

## **Trojan-horse silk fibroin nanocarriers** loaded with a re-call antigen to redirect immunity against cancer

Elia Bari <sup>(1)</sup>, <sup>1</sup> Francesca Ferrera, <sup>2</sup> Tiziana Altosole, <sup>2</sup> Sara Perteghella, <sup>3,4</sup> Pierluigi Mauri, <sup>5</sup> Rossana Rossi, <sup>5</sup> Giulia Passignani, <sup>5</sup> Luca Mastracci, <sup>6,7</sup> Martina Galati, <sup>2</sup> Giuseppina Iliana Astone <sup>(1)</sup>, <sup>2</sup> Maddalena Mastrogiacomo, <sup>2</sup> Patrizio Castagnola,<sup>8</sup> Daniela Fenoglio,<sup>2,8</sup> Dario Di Silvestre,<sup>5</sup> Maria Luisa Torre (),<sup>1,4</sup> Gilberto Filaci (),<sup>2,8</sup>

#### ABSTRACT

To cite: Bari E, Ferrera F, Altosole T, et al. Trojan-horse silk fibroin nanocarriers loaded with a re-call antigen to redirect immunity against cancer. Journal for ImmunoTherapy of Cancer 2023;11:e005916. doi:10.1136/jitc-2022-005916

 Additional supplemental material is published online only. To view, please visit the journal online (http://dx.doi.org/10. 1136/jitc-2022-005916).

EB, FF and TA contributed equally. DDS, MLT and GF contributed equally.

Accepted 23 December 2022



C Author(s) (or their employer(s)) 2023. Re-use permitted under CC BY-NC. No commercial re-use. See rights and permissions. Published by BM.J.

For numbered affiliations see end of article.

**Correspondence to** Professor Gilberto Filaci; gfilaci@unige.it

**Background** The current challenge for immunotherapies is to generate effective antitumor immunity. Since tumor immune escape mechanisms do not impact pre-existing and consolidated immune responses, we tested the hypothesis of redirecting a pregenerated immunity to cancer: to recall a non-tumor antigen response against the tumor, silk fibroin nanoparticles (SFNs) have been selected as 'Trojan-horse' carriers, promoting the antigen uptake by the tumor cells.

Methods SFNs have been loaded with either ovalbumin (OVA) or CpG oligonucleotide (CpG) as antigen or adjuvant, respectively. In vitro uptake of SFNs by tumor (B16/F10 melanoma and MB49 bladder cancer) or dendritic cells, as well as the presence of OVA-specific T cells in splenic and tumor-infiltrating lymphocytes, were assessed by cvtometric analyses. Proof-of-concept of in vivo efficacy was achieved in an OVA-hyperimmune B16/F10 murine melanoma model: SFNs-OVA or SFNs-CpG were injected, separately or in association, into the subcutaneous peritumoral area. Cancer dimensions/survival time were monitored, while, at the molecular level, system biology approaches based on graph theory and experimental proteomic data were performed.

Results SFNs were efficiently in vitro uptaken by cancer and dendritic cells. In vivo peritumor administration of SFNs-OVA redirected OVA-specific cytotoxic T cells intratumorally. Proteomics and systems biology showed that peritumoral treatment with either SFNs-OVA or SFNs-CpG dramatically modified tumor microenvironment with respect to the control (CTR), mainly involving functional modules and hubs related to angiogenesis, inflammatory mediators, immune function, T complex and serpins expression, redox homeostasis, and energetic metabolism. Both SFNs-OVA and SFNs-CpG significantly delayed melanoma growth/survival time, and their effect was additive.

Conclusions Both SFNs-OVA and SFNs-CpG induce effective anticancer response through complementary mechanisms and show the efficacy of an innovative active immunotherapy approach based on the redirection of pre-existing immunity against cancer cells. This approach could be universally applied for solid cancer treatments if translated into the clinic using re-call antigens of childhood vaccination.

#### WHAT IS ALREADY KNOWN ON THIS TOPIC

 $\Rightarrow$  The current challenge for cancer vaccines is to generate effective immune responses against cancer, overcoming the several cancer immune escape mechanisms that hamper tumor antigen-directed immune responses.

#### WHAT THIS STUDY ADDS

 $\Rightarrow$  Our innovative approach redirects an already existing, robust, consolidated immune response against cancer. It exploits a 'Trojan-horse' strategy using silk fibroin nanoparticles as a vehicle of both an antigen and an adjuvant within the tumor.

#### HOW THIS STUDY MIGHT AFFECT RESEARCH, PRACTICE OR POLICY

 $\Rightarrow$  This strategy, translated into clinics, could be universally applied to any cancer and any patient, using, as the immunogen, a re-call antigen: possible objectives consist both in eradication (i.e., in nonmetastatic tumors like glioblastoma) and palliation (i.e., treatment of surgically unresectable tumor masses of any nature).

#### INTRODUCTION

Cancer vaccines should induce effector cancer-specific immune responses. However, although several cancer vaccines have been generated and tested in clinical trials, their general clinical efficacy rate was very poor,<sup>1</sup> and only one cancer vaccine, sipuleucel-T, received approval for clinical use.<sup>2</sup> The main reasons for the failure of vaccination strategy in cancer treatment are the low immunogenicity of tumor-associated antigens and the tumor capacity to downregulate their expression and generate a tolerogenic tumor microenvironment (TME).<sup>3</sup> Cancer vaccines based on tumor neoantigens originating from tumor-specific gene mutations<sup>4</sup> present some drawbacks since they are generally not shared among patients and are poorly presented

BMJ

by (human leukocyte antigen) HLA molecules.<sup>5</sup> Moreover, they require complex and expensive technologies that dramatically impact therapy costs. Hence, there is an urgent need to imagine new approaches of cancer vaccination to overcome the current difficulties. Clinical evidence teaches that tumor immune suppression does not significantly impact pre-existing, consolidated immune responses, like those induced early in life by pediatric vaccinations.<sup>6</sup> Hence, a new perspective for cancer vaccination could be redirecting pre-existing immunity against tumor. This innovative strategy requires a vector able to vehicle the antigen target of the preexisting immunity within tumor cells in association with a potent adjuvant able to subvert the immune suppressive milieu present in TME.

