 ubiquitin/ISG15 ligase TRIM25	TRIM25	1	1
850	P32456; P32455	P32456; P32455	Interferon-induced guanylate-binding protein 2	GBP2; GBP1	2	1
851	P07358	P07358	Complement component C8 beta chain	C8B	1	1
852	Q9NTJ5	Q9NTJ5	Phosphatidylinositide phosphatase SAC1	SACM1L	1	1
853	P15311	P15311	Ezrin	EZR	1	1
854	Q8IXL6	Q8IXL6	Extracellular serine/threonine protein kinase FAM20C	FAM20C	1	1
855	Q3LXA3	Q3LXA3	Bifunctional ATP-dependent dihydroxyacetone kinase/FAD-AMP lyase (cyclizing)	DAK	1	1
856	Q15942	Q15942	Zyxin	ZYX	1	1
857	O95394	O95394	Phosphoacetylglucosamine mutase	PGM3	1	1
858	Q6DD88	Q6DD88	Atlastin-3	ATL3	1	1
859	Q9NZW5	Q9NZW5	MAGUK p55 subfamily member 6	MPP6	1	1

	Protein IDs	Majority protein IDs	Proteinennamen	Gennamen	Anzahl der Proteine	Anzahl der Unique-Peptide
860	Q8IYT4	Q8IYT4	Katanin p60 ATPase-containing subunit A-like 2	KATNAL2	1	1
861	Q02252	Q02252	Methylmalonate-semialdehyde dehydrogenase [acylating], mitochondrial	ALDH6A1	1	1
862	O75475	O75475	PC4 and SFRS1-interacting protein	PSIP1	1	1
863	Q9NQ76	Q9NQ76	Matrix extracellular phosphoglycoprotein	MEPE	1	1
864	Q9Y4K3	Q9Y4K3	TNF receptor-associated factor 6	TRAF6	1	1
865	Q9Y3I0	Q9Y3I0	tRNA-splicing ligase RtcB homolog	RTCB	1	1
866	Q9Y333	Q9Y333	U6 snRNA-associated Sm-like protein LSm2	LSM2	1	1
867	P53041	P53041	Serine/threonine-protein phosphatase 5	PPP5C	1	1
868	Q99784	Q99784	Noelin	OLFM1	1	1
869	P31930	P31930	Cytochrome b-c1 complex subunit 1, mitochondrial	UQCRC1	1	1
870	Q2VIR3; P41091	Q2VIR3; P41091	Putative eukaryotic translation initiation factor 2 subunit 3-like protein	EIF2S3L ; EIF2S3	2	1
871	Q53EL6	Q53EL6	Programmed cell death protein 4	PDCD4	1	1
872	Q71U36; Q13748; Q6PEY2	Q71U36; Q13748; Q6PEY2	Tubulin alpha-1A chain	TUBA1A ; TUBA3C ; TUBA3E	3	1
873	Q9BQE3	Q9BQE3	Tubulin alpha-1C chain	TUBA1C	1	1
874	A6NI03	A6NI03	Putative tripartite motif-containing protein 64B	TRIM64B	1	1
875	Q9BUF5	Q9BUF5	Tubulin beta-6 chain	TUBB6	1	1
876	Q9BVA1	Q9BVA1	Tubulin beta-2B chain	TUBB2B	1	1