In this regard, nanoparticles are a promising tool in cancer immunotherapy.<sup>7 8</sup> They allow optimal delivery of antigens and adjuvants in TME. They may accumulate passively due to the enhanced permeability and retention effect or through specific active targeting.<sup>9</sup> In addition, the fact that nanoparticles may be internalized by both tumor cells and dendritic cells (DCs) allows the delivery of antigens in both cell types, thus facilitating the onset and development of an immune response. In particular, silk fibroin (SF) nanoparticles are of great interest since they are biocompatible, biodegradable, and have adequate mechanical properties for stable delivery and optimal in situ retention of drugs or antigens.<sup>10–12</sup>

Based on the above, we explored the efficacy of a 'Trojan-horse' model of cancer immunotherapy to recall a pre-existing immunity toward the tumor. To this aim, we used silk fibroin nanoparticles (SFNs) as a vehicle for both the antigen, ovalbumin (OVA), and the adjuvant, CpG, in OVA pre-immunized mice. Injectable formulations of SFNs loaded with OVA or CpG were designed, their in vitro internalization by cancer and DCs was determined, and their protecting efficacy against tumor growth was evaluated in a murine model. Application of high-throughput proteomics and systems biology approaches based on protein–protein interaction (PPI) network models<sup>13</sup> allowed the definition of functional modules and hubs involved in their activity.

### MATERIALS AND METHODS

#### Preparation of injectable formulations of SFNs

SF was extracted and solubilized according to a previously reported procedure described in the online supplemental material. SFNs were then prepared by exploiting the fibroin desolvation in acetone.<sup>1012</sup> Briefly, for SFNs preparation, SF (1.5% w/v) was added dropwise to acetone; for SFNs-OVA, a solution of SF (1% w/v) and OVA (Merck, Darmstadt, Germany) (0.5% w/v) was prepared and then added dropwise to acetone; for SFNs-CpG, a solution of SF (1.5% w/v) and CpG (TIB Molbiol, Genoa, Italy) (0.1% w/v) was prepared and then added dropwise to acetone. The fibroin/acetone volume ratio was 1:5 in all cases. The nanoparticle suspension was further processed

and freeze-dried as reported in the online supplemental material. Final formulations were stored at 4°C until use (maximum of 3 months). In addition, a physical mixture of SFNs-OVA and SFNs-CpG was prepared by mixing the freeze-dried formulations of SFNs-OVA and SFNs-CpG in a 1:1 ratio.

#### **Characterization of SFNs injectable formulations**

As reported in the online supplemental material, OVA loading in SFNs-OVA was evaluated by size exclusion chromatography, quantifying the residual presence of unbound OVA in the washed supernatants.

Loading of CpG into SFNs-CpG was verified by analyzing the nanoparticles' micro-analytical composition by a high-resolution scanning electron microscopy (TESCAN, Mira 3 XMU) equipped with an In-Beam SE detector operating at 8 kV and by energy dispersive spectrometry operating at 20 kV. Before the analysis, the samples were coated with carbon using a Cressington 208C.

The dimensional distribution of SFNs was analyzed using NanoSight NS300 equipment (Malvern Panalytical, Great Malvern, Worcestershire, UK); the mean size, polydispersity index (PDI) and zeta potential were analyzed by Zetasizer Nano Zs (Malvern Panalytical) (see online supplemental material). Chemical-physical characterization was performed by recording Mid-infrared (IR) (650-4000 cm<sup>-1</sup>) spectra on powder samples using a Bruker Equinox 55 spectrometer equipped with a pyroelectric detector (deuterated-triglycine-sulfate (DTGS) type) with a resolution of 4 cm<sup>-1</sup>. Following the procedures reported in the online supplemental material, temperature and enthalpy values were measured by differential scanning calorimetry (DSC) by a NEXTA DSC (Hitachi, Europark Fichtenhain A12, Krefeld, Germany) equipped with a DSC821e module and an intracooler device for subambient temperature analysis (Julabo FT 900); a Mettler STARe thermogravimetric analysis (TGA) system (PerkinElmer Pyris 1, Wellesley, Minneapolis, Minnesota, USA) with simultaneous DSC (TGA/DSC1) measured mass losses on heating.

Finally, the residual humidity, osmolarity and pH of the reconstituted product were measured (see online supplemental material).

#### Analysis of SFNs internalization by cancer cells

Analyses of SFNs internalization were performed on cancer cell lines and on tumor cells incubated either ex vivo or in vivo with SFNs. Analyses were conducted using either curcumin-loaded SFNs (SFNs-CUR) or SFNs-OVA. In the latter case, an fluorescein isothiocyanate (FITC) rabbit anti-OVA antibody (Abcam, Cambridge, UK) was used as a revealing agent. SFNs internalization was detected by either flow cytometry, using an FACSCanto II flow cytometry (BD) equipped with three lasers (488 nm, 640 nm, 405 nm) using FACSDiva software V.6 (BD), or confocal microscopy, using an Olympus FV500 confocal microscope (Olympus Corporation). Detailed information on these procedures is provided in the online supplemental material.

#### Mice

Mice, 7–10 weeks old, female C57BL/6J were purchased from Envigo RMS (San Pietro al Natisone, Udine, Italy) and housed under specific pathogen-free conditions in the animal facility at the Istituto di Ricovero e Cura a Carattere Scientifico (IRCCS) Ospedale Policlinico San Martino, Genoa, Italy. All the procedures were carried out by animal facilities qualified staff according to the guidelines provided in Italian Ministero della Salute D.Lgs 26/2014. The protocol concerning the experiments followed the recommendation and received approval from the Institutional Animal Care and Use Committee (Organizzazione Per il Benessere Animale of IRCCS Ospedale Policlinico San Martino of Genoa) and the National Istituto Superiore di Sanità (protocol # 1000/2020-PR).

#### Analysis of SFNs internalization by DCs

The analysis of SFNs internalization by DCs was performed by flow cytometry on splenic DCs and DCs present in the TME. Detailed information on these procedures is provided in the online supplemental material.

#### Adipose adult stromal cells generation

Adipose adult stromal cells were generated as described in detail in the online supplemental material.

#### MTT assay

Methyl thiazolyl diphenyl-tetrazolium bromide (MTT) assay to assess cell viability was performed as described in the online supplemental material.

#### Administration of SFNs to tumor-challenged mice

Seven-week-old C57BL/6J female mice were immunized subcutaneously with a suspension of OVA (60 µg) (Merck, Darmstadt, Germania) and CpG 1826 (TIB MolBiol, Genoa, Italy) (30 µg), dissolved in 100 µL saline phosphate buffer without calcium and magnesium (PBS). Two subsequent boosters were administered 15 and 30 days after the first immunization. Ten days after the last booster, B16/ F10 mouse melanoma cells or MB49 bladder cancer cells  $(10^5 \text{ cells/mouse})$  were injected subcutaneously into the mice. Neoplastic nodules were seen at the injection site 7-10 days after tumor cell administration. Mice, randomly distributed among the different treatment and untreated control groups (six mice per group), were administered with SNFs, SFNs-OVA and SFNs-CpG suspended in PBS at 1 mg/mL and sonicated at 59 MHz for 15-30 min at room temperature before subcutaneous injection into the peritumoral area (200 µg per mouse). Each mouse received three nanoparticle injections 1 week apart. Mice were observed daily by researchers who administered the treatments, and blind operators registered tumor sizes. Tumor masses were measured with a caliper at 2-3 days intervals by measuring long and short axes. Volume was calculated according to the formula: tumor volume =  $\frac{1}{2}$  (length ×

width<sup>2</sup>) in cm<sup>3</sup>. Mice were sacrificed when tumors reached >1 cm<sup>3</sup> or ulceration/bleeding developed.