	Protein IDs	Majority protein IDs	Proteinennamen	Gennamen	Anzahl der Proteine	Anzahl der Unique-Peptide
877	Q13885	Q13885	Tubulin beta-2A chain	TUBB2A	1	1
878	Q6PCB0	Q6PCB0	von Willebrand factor A domain-containing protein 1	VWA1	1	1
879	P60228	P60228	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit E	EIF3E	1	1
880	O95674	O95674	Phosphatidate cytidylyltransferase 2	CDS2	1	1
881	Q3ZCM7	Q3ZCM7	Tubulin beta-8 chain	TUBB8	1	1
882	Q9BY67	Q9BY67	Cell adhesion molecule 1	CADM1	1	1
883	Q07960	Q07960	Rho GTPase-activating protein 1	ARHGA P1	1	1
884	P17980	P17980	26S protease regulatory subunit 6A	PSMC3	1	1
885	Q8N4T0	Q8N4T0	Carboxypeptidase A6	CPA6	1	1
886	O75955	O75955	Flotillin-1	FLOT1	1	1
887	P22234	P22234	Multifunctional protein ADE2	PAICS	1	1
888	P80303	P80303	Nucleobindin-2	NUCB2	1	1
889	P11279	P11279	Lysosome-associated membrane glycoprotein 1	LAMP1	1	1
890	Q13148	Q13148	TAR DNA-binding protein 43	TARDBP	1	1
891	Q96EP5	Q96EP5	DAZ-associated protein 1	DAZAP1	1	1
892	P60842	P60842	Eukaryotic initiation factor 4A-I	EIF4A1	1	1
893	P48426; P78356	P48426; P78356	Phosphatidylinositol 5-phosphate 4-kinase type-2 alpha	PIP4K2A ; PIP4K2B	2	1
894	P62195	P62195	26S protease regulatory subunit 8	PSMC5	1	1
895	O14791	O14791	Apolipoprotein L1	APOL1	1	1
896	P62333	P62333	26S protease regulatory subunit 10B	PSMC6	1	1
897	O75781	O75781	Paralemm-1	PALM	1	1
898	P35613	P35613	Basigin	BSG	1	1

	Protein IDs	Majority protein IDs	Proteinennamen	Gennamen	Anzahl der Proteine	Anzahl der Unique-Peptide
899	P17302	P17302	Gap junction alpha-1 protein	GJA1	1	1
900	Q58FF8	Q58FF8	Putative heat shock protein HSP 90-beta 2	HSP90A B2P	1	1
901	P62736; P63267	P62736; P63267	Actin, aortic smooth muscle	ACTA2; ACTG2	2	1
902	Q14344	Q14344	Guanine nucleotide-binding protein subunit alpha-13	GNA13	1	1
903	Q562R1	Q562R1	Beta-actin-like protein 2	ACTBL2	1	1
904	P50453	P50453	Serpin B9	SERPIN B9	1	1
905	Q99733	Q99733	Nucleosome assembly protein 1-like 4	NAP1L4	1	1
906	P63261	P63261	Actin, cytoplasmic 2	ACTG1	1	1
907	P60709; Q6S8J3	P60709	Actin, cytoplasmic 1	ACTB	2	1
908	Q9NVD7	Q9NVD7	Alpha-parvin	PARVA	1	1
909	Q92747	Q92747	Actin-related protein 2/3 complex subunit 1A	ARPC1A	1	1
910	P30459; P10314; P30459; P10314; P30512; P16189; P30512; P16189; P30455; P30443; P30455; P30443; P13746; P04439; P13746; P04439; P30456	P30459; P10314; P30512; P16189; P30455; P30443; P13746; P04439; P30456	HLA class I histocompatibility antigen, A-74 alpha chain	HLA-A	9	1
911	Q15366	Q15366	Poly(rC)-binding protein 2	PCBP2	1	1
912	Q96S86; Q86UW8	Q96S86; Q86UW8	Hyaluronan and proteoglycan link protein 3	HAPLN3 ; HAPLN4	2	1
913	Q15435	Q15435	Protein phosphatase 1 regulatory subunit 7	PPP1R7	1	1
914	P50148	P50148	Guanine nucleotide-binding protein G(q) subunit alpha	GNAQ	1	1

	Protein IDs	Majority protein IDs	Proteinennamen	Gennamen	Anzahl der Proteine	Anzahl der Unique-Peptide
915	P04899; P63096; P09471; P11488; P19087; A8MTJ3; P38405	P04899; P63096	Guanine nucleotide-binding protein G(i) subunit alpha-2	GNAI2; GNAI1	7	1
916	Q7Z3B1	Q7Z3B1	Neuronal growth regulator 1	NEGR1	1	1
917	Q96A49	Q96A49	Synapse-associated protein 1	SYAP1	1	1
918	Q99962; Q99961	Q99962; Q99961	Endophilin-A1	SH3GL2; SH3GL1	2	1
919	P40121	P40121	Macrophage-capping protein	CAPG	1	1
920	O15160	O15160	DNA-directed RNA polymerases I and III subunit RPAC1	POLR1C	1	1
921	P01877	P01877	Ig alpha-2 chain C region	IGHA2	1	1
922	P25685	P25685	DnaJ homolog subfamily B member 1	DNAJB1	1	1
923	Q13449	Q13449	Limbic system-associated membrane protein	LSAMP	1	1
924	P78410; O00481; O00478	P78410; O00481; O00478	Butyrophilin subfamily 3 member A2	BTN3A2; BTN3A1; BTN3A3	3	1
925	Q8N8Q8	Q8N8Q8	Mitochondrial inner membrane protein COX18	COX18	1	1
926	Q03591; Q9BXR6	Q03591; Q9BXR6	Complement factor H-related protein 1	CFHR1; CFHR5	2	1
927	Q96D15	Q96D15	Reticulocalbin-3	RCN3	1	1
928	P48059	P48059	LIM and senescent cell antigen-like-containing domain protein 1	LIMS1	1	1
929	Q9BWM7	Q9BWM7	Sideroflexin-3	SFXN3	1	1
930	P67809; Q9Y2T7	P67809; Q9Y2T7	Nuclease-sensitive element-binding protein 1	YBX1; YBX2	2	1
931	Q9Y2S2	Q9Y2S2	Lambda-crystallin homolog	CRYL1	1	1

	Protein IDs	Majority protein IDs	Proteinennamen	Gennamen	Anzahl der Proteine	Anzahl der Unique-Peptide
932	Q8WVY7	Q8WVY7	Ubiquitin-like domain-containing CTD phosphatase 1	UBLCP1	1	1
933	P0C870	P0C870	JmjC domain-containing protein 7	JMJD7	1	1
934	Q9BRF8	Q9BRF8	Serine/threonine-protein phosphatase CPPED1	CPPED1	1	1
935	Q96HY6	Q96HY6	DDRGK domain-containing protein 1	DDRGK1	1	1
936	O14495	O14495	Lipid phosphate phosphohydrolase 3	PPAP2B	1	1
937	P67775; P62714	P67775; P62714	Serine/threonine-protein phosphatase 2A catalytic subunit alpha isoform	PPP2CA ; PPP2CB	2	1
938	Q96AG4	Q96AG4	Leucine-rich repeat-containing protein 59	LRRC59	1	1
939	P25325	P25325	3-mercaptopyruvate sulfurtransferase	MPST	1	1
940	P53004	P53004	Biliverdin reductase A	BLVRA	1	1
941	P04233	P04233	HLA class II histocompatibility antigen gamma chain	CD74	1	1
942	Q9UK22	Q9UK22	F-box only protein 2	FBXO2	1	1
943	P06748	P06748	Nucleophosmin	NPM1	1	1
944	Q8N5P1	Q8N5P1	Zinc finger CCCH domain-containing protein 8	ZC3H8	1	1
945	Q5SRE7	Q5SRE7	Phytanoyl-CoA dioxygenase domain-containing protein 1	PHYHD1	1	1
946	P62995	P62995	Transformer-2 protein homolog beta	TRA2B	1	1
947	P46952	P46952	3-hydroxyanthranilate 3,4-dioxygenase	HAAO	1	1
948	P43307	P43307	Translocon-associated protein subunit alpha	SSR1	1	1
949	Q96LR9	Q96LR9	Apolipoprotein L domain-containing protein 1	APOLD1	1	1