The experiments aimed at demonstrating the eventual therapeutic effects of SFNs were performed only on the orthotopic B16/F10 melanoma model, more representative of the corresponding human disease than the heterotopic MB49 bladder cancer model, and sized based on our previous experience with the model, following the 3R principle (replacement, reduction and refinement). Tumor measures and laboratory analyses were conducted blind from the treatment group.

## Intracellular staining for interferon- $\boldsymbol{\gamma}$ and interleukin-10 detection

Splenocytes and intratumoral T lymphocytes were purified from OVA hyper-immune C57BL/6J mice challenged with MB49 bladder cancer cells treated or not with SFNs: specimens were minced and passed through a cell strainer to obtain a homogenous cell suspension. Then, lymphocytes were purified by centrifugation on a Ficoll gradient Lympholyte-H Cell Separation Media (Cedarlane, Burlington, Canada). After red blood cell lysis (red blood cell lysing buffer, Merck), splenocytes or tumor-infiltrating lymphocytes were seeded in 96 wells of round-bottomed plates (Corning, Somerville, Massachusetts, USA) in triplicate at  $10^6$  cells/well in a volume of 100 µL of culture medium (Gibco Life Technologies, Milan, Italy) in the presence or not of OVA (100 µg/ mL) overnight. At the end of incubation, the cells were stained with Efluor V450 rat anti-mouse CD3 (Thermo Fisher catalog no 48-0032-82) and PE-Cyanine7 rat antimouse CD8 (BD catalog no 552877) antibodies, fixed and permeabilized by BD Cytofix Cytoperm (BD), and incubated with allophycocyanine rat anti-mouse interleukin (IL)-10 (Thermo Fisher catalog no 17-7101-82) and FITC rat anti-mouse interferon (IFN)-y (Thermo Fisher catalog no 11-7311-82) antibodies. Cells were then analyzed by LSRFortessa X20 flow cytometer (BD).

#### Cytotoxic assay

B16/F10 melanoma or MB49 bladder cancer cells were incubated overnight with SFNs-OVA or unloaded SFNs as a control in x-vivo medium (Lonza, Basilea, Switzerland) at 37°C in 5% CO<sub>9</sub>. Then, the cells were labeled with 5 (6)-carboxyfluorescein diacetate N-succinimidyl ester (CFDA-SE) fluorescent dye (Thermo Fisher Scientific) to track the target cells. Then CFDA-SE labeled cells were seeded in 96 round-bottomed well plates (Corning) at  $10^5$  cells/well in 200 µL of culture medium. Next, these target cells were incubated overnight with 10<sup>6</sup>/well effector T cells sorted (using Dynabeads Flow-Comp Mouse Pan-T, Thermo Fisher Scientific) from spleen or tumor of OVA hyper-immune mice challenged with either B16/F10 or MB49 cells and treated with SFNs-OVA. Finally, the target cell lysis was measured by adding the viability dye 7-aminoactinomycin D (7-AAD) (BD) at the end of the incubation and expressed as a percentage of the CFDA-SE+7-AAD+cells. Samples were analyzed using an LSRFortessa X20 flow cytometer (BD).

#### **Proteomic analysis**

## Sample preparation for liquid chromatography with tandem mass spectrometry analysis

Paraffin-embedded tissue sections from three mice per group of treatment were deparaffinized, proteins were extracted and digested, and the protein mixtures were analyzed by liquid chromatography with tandem mass spectrometry (LC-MS/MS) analysis, as previously reported.<sup>14</sup> The online supplemental material details sample preparation, chromatographic, and MS procedures.

#### MS/MS data processing

All raw files produced by LC-MS/MS were processed by the SEQUEST HT algorithm in Proteome Discoverer V.2.5 software (Thermo Fisher Scientific, California, USA). Experimental MS/MS spectra were compared with the theoretical mass spectra obtained by in silico digestion of a *Mus musculus* protein database containing 55,315 sequences (www.uniprot.org, accessed on March 1, 2022). The following searching criteria were set: trypsin enzyme, the maximum number of missed cleavages per peptide was set to two, mass tolerances of  $\pm 50$  ppm for precursor ions and  $\pm 0.8$  Da for fragment ions. Percolator node was used with a target-decoy strategy to give a final false discovery rate  $\leq 0.01$  based on q values, considering a maximum deltaCN of 0.05. Only peptides with peptide lengths of 5–30 amino acids, confidence at 'Medium' level and rank 1 were considered. Protein grouping and strict parsimony principles were applied.

## Protein profiles preprocessing, statistical evaluations and quantitative analysis

Peptide spectrum matches (PSMs) of the identified proteins were normalized using a total signal normalization method and compared using a label-free quantification approach as previously reported.<sup>13</sup> Briefly, data matrix dimensionality (MB49 bladder carcinoma, 24 samples×3011 distinct proteins; B16/F10 melanoma, 24 samples×2735 distinct proteins) was reduced by linear discriminant analysis (LDA) and proteins with p value≤0.05 were retained. Pairwise comparisons (CTR vs SFNs-OVA, CTR vs SFNs-CpG) were performed; fold change of proteins selected by LDA was estimated by DAve index<sup>15</sup> comparing the average PSMs (avPSMs). Specifically, positive DAve values indicate proteins upregulated in CTR, whereas negative DAve values indicate proteins upregulated in SFNs-OVA or SFNs-CpG. Finally, differentially expressed proteins (DEPs) selected by LDA were processed by Spearman's rank correlation and hierarchical clustering by applying Ward's method and the Euclidean distance metric. All processing was performed by JMP V.15.2 SAS software.