	Protein IDs	Majority protein IDs	Proteinennamen	Gennamen	Anzahl der Proteine	Anzahl der Unique-Peptide
950	O14618	O14618	Copper chaperone for superoxide dismutase	CCS	1	1
951	P40306	P40306	Proteasome subunit beta type-10	PSMB10	1	1
952	Q13243; Q13247; Q08170	Q13243; Q13247; Q08170	Serine/arginine-rich splicing factor 5	SRSF5; SRSF6; SRSF4	3	1
953	Q8TCZ2	Q8TCZ2	CD99 antigen-like protein 2	CD99L2	1	1
954	O15400	O15400	Syntaxin-7	STX7	1	1
955	P07738	P07738	Bisphosphoglycerate mutase	BPGM	1	1
956	Q16563	Q16563	Synaptophysin-like protein 1	SYPL1	1	1
957	O95571	O95571	Persulfide dioxygenase ETHE1, mitochondrial	ETHE1	1	1
958	P19404	P19404	NADH dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein 2, mitochondrial	NDUFV2	1	1
959	P51572	P51572	B-cell receptor-associated protein 31	BCAP31	1	1
960	Q9BUT1	Q9BUT1	3-hydroxybutyrate dehydrogenase type 2	BDH2	1	1
961	Q8NDC0	Q8NDC0	MAPK-interacting and spindle-stabilizing protein-like	MAPK1I P1L	1	1
962	Q99426	Q99426	Tubulin-folding cofactor B	TBCB	1	1
963	Q9BVC6	Q9BVC6	Transmembrane protein 109	TMEM109	1	1
964	P28072	P28072	Proteasome subunit beta type-6	PSMB6	1	1
965	Q16629	Q16629	Serine/arginine-rich splicing factor 7	SRSF7	1	1
966	P09497	P09497	Clathrin light chain B	CLTB	1	1
967	Q9BRX8	Q9BRX8	Redox-regulatory protein FAM213A	FAM213A	1	1
968	P00403	P00403	Cytochrome c oxidase subunit 2	MT-CO2	1	1

	Protein IDs	Majority protein IDs	Proteinennamen	Gennamen	Anzahl der Proteine	Anzahl der Unique-Peptide
969	Q96CT7	Q96CT7	Coiled-coil domain-containing protein 124	CCDC124	1	1
970	P04179	P04179	Superoxide dismutase [Mn], mitochondrial	SOD2	1	1
971	P16035	P16035	Metalloproteinase inhibitor 2	TIMP2	1	1
972	P10301	P10301	Ras-related protein R-Ras	RRAS	1	1
973	P51148; P20339	P51148; P20339	Ras-related protein Rab-5C	RAB5C; RAB5A	2	1
974	P61020	P61020	Ras-related protein Rab-5B	RAB5B	1	1
975	P61106	P61106	Ras-related protein Rab-14	RAB14	1	1
976	O75396	O75396	Vesicle-trafficking protein SEC22b	SEC22B	1	1
977	O43731	O43731	ER lumen protein-retaining receptor 3	KDEL3	1	1
978	O75251	O75251	NADH dehydrogenase [ubiquinone] iron-sulfur protein 7, mitochondrial	NDUFS7	1	1
979	Q96FZ7	Q96FZ7	Charged multivesicular body protein 6	CHMP6	1	1
980	P52566	P52566	Rho GDP-dissociation inhibitor 2	ARHGDI2	1	1
981	P61026	P61026	Ras-related protein Rab-10	RAB10	1	1
982	Q9BUR5	Q9BUR5	Apolipoprotein O	APOO	1	1
983	P08590	P08590	Myosin light chain 3	MYL3	1	1
984	Q99653	Q99653	Calcineurin B homologous protein 1	CHP1	1	1
985	P21291	P21291	Cysteine and glycine-rich protein 1	CSRP1	1	1
986	Q07812	Q07812	Apoptosis regulator BAX	BAX	1	1
987	Q9NRV9	Q9NRV9	Heme-binding protein 1	HEBP1	1	1
988	O75915	O75915	PRA1 family protein 3	ARL6IP5	1	1
989	Q13185	Q13185	Chromobox protein homolog 3	CBX3	1	1
990	P61225	P61225	Ras-related protein Rap-2b	RAP2B	1	1
991	P55145	P55145	Mesencephalic astrocyte-derived neurotrophic factor	MANF	1	1