## MB49 bladder carcinoma and B16/F10 melanoma PPI network models

*Mus musculus* PPI network models were reconstructed starting from all proteins identified in MB49 bladder carcinoma and B16/F10 melanoma using the STRING Cytoscape's application<sup>16</sup>; physical and/or functional interactions were filtered by considering only those 'experiments' or/and 'databases' annotated, with a STRING score  $\geq 0.15$  and  $\geq 0.35$ , respectively. Using the same approach, other two PPI network models were reconstructed starting from DEPs selected for MB49 bladder carcinoma and B16/F10 melanoma, respectively; DEPs were grouped in functional modules by the support of the GO enrichment tool inserted in STRING Cytoscape's Application.<sup>16</sup>

Reconstructed networks were globally analyzed at the topological level by Analyzer application integrated into Cytoscape V.3.8.2.<sup>17</sup> In addition, Centiscape Cytoscape's application<sup>18</sup> calculated betweenness and centroid centralities, and nodes with above-average values were considered PPI hubs.<sup>19</sup> Finally, the statistical significance of all topological results was tested by considering randomized network models<sup>20</sup>; they were reconstructed and analyzed by an in-house R script based on VertexSort (to build random models), igraph (to compute centralities), and ggplot2 (to plot results) libraries; results were visualized in the form of violin plots.

#### **Statistical analysis**

Raw data were processed through STATGRAPHICS XVII (StatPoint Technologies, Warrenton, Virginia, USA). A general linear analysis of variance model was generated to evaluate the data. In detail, tumor size data in mice were analyzed considering the treatment and the time as fixed factors and the tumor size as the response variable. The function was then followed by a least significant difference test to estimate the differences between means. Statistical significance was set at p<0.05.

#### RESULTS

#### Preparation and characterization of SFNs

Injectable formulations containing SFNs, SFNs-OVA and SFNs-CpG were prepared and characterized before in vitro and in vivo testing (figure 1).

Figure 1A shows the morphological analysis of the formulations containing SFNs, SFNs-OVA and SFNs-CpG at three different magnifications (rows a, b and c). As seen at all magnifications, especially row c, the nanoparticles are immersed in a homogeneous matrix of mannitol. At all magnifications, especially rows a and b, the nanoparticles appear round, without apparent aggregates, and with smooth surfaces. Figure 1B shows that the yield percentage was 32.7% for SFNs-OVA. Overall, high encapsulation efficiency for OVA was obtained. For SFNs-CpG, the CpG loading was verified by analyzing their micro-analytical composition. The relative abundance of



**Figure 1** Characterization of SFNs. (A) Morphological investigation by SEM of SFNs, SFNs-OVA and SFNs-CpG at 200 k× (a), 100 k× (b) and 50 k× (c). (B) Yield, encapsulation efficiency and drug loading for the formulations prepared. Data are reported as mean $\pm$ SD, n=3. (C) Mean diameter, mode, d<sub>10</sub>, d<sub>50</sub> and d<sub>90</sub> for all the samples. Values are reported in nm as mean value $\pm$ SD, n=5. Z potential is reported in mV. (D) Physico-chemical characterization by IR: enlarged IR spectra between 1800 and 650 cm<sup>-1</sup> for OVA, SFNs and SFNs-OVA. IR, infrared; OVA, ovalbumin; SFNs, silk fibroin nanoparticles; SEM, scanning electron microscopy.

phosphorus atoms in the mixture was traced back to the percentage amount of CpG, which was  $7.36\% \pm 0.720$  w/w.

All nanoparticle formulations showed a mean diameter of about 150 nm (figure 1C) and a negative surface charge. No significant increase in particle size or change in Z potential was observed after the loading of SFNs with OVA or CpG. The PDI values were lower than 0.3 for all the formulations, confirming that the samples are monodisperse. Overall, the nanoparticle size, morphology and shape are optimal for cancer cells' uptake.<sup>21</sup>

Figure 1D shows the IR spectra between 1800 and  $650 \text{ cm}^{-1}$ . The protein amide I and II bands are present between 1600–1700 and 1500–1600 cm<sup>-1</sup>, respectively, the most sensitive region of the IR spectrum for protein secondary structure analysis. In particular, the band at  $1633 \text{ cm}^{-1}$  in the OVA sample confirmed the presence of

β-sheet structure. Even in the SFNs spectrum, the high content of β-sheet domains is revealed by the characteristic bands in the spectral region of amide I at 1620 cm<sup>-1</sup> (C=O stretching) and amide II at 1512 cm<sup>-1</sup> (N–H bending). For SNFs-OVA, the typical bands of amide I and II of the two protein components are distinguishable. This technique did not reveal the presence of CpG in SFNs-CpG as below the sensitivity (data not shown).

The DSC thermal analysis supported the spectroscopic data: all the samples showed a typical profile of an amorphous compound with an endothermic effect around 270°C, associated with a loss of mass in the thermogravimetric curve, linked to sample decomposition (data not shown).

The residual humidity of freeze-dried formulations never exceeded 3%, and the osmolarity value was always between 320 and 350 mOsm/Kg. Moreover, the measured pH value was always in the range of 7.2–7.6.

#### Internalization of SFNs by cancer cells and DCs

Experiments were conducted to demonstrate that nanoparticles can be effectively up-taken by tumor cells and that this phenomenon is not restricted to a specific cell line or histological type. This first set of experiments was performed using SFNs-CUR, taking advantage of the autofluorescence emitted by curcumin, that makes the test fast and very sensitive. Interestingly, all tested cancer cells showed the capacity to internalize SFNs-CUR although with variable efficiencies, ranging from 40% (LLC1 cells at 1 hour) to 99% (5637 cells at 1 hour) of the total cell population (figure 2, panels A and B). Repeating the experiments using SFNs-OVA, that would have been subsequently administered to mice in the in vivo experiments, we observed again that all tested cell lines internalized the nanoparticles (online supplemental figure S1). Notably, internalization of soluble OVA (i.e., not carried by SFNs) was negligible unless the antigen was mixed with unloaded nanoparticles (a phenomenon likely due to a partial spontaneous OVA absorption on SFNs followed by their internalization by cancer cells). Next, the experiments were repeated on B16/F10 melanoma cells and MB49 bladder cancer cells purified from excised tumors exposed either ex vivo or in vivo to SFNs-OVA. Figure 2C,D show cell internalization of OVA in all experimental conditions.

We also observed that both splenic DCs and DCs present within TME could uptake fibroin nanoparticles (figure 2E and F).

These findings collectively suggest that fibroin nanoparticles are an effective tool to vehicle antigen and adjuvant into both tumor cells and DCs, providing the immunological basis for redirecting effective immune responses within the TME.

In the view of administering SFNs in vivo a relevant issue concerns their eventual direct cytotoxicity. Analysis of cell viability in the above reported tests revealed that SFNs internalization induced a moderate level of cytotoxicity on cancer cells (no more than 20% mortality) but not on healthy DCs, suggesting that nanoparticles may slightly impact on viability of cancer cells but not of healthy cells (online supplemental figure S2A). These data were confirmed by an MTT assay that showed a moderate loss of viability only by cancer cells after 4 hours of exposition to SFNs (again no more than 20% mortality), while viability of one line of adipose tissue-derived stem cells from a healthy donor was not affected (online supplemental figure S2B).

## Assessment of immunological and biological effects mediated by SFNs-OVA and SFNs-CpG on TME

Based on the above, we tested the effects of SNFs, SFNs-OVA and SFNs-CpG in vivo. In particular, we addressed two issues: (a) whether SNFs-OVA could redirect into TME and against tumor cells a pre-existing immune response to a non-tumor antigen such as OVA; (b) whether local administrations of either SFNs-OVA or SFNs-CpG were able to induce proteomic changes within TME.

Concerning the first issue, splenic and tumor-infiltrating T lymphocytes were purified from B16/F10 and MB49 cell challenged OVA-hyperimmune mice peritumorally treated with SFNs or SFNs-OVA. Figure 3A and B show that only tumor cells pre-incubated with SFNs-OVA, but not those pre-incubated with unloaded SFNs, were efficiently killed by splenic (14% and 18% of cell lysis for B16/F10 and MB49 cells, respectively) and tumor-infiltrating T cells (19% and 16% of cell lysis for B16F10 and MB49 cells, respectively).

Since in the MB49 tumor we found a richer T-cell tumor infiltrate than in the B16/F10 melanoma, we could also perform experiments testing OVA-specific IFN-y production by tumor-infiltrating T lymphocytes. Figure 3C shows that IFN-y-secreting CD4+ and CD8+ OVA-specific T splenocytes were observed in OVA pre-immunized animals, as expected. The frequency of these cells increased in animals treated with SFNs-OVA (figure 3D). When intratumoral T cells were analyzed, IFN-y-secreting CD4+ and CD8+ OVA-specific T lymphocytes were observed in animals treated with SFNs-OVA but not in untreated ones (figure 3E and F). In the same experiments, the frequency of IL-10-secreting OVA-specific T splenocytes was negligible (figure 3C-3F), suggesting that SFN-OVA immunization privileges the expansion of potential effectors over regulatory T cells.

Concerning the landscape of proteomic variations induced by SFNs-OVA and SFNs-CpG treatments, 2735 and 2463 proteins were identified in B16/F10 melanoma and MB49 bladder cancer, respectively; only 1067 proteins were shared by both models, likely as a result of the different biology of the respective tissues (online supplemental figure S3, datafiles S1 and S2). By comparing the characterized protein profiles, 245 and 332 proteins were found differentially expressed in B16/F10 melanoma and MB49 bladder cancer models, respectively (online supplemental figure S3, datafiles S3 and S4). Of note,



**Figure 2** SFNs internalization by cancer cells and DCs. (A) Different mouse or human cancer cell lines were incubated for (a) 1 hour, (b) 2 hours, (c) 4 hours, and (d) 24 hours, alone (left bars) or in the presence of unloaded SFNs (middle bars) or curcumin loaded SFNs (right bars), and evaluated by flow cytometry using a green light-emitting laser; (B) Tumor cells derived from tumors excised from MB49 challenged mice were incubated with curcumin loaded SFNs for 4 hours and evaluated by confocal microscopy (plasma membrane of cells: red signal; curcumin SFNs: green signal). (C) B16/F10 melanoma cells (upper row) and MB49 bladder cancer cells (lower row) purified from an excised tumor were incubated (right panels) or not (left panels) for 4 hours with SFNs-OVA, then fixed and permeabilized before incubation with an anti-OVA FITC labeled mAb and the following cytometric analysis. (D) B16/F10 melanoma cells (upper row) and MB49 bladder cancer cells (lower row) purified from an excised tumor treated peritumorally (right panels) or not (left panels) in vivo with SFNs-OVA were fixed and permeabilized before incubation with an anti-OVA FITC labeled mAb and the following cytometric analysis. (E) Splenic DCs from C57BL/6J mice were incubated (right panel) or not (left panel) for 24 hours with curcumin-loaded SFNs and evaluated by flow cytometry; (F) DCs purified from B16/F10 melanoma tumor excised from SFNs-OVA treated (right panel) or not treated (left panel) mice were fixed and permeabilized before incubation with an anti-OVA FITC labeled mAb and the following cytometric analysis. DCs, dendritic cells; FITC, fluorescein isothiocyanate; FSC-A, forward scatter; mAb, monoclonal antibody; OVA, ovalbumin; SFNs, silk fibroin nanoparticles.

a set of them resulted regulated with the same trend in both models (table 1).

6

In this context, following SFNs-OVA and SFNs-CpG treatments, we observed downregulation of proteins

involved in metastatic progression of cancer cells, such as Hmga1,<sup>22</sup> or erythrocytes (Ank1, Hba-a1, Hbb-b2, Hbb-bs) and blood vessel (Plg) development. On the other hand, proteins involved in endocytosis/major



Figure 3 Intratumor expansion of IFN-γ-secreting and cytotoxic OVA-specific T lymphocytes by treatment with SFNs-OVA of tumor-challenged mice pre-immunized against OVA. (A) Cytotoxic activity against B16/F10 melanoma cells pre-exposed to unloaded SFNs (white) or SFNs-OVA (black) by either splenocytes (a-b) or tumor-infiltrating T lymphocytes (c-d) from a representative OVA pre-immunized C57BL/6J mouse challenged with B16-F10 cells and intratumorally treated with SFNs-OVA. (B) Cytotoxic activity against MB49 bladder carcinoma cells pre-exposed to unloaded SFNs (white) or SFNs-OVA (black) by either splenocytes (a-b) or tumor-infiltrating T lymphocytes (c-d) from a representative OVA pre-immunized C57BL/6J mouse challenged with MB49 cells and intratumorally treated with SFNs-OVA. (C) Expansion of OVA-specific T splenocytes in a representative OVA pre-immunized C57BL/6J mouse challenged with MB49 bladder carcinoma cells. Upper row: frequencies of IFN-\gamma-secreting and IL-10-secreting T splenocytes in a non-antigen stimulated in vitro culture; lower row: frequencies of IFN-γ and IL-10-secreting splenocytes in an OVA stimulated in vitro culture; (D) Expansion of OVA-specific T splenocytes in a representative OVA pre-immunized C57BL/6J mice challenged with MB49 bladder carcinoma cells and intratumorally treated with SFNs-OVA. Upper row: frequencies of IFN-γ-secreting and IL-10-secreting T splenocytes in a non-antigen stimulated in vitro culture; lower row: frequencies of IFN-γ-secreting and IL-10-secreting T splenocytes in an OVA stimulated in vitro culture; (E) Expansion of tumor-infiltrating OVA-specific T lymphocytes in a representative OVA pre-immunized C57BL/6J mouse challenged with MB49bladder carcinoma cells. Upper row: frequencies of IFN-γ-secreting and IL-10-secreting T lymphocytes in a non-antigen stimulated in vitro culture; lower row: frequencies of IFN-y-secreting and IL-10-secreting T lymphocytes in an OVA stimulated in vitro culture; (F) Expansion of tumor-infiltrating OVA-specific T lymphocytes in a representative OVA preimmunized C57BL/6J mouse challenged with MB49 bladder carcinoma cells and peritumorally treated with SFNs-OVA. Upper row: frequencies of IFN-γ-secreting and IL-10-secreting T lymphocytes in a non-antigen stimulated in vitro culture; lower row: frequencies of IFN-γ-secreting and IL-10-secreting T lymphocytes in an OVA stimulated in vitro culture. All the experiments were replicated three times. APC, allophycocyanine; FITC, fluorescein isothiocyanate; IFN, interferon; IL, interleukin; OVA, ovalbumin; SFNs, silk fibroin nanoparticles.

histocompatibility complex class II antigen presentation (Capza2, Rab7a, Cltc) and collagen-containing extracellular matrix (Dcn, Lum, Colla1) were upregulated.