	Protein IDs	Majority protein IDs	Proteinennamen	Gennamen	Anzahl der Proteine	Anzahl der Unique-Peptide
992	O43617	O43617	Trafficking protein particle complex subunit 3	TRAPPC3	1	1
993	Q03135	Q03135	Caveolin-1	CAV1	1	1
994	Q02543	Q02543	60S ribosomal protein L18a	RPL18A	1	1
995	O43324	O43324	Eukaryotic translation elongation factor 1 epsilon 1	EEF1E1	1	1
996	P13693	P13693	Translationally-controlled tumor protein	TPT1	1	1
997	Q13232	Q13232	Nucleoside diphosphate kinase 3	NME3	1	1
998	P30049	P30049	ATP synthase subunit delta, mitochondrial	ATP5D	1	1
999	P05161	P05161	Ubiquitin-like protein ISG15	ISG15	1	1
1000	P84103	P84103	Serine/arginine-rich splicing factor 3	SRSF3	1	1
1001	Q8IVM7	Q8IVM7	Putative uncharacterized protein encoded by LINC00346	LINC00346	1	1
1002	O75947	O75947	ATP synthase subunit d, mitochondrial	ATP5H	1	1
1003	Q15185	Q15185	Prostaglandin E synthase 3	PTGES3	1	1
1004	P83731	P83731	60S ribosomal protein L24	RPL24	1	1
1005	P62750	P62750	60S ribosomal protein L23a	RPL23A	1	1
1006	Q9H4G4	Q9H4G4	Golgi-associated plant pathogenesis-related protein 1	GLIPR2	1	1
1007	Q9UHV9	Q9UHV9	Prefoldin subunit 2	PFDN2	1	1
1008	O14880	O14880	Microsomal glutathione S-transferase 3	MGST3	1	1
1009	P46776	P46776	60S ribosomal protein L27a	RPL27A	1	1
1010	P61626	P61626	Lysozyme C	LYZ	1	1
1011	P60983	P60983	Glia maturation factor beta	GMFB	1	1
1012	P37840	P37840	Alpha-synuclein	SNCA	1	1
1013	P29373	P29373	Cellular retinoic acid-binding protein 2	CRABP2	1	1
1014	P37108	P37108	Signal recognition particle 14 kDa protein	SRP14	1	1

	Protein IDs	Majority protein IDs	Proteinennamen	Gennamen	Anzahl der Proteine	Anzahl der Unique-Peptide
1015	O15212	O15212	Prefoldin subunit 6	PFDN6	1	1
1016	P55769	P55769	NHP2-like protein 1	NHP2L1	1	1
1017	P53999	P53999	Activated RNA polymerase II transcriptional coactivator p15	SUB1	1	1
1018	Q99880; Q99879; Q99877; Q93079; Q5QNW6; P62807; P58876; P57053; O60814	Q99880; Q99879; Q99877; Q93079; Q5QNW6; P62807; P58876; P57053; O60814	Histone H2B type 1-L	HIST1H2 BL; HIST1H2 BM; HIST1H2 BN; HIST1H2 BH; HIST2H2 BF; HIST1H2 BC; HIST1H2 BD; H2BFS; HIST1H2 BK	9	1
1019	P62314	P62314	Small nuclear ribonucleoprotein Sm D1	SNRPD1	1	1
1020	Q02535	Q02535	DNA-binding protein inhibitor ID-3	ID3	1	1
1021	P61769	P61769	Beta-2-microglobulin	B2M	1	1
1022	O95670; O75348	O95670; O75348	V-type proton ATPase subunit G 2	ATP6V1 G2; ATP6V1 G1	2	1
1023	P58546	P58546	Myotrophin	MTPN	1	1