Similarly to their effects on protein expression, SNFs-OVA and SFN-CpG treatments modulated specific functional modules by inducing an analogous expression trend in both models: proteins involved in the immune system function and the vesicle-mediated transport increased their expression, while those related to angiogenesis and T-complex were downregulated (figure 4, online supplemental figures S4–S5).

Indeed, the different biology between the two cancer models could explain some differences and specificities observed following SFNs-OVA and SFNs-CpG treatments, such as downregulation of keratins, potential prognostic markers in melanoma,<sup>23</sup> and SERPINs,<sup>24</sup> that appeared

Table 1	Differentially expressed proteins with the same
expressio	on trend in both models

	B16/F10mela	noma	MB49 bladder o	cancer							
Gene name	CTR vs SFNs-OVA*	CTR vs SFNs-CpG	CTR vs SFNs-OVA	CTR vs SFNs-CpG							
Ank1	2.0	2.0	1.6	2.0							
Ero1a	1.1	2.0	0.2	0.4							
Hba-a1	1.1	1.2	1.0	0.7							
Hbb-b2	0.9	0.8	0.8	1.3							
Hbbs	1.5	1.5	0.7	1.2							
Hmga1	2.0	2.0	2.0	2.0							
Myadm	2.0	2.0	2.0	1.6							
Plec	1.4	0.9	0.4	1.2							
Plg	1.5	0.8	1.0	0.9							
Snrpf	2.0	1.4	2.0	2.0							
Stom	2.0	2.0	2.0	2.0							
Aldh2	-0.4	-0.8	-1.0	-1.5							
Capza2	-1.4	-1.6	-0.4	-0.8							
Cltc	-0.8	-0.6	-0.5	-0.5							
Col1a1	-1.1	-1.0	-0.9	-1.3							
Dcn	-1.4	-1.4	-2.0	-2.0							
Lum	-2.0	-2.0	-2.0	-2.0							
Msn	-0.4	-0.7	-1.0	-1.3							
Rab7a	-1.0	-1.4	-1.0	-0.3							
Rps16	-0.9	-0.7	-0.5	-0.2							

\*For each pairwise comparison (CTR vs SFNs-OVA; CTR vs SFNs-CpG) DAve index is shown; positive DAve values indicate proteins upregulated in CTR (downregulated in SFNs treatments), while negative DAve values indicate proteins upregulated following SFNs treatments (downregulated in CTR).

CTR, control; OVA, ovalbumin; SFN, silk fibroin nanoparticle

more consistent in the B16/F10 melanoma model than in the MB49 one (online supplemental figure S6).

Comparing the effects differentially mediated by SFNs-OVA and SFNs-CpG treatments, SFNs-OVA were found to be more effective in reducing angiogenesis, while SFNs-CpG in reducing keratins expression and in upregulating proteins involved in immune system activity (online supplemental figures S4–S6).

### Hub proteins as key players of the proteome modulation mediated by SFNs-OVA and SFNs-CpG treatments

Interesting indications that support the efficacy of SFNs-OVA and SFNs-CpG treatments emerged from the topological analysis of PPI network models (online supplemental figure S7).

In this context, concerning the B16/F10 melanoma model, both Akt1 and Pik3r2, the best-ranked hubs in untreated tumors, were not identified in any B16/F10 samples treated with SFNs-OVA and SFNs-CpG (Data file S5), likely sign of tumor suppressive effect based on the well-known protumoral effects of both pathways reported in melanoma and other cancers.<sup>25 26</sup> Conversely, Itgb2, whose expression was reported to correlate with the infiltration of all types of immune cells,<sup>27 28</sup> potentially predisposing to improved effectiveness of immunotherapy and

improved overall survival, was the best-ranked hub in all B16/F10 samples treated with SFNs-OVA and SFNs-CpG (Data online supplemental file 5). Fau was another interesting hub found in all B16/F10 samples treated with SFNs-OVA and SFNs-CpG since it has been proposed as a candidate tumor suppressor protein acting by regulation of apoptosis in human cells.<sup>29</sup>

Concerning the MB49 bladder cancer model, we found high mobility group protein HMGI-C (Hmga2) as the best-ranked hub protein (Data file S6); this protein, which was not identified in any MB49 samples treated with SFNs-OVA and SFNs-CpG, has been widely associated with cancer progression,<sup>30</sup> also in the bladder,<sup>31</sup> and is specifically targeted to inhibits bladder cancer metastasis.<sup>32 33</sup> On the opposite, cAMP-dependent protein kinase (PKA) catalytic subunit beta (Prkacb), a catalytic subunit of cAMP-dependent PKA that regulates numerous fundamental biological processes such as metabolism, development, memory, and immune response, resulted the best hub of all MB49 samples treated with SFNs-OVA and SFNs-CpG and of B16/F10 melanoma samples treated with SFNs-OVA (Data files S5 and S6). This is of relevance since Prkacb gene encodes several splice variants, including C $\beta$ 2, which is enriched in T cells, B cells and natural killer cells,<sup>34</sup> and its increased expression is associated with a favorable prognosis in different cancers.<sup>35</sup> The best-ranked hubs following treatment with SFNs-OVA in MB49 samples were cytotoxic granule-associated RNA binding protein TIA1 (Tia1) and nuclear factor of kappa light polypeptide gene enhancer in B cells 1 (Nfkb1). Noteworthy, Tia1 has been described as an important tumor suppressor molecule,<sup>29</sup> and other authors speculated that CD8/Tia1+infiltrating TME confer superior survival to patients with localized osteosarcoma.<sup>36</sup> Also of note, the knockout of Nfkb1, an important regulator of NF-KB activity in vivo, has been associated in mouse models with increased inflammation and susceptibility to certain forms of DNA damage, leading to cancer and a rapid aging phenotype.<sup>37</sup>

#### Therapeutic efficacy of the different SNFs formulations

OVA hyperimmune, B16/F10 melanoma-challenged C57BL/6J mice were untreated or treated peritumorally with either unloaded SFNs, SFNs-OVA, SFNs-CpG or the combination of SFNs-OVA plus SFNs-CpG. Both treatments with SFNs-OVA and SFNs-CpG significantly slowed tumor growth compared with the last two control groups of mice (figure 5). When B16/F10 melanoma-challenged mice were treated with a combination of SNFs-OVA and SFNs-CpG, tumor growth was significantly reduced compared with control mice and mice treated with either SFNs-OVA alone or SFNs-CpG alone (figure 5), showing a remarkable additive effect likely due to the association of their mechanisms of action. Proteomic analyses were performed on tumor specimens from mice treated with the combination of SFNs-OVA and SFNs-CpG to assess this possibility (figure 6).



**Figure 4** Proteomic and systems biology outcomes of SFNs administration at the tumor site. The analyses evidence the functional modules affected by SNFs-OVA and SFN-CpG treatments in both MB49 bladder cancer and B16/F10 melanoma models. Red, green and blue color codes indicate the percentage of proteins with high-, medium- and low expression, respectively, based on a PSMs-based label-free quantification. The pie chart size is proportional to the number of DEPs per module. CTR, control; DEP, differentially expressed protein; OVA, ovalbumin; SFNs, silk fibroin nanoparticles.

Correlation among DEP profiles was observed, indicating a consistent proteome remodeling and a synergic effect of SFNs-OVA and SFNs-CpG treatment (figure 6). This mainly appeared evident for keratins, complement and coagulation cascades, angiogenesis, SERPINs and erythrocyte-related proteins, which were mainly downregulated following the action of both SFNs-OVA and SFNs-CpG. Of note, keratins' downregulation appeared





ล



**Figure 6** Proteome and functional modules characterized by nLC-hrMS/MS analysis of tissues from the B16/F10 melanoma model. (A) Spearman's correlation and hierarchical clustering (B) among profiles of DEPs. (C) PPI network model reconstructed by Cytoscape's STRING application starting from proteins differentially expressed by comparing B16/F10 melanoma model untreated (CTR) and treated with SFNs-OVA plus SFNs-CpG. Proteins were grouped in functional modules. The red color code (positive DAve values) indicates proteins upregulated in CTR (vs SFNs-OVA plus SFNs-CpG samples), while the blue color code (negative DAve values) indicates proteins upregulated in SFNs-OVA plus SFNs-CpG samples (vs CTR). (D) Functional modules most affected by SNFs treatments in B16/F10 melanoma model. Red, green and blue color codes indicate the percentage of proteins with high expression, medium expression and low expression, respectively, based on a PSMs-based label-free quantification. The pie chart size is proportional to the number of DEPs per module. CTR, control; DEP, differentially expressed protein; ECM, extracellular matrix; OVA, ovalbumin; PSMs, peptide spectrum matches; SFNs, silk fibroin nanoparticles; TCA, tricarboxylic acid cycle.

mainly mediated by the presence of CpG, while OVA mainly affected the downregulation of the complement and coagulation cascades, suggesting not only an additive mechanism of action but complementary as well.

#### DISCUSSION

In this study, we explored an innovative active immunotherapy approach aimed at redirecting a previously consolidated immune response toward the tumor against a re-call antigen. In our system, a non-tumorassociated antigen was delivered within tumor cells using SFNs. SF has been selected as the material to nanoencapsulate antigen and adjuvant because it is biocompatible, it provides mechanical durability, and its enzyme-mediated degradation supports the sustained intracellular release after nanoparticle uptake by cancer cells.<sup>21</sup> Clearly, based on the use of SFNs, our system provides a safety profile that escapes the concerns related to administering live pathogens

to potentially immune-compromised patients, which has been recently reported.<sup>38</sup> Also, following administration in mice, the lack of inflammatory signs at peripheral tissues seems to rule out the risks related to the onset of inflammatory/autoimmune manifestations; this is probably linked to the fact that, in our model, SFNs are administered at the tumor site, and both tumor and DCs exert a preferential uptake. In this regard, the selective uptake of SFNs by tumors may be further refined through the functionalization of the nanoparticle surface with ligands able to provide active targeting, and many examples in the literature exploited the large amounts of available amino and carboxyl groups in fibroin peptides to link oligonucleotides or peptides.<sup>39-44</sup> This may also avoid the onset of an autoimmune response when the nanoparticles are uptaken by healthy instead of tumor cells.

Our data also showed that our approach effectively redirected immunity against a re-call antigen toward the tumor, involving in this process both innate and adoptive harms of the immune response (in particular, DCs, which were shown to efficiently uptake SFNs, and T cells, respectively). Concerning DCs, their involvement is important since these cells orchestrate innate and adaptive immune responses, so their function is crucial for effective anticancer immunity.<sup>45</sup> Concerning T cells, both CD4+ and CD8+ IFN- $\gamma$ -secreting/cytotoxic T cells were detected among tumor-infiltrating lymphocytes of SFNs-OVA treated mice, specifically demonstrating the efficiency of our 'Trojan horse' strategy in redirecting the anti-OVA immune response against tumor cells.

The proteomic analyses of tumors treated with SFNs, and their evaluation at a holistic level by network models, allowed us to appreciate the involvement of not strictly immune-mediated mechanisms among the effects of the treatments.

Indeed, our data envisage the possibility of translating into clinics this 'Trojan-horse', immune response-centered strategy, that is, adopting, as immunogens, antigens of the compulsory vaccines recommended by the international health institutes for the prevention of infectious diseases. The advantage of this 'Trojan-horse' approach would be that each single patient with cancer, independently from the tumor's histological nature, could have already at play the appropriate immunological background to be treated. Hence, this approach would recapitulate the essence of personalized medicine with the need for universality. The 'Trojan-horse' approach could also synergize well with immune checkpoint inhibitors, favoring the unleashing of T cells effector activities. Finally, based on the continuous improvement of technologies for local site delivery of immunotherapies,<sup>46</sup> our innovative strategy could find a role in the treatment with eradication purpose of non-metastatic tumors, such as glioblastoma, as well as in palliative therapy of all surgically unresectable tumor masses. However, to ensure clinical success, many challenges in the translation from bench to bedside still must be addressed for SFNs, ranging from the technological and Good Manufacturing Practice large-scale manufacturing challenges, including quality control and batch release requirements, to the biological ones, including biocompatibility, biodegradability and safety, as we recently discussed in detail.<sup>47</sup>

#### **Author affiliations**

<sup>1</sup>Department of Pharmaceutical Sciences, University of Piemonte Orientale, Novara, Piemonte, Italy