	Protein IDs	Majority protein IDs	Proteinennamen	Gennamen	Anzahl der Proteine	Anzahl der Unique-Peptide
1024	P49207	P49207	60S ribosomal protein L34	RPL34	1	1
1025	P01825; P06331	P01825; P06331	Ig heavy chain V-II region NEWM		2	1
1026	P01602	P01602	Ig kappa chain V-I region HK102	IGKV1-5	1	1
1027	P01764	P01764	Ig heavy chain V-III region 23	IGHV3-23	1	1
1028	P01742; P01761; P06326	P01742; P01761; P06326	Ig heavy chain V-I region EU		3	1
1029	Q16718	Q16718	NADH dehydrogenase [ubiquinone] 1 alpha subcomplex subunit 5	NDUFA5	1	1
1030	P04433	P04433	Ig kappa chain V-III region VG		1	1
1031	P01767	P01767	Ig heavy chain V-III region BUT		1	1
1032	P01765; P01779; P01776; P01774	P01765; P01779; P01776; P01774	Ig heavy chain V-III region TIL		4	1
1033	P01777; P01766	P01777; P01766	Ig heavy chain V-III region TEI		2	1
1034	P61803	P61803	Dolichyl-diphosphooligosaccharide--protein glycosyltransferase subunit DAD1	DAD1	1	1
1035	P01617; P01614; P06309; P06310	P01617; P01614; P06309; P06310	Ig kappa chain V-II region TEW		4	1
1036	P01613	P01613	Ig kappa chain V-I region Ni		1	1
1037	P06454	P06454	Prothymosin alpha	PTMA	1	1
1038	P80748	P80748	Ig lambda chain V-III region LOI		1	1
1039	P04430	P04430	Ig kappa chain V-I region BAN		1	1
1040	P01714	P01714	Ig lambda chain V-III region SH		1	1
1041	P01608	P01608	Ig kappa chain V-I region Roy		1	1
1042	P01609; P80362; P01610; P01607; P01600; P01599; P01594; P01593	P01609; P80362; P01610; P01607; P01600; P01599; P01594; P01593	Ig kappa chain V-I region Scw		8	1

	Protein IDs	Majority protein IDs	Proteinennamen	Gennamen	Anzahl der Proteine	Anzahl der Unique-Peptide
1043	P01596; P01598	P01596; P01598	Ig kappa chain V-I region CAR		2	1
1044	P01717	P01717	Ig lambda chain V-IV region Hil		1	1
1045	P0CG06; P0CG05; P0CF74; A0M8Q6	P0CG06; P0CG05; P0CF74; A0M8Q6	Ig lambda-3 chain C regions	IGLC3; IGLC2; IGLC6; IGLC7	4	1
1046	P0CG04; B9A064	P0CG04; B9A064	Ig lambda-1 chain C regions	IGLC1; IGLL5	2	1
1047	Q9Y3U8	Q9Y3U8	60S ribosomal protein L36	RPL36	1	1
1048	P31949	P31949	Protein S100-A11	S100A11	1	1
1049	P84090	P84090	Enhancer of rudimentary homolog	ERH	1	1
1050	Q96FQ6	Q96FQ6	Protein S100-A16	S100A16	1	1
1051	P20962	P20962	Parathymosin	PTMS	1	1
1052	P62310	P62310	U6 snRNA-associated Sm-like protein LSm3	LSM3	1	1
1053	O60220	O60220	Mitochondrial import inner membrane translocase subunit Tim8 A	TIMM8A	1	1
1054	Q9Y5L4	Q9Y5L4	Mitochondrial import inner membrane translocase subunit Tim13	TIMM13	1	1
1055	Q6EEV6; P61956; P55854	Q6EEV6; P61956; P55854	Small ubiquitin-related modifier 4	SUMO4; SUMO2; SUMO3	3	1
1056	P56134	P56134	ATP synthase subunit f, mitochondrial	ATP5J2	1	1
1057	Q9H299	Q9H299	SH3 domain-binding glutamic acid-rich- like protein 3	SH3BGR L3	1	1
1058	P06703	P06703	Protein S100-A6	S100A6	1	1
1059	P02654	P02654	Apolipoprotein C-I	APOC1	1	1
1060	P59768	P59768	Guanine nucleotide-binding protein G(I)/G(S)/G(O) subunit gamma-2	GNG2	1	1