<sup>2</sup>Department of Internal Medicine and Centre of Excellence for Biomedical Research, University of Genoa, Genova, Liguria, Italy

<sup>3</sup>Department of Drug Sciences, University of Pavia, Pavia, Lombardia, Italy
<sup>4</sup>PharmaExceed S.r.I, Pavia, Lombardia, Italy

<sup>5</sup>Institute for Biomedical Technologies, ITB CNR, Segrate, Lombardia, Italy

<sup>6</sup>Anatomic Pathology Unit, IRCCS Ospedale Policlinico San Martino, Genova, Liguria, Italy

<sup>7</sup>Department of Surgical and Integrated Diagnostic Sciences, University of Genoa, Genova, Liguria, Italy

<sup>8</sup>Biotherapy Unit, IRCCS Ospedale Policlinico San Martino, Genova, Liguria, Italy

Acknowledgements The authors thank Dr Sara Tengattini from University of Pavia, Department of Drug Sciences for OVA quantitative analysis, and Dr Ilaria Giuseppina Tredici from the Arvedi Laboratory, CISRiC (Centro Interdipartimentale di Studi e Ricerche per la Conservazione del Patrimonio Culturale), Pavia, Italy for the scanning electron microscopy and energy dispersive spectrometry analyses. Also, The authors also thank Professor Lorenzo Moretta and Professor Paola de Candia for their precious suggestions and comments on the manuscript.

**Contributors** Guarantor: GF. Conceptualization: GF, MLT, DDS. Methodology: EB, FF, TA, SP, PM, RR, GP, LM, DF, GF. Investigation: EB, FF, TA, SP, PM, RR, GP, LM, MG, GIA, MM, DF. Visualization: GF, MLT, DDS, DF, FF, LM. Funding acquisition: GF, MLT, DDS, PM. Project administration: GF, MLT. Supervision: GF, MLT, DDS. Writing—original draft: GF, MLT, DDS. Writing—review and editing: GF, MLT, DDS, FF, DF, EB.

**Funding** This research was funded by grants from: Ministero della Salute, Progetto 5M-2019-2366468 – 5 per mille, 'Generazione di organoidi tumorali da neoplasia solide ed ematologiche'; PON ELIXIR CNR-BiOMICS (PIR01\_00017), Elixir Implementation Study Proteomics (2019–2021 and 2021–2023) and Italian Ministry of Health (RF2019-12370396); Interreg V-A Italy-Switzerland 2014–2020—ATEx— Advanced Therapies Experiences (Project ID 637541).

**Competing interests** Data presented in this manuscript pertain to the Italian Patent Application N. 10201900008658 'Immunizzazione antitumorale mediata da nanoparticelle e basata su un'immunità preesistente' filed on June 11, 2019, granted on April 21, 2021, and the international patent application PCT/ IB2020/055456 'Nanoparticles for use in the redirection against the tumour of a non-tumour-specific immune response, based on a pre-existing immunity', Publication number W0/2020/250153, filed on June 10, 2020.The authors who are co-inventors in these patents are EB, FF, DF, SP, MLT and GF.

Patient consent for publication Not applicable.

Ethics approval Not applicable.

Provenance and peer review Not commissioned; externally peer reviewed.

**Data availability statement** All data relevant to the study are included in the article or uploaded as supplementary information. All data are available in the main text or the Supplemental materials.

**Supplemental material** This content has been supplied by the author(s). It has not been vetted by BMJ Publishing Group Limited (BMJ) and may not have been peer-reviewed. Any opinions or recommendations discussed are solely those of the author(s) and are not endorsed by BMJ. BMJ disclaims all liability and responsibility arising from any reliance placed on the content. Where the content includes any translated material, BMJ does not warrant the accuracy and reliability of the translations (including but not limited to local regulations, clinical guidelines, terminology, drug names and drug dosages), and is not responsible for any error and/or omissions arising from translation and adaptation or otherwise.

**Open access** This is an open access article distributed in accordance with the Creative Commons Attribution Non Commercial (CC BY-NC 4.0) license, which permits others to distribute, remix, adapt, build upon this work non-commercially, and license their derivative works on different terms, provided the original work is properly cited, appropriate credit is given, any changes made indicated, and the use is non-commercial. See http://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/.

#### ORCID iDs

Elia Bari http://orcid.org/0000-0003-0241-0620 Giuseppina Iliana Astone http://orcid.org/0000-0003-4206-3491 Maria Luisa Torre http://orcid.org/0000-0001-8062-6836 Gilberto Filaci http://orcid.org/0000-0001-6445-8414

#### REFERENCES

- Rosenberg SA, Yang JC, Restifo NP. Cancer immunotherapy: moving beyond current vaccines. *Nat Med* 2004;10:909–15.
- 2 Small EJ, Schellhammer PF, Higano CS, et al. Placebo-Controlled phase III trial of immunologic therapy with sipuleucel-T (APC8015) in patients with metastatic, asymptomatic hormone refractory prostate cancer. J Clin Oncol 2006;24:3089–94.
- 3 Saxena M, van der Burg SH, Melief CJM, et al. Therapeutic cancer vaccines. Nat Rev Cancer 2021;21:360–78.
- 4 Lee C-H, Yelensky R, Jooss K, et al. Update on tumor neoantigens and their utility: why it is good to be different. *Trends Immunol* 2018;39:536–48.
- 5 Rammensee H-G, Singh-Jasuja H. Hla ligandome tumor antigen discovery for personalized vaccine approach. *Expert Rev Vaccines* 2013;12:1211–7.

#### **Open access**

- 6 Januszkiewicz-Lewandowska D, Gowin E, Bocian J, et al. Vaccine-Derived immunity in children with Cancer-Analysis of anti-tetanus and Anti-Diphtheria antibodies changes after completion of antineoplastic therapy. *Pediatr Blood Cancer* 2015;62:2108–13.
- 7 Sau S, Alsaab HO, Bhise K, et al. Multifunctional nanoparticles for cancer immunotherapy: a groundbreaking approach for reprogramming malfunctioned tumor environment. J Control Release 2018;274:24–34.
- 8 Gao S, Yang D, Fang Y, *et al.* Engineering nanoparticles for targeted remodeling of the tumor microenvironment to improve cancer immunotherapy. *Theranostics* 2019;9:126–51.
- 9 Nasirmoghadas P, Mousakhani A, Behzad F, et al. Nanoparticles in cancer immunotherapies: an innovative strategy. *Biotechnol Prog* 2021;37:e3070.
- 10 Perteghella S, Crivelli B, Catenacci L, et al. Stem cell-extracellular vesicles as drug delivery systems: new frontiers for silk/curcumin nanoparticles. Int J Pharm 2017;520:86–