	Protein IDs	Majority protein IDs	Proteinennamen	Gennamen	Anzahl der Proteine	Anzahl der Unique-Peptide
1061	P56385	P56385	ATP synthase subunit e, mitochondrial	ATP5I	1	1
1062	P62857	P62857	40S ribosomal protein S28	RPS28	1	1
1063	P62861	P62861	40S ribosomal protein S30	FAU	1	1
1064	P63313	P63313	Thymosin beta-10	TMSB10	1	1
1065	P05386	P05386	60S acidic ribosomal protein P1	RPLP1	1	1
1066	Q14847	Q14847	LIM and SH3 domain protein 1	LASP1	1	1
1067	Q96SM3	Q96SM3	Probable carboxypeptidase X1	CPXM1	1	1
1068	A0AVT1	A0AVT1	Ubiquitin-like modifier-activating enzyme 6	UBA6	1	1
1069	P35998	P35998	26S protease regulatory subunit 7	PSMC2	1	1
1070	P24752	P24752	Acetyl-CoA acetyltransferase, mitochondrial	ACAT1	1	1
1071	Q15836; P63027	Q15836; P63027	Vesicle-associated membrane protein 3	VAMP3; VAMP2	2	1
1072	P02462	P02462	Collagen alpha-1(IV) chain	COL4A1	1	1
1073	Q9NY47	Q9NY47	Voltage-dependent calcium channel subunit alpha-2/delta-2	CACNA2 D2	1	1
1074	Q96G03	Q96G03	Phosphoglucosyltransferase-2	PGM2	1	1
1075	Q9UKY7	Q9UKY7	Protein CDV3 homolog	CDV3	1	1
1076	P35080	P35080	Profilin-2	PFN2	1	1
1077	Q8NBJ4	Q8NBJ4	Golgi membrane protein 1	GOLM1	1	1

9. Danksagung

Zu aller erst möchte ich mich herzlich bei Herrn Prof. Dr. Dr. Reinhard Friedrich für das Anvertrauen dieser Arbeit bedanken. Er hat mich geduldig über die ganze Zeit betreut und hatte stets ein offenes Ohr für mich.

Des Weiteren bedanke ich mich bei Herrn Prof. Dr. Hartmut Schlüter für die tatkräftige Unterstützung auf dem Gebiet der Proteomanalytik.

Ein besonderer Dank gilt Frau Dr. Parnian Kiani für ihre hilfreiche Unterstützung und die Unmenge an Zeit, die sie mir gewidmet hat. Durch diese Arbeit hat sich eine gute Freundschaft zwischen uns gebildet.

Ebenfalls bedanke ich mich bei meiner Lebenspartnerin Katrin Meyer, die stets an meiner Seite stand, mich emotional und motivierend unterstützt und die Arbeit mehrmals Korrektur gelesen hat.

Abschließend bedanke ich mich bei meinen Eltern, meiner Schwester und meinem Bruder, die mich mein ganzes Leben lang geprägt haben und der Grund sind, dass ich es im Leben so weit geschafft habe.

10. Lebenslauf

Lebenslauf wurde aus datenschutzrechtlichen Gründen entfernt

11. Eidesstattliche Versicherung

Ich versichere ausdrücklich, dass ich die Arbeit selbständig und ohne fremde Hilfe verfasst, andere als die von mir angegebenen Quellen und Hilfsmittel nicht benutzt und die aus den benutzten Werken wörtlich oder inhaltlich entnommenen Stellen einzeln nach Ausgabe (Auflage und Jahr des Erscheinens), Band und Seite des benutzten Werkes kenntlich gemacht habe.

Ferner versichere ich, dass ich die Dissertation bisher nicht einem Fachvertreter an einer anderen Hochschule zur Überprüfung vorgelegt oder mich anderweitig um Zulassung zur Promotion beworben habe.

Ich erkläre mich einverstanden, dass meine Dissertation vom Dekanat der Medizinischen Fakultät mit einer gängigen Software zur Erkennung von Plagiaten überprüft werden kann.

Unterschrift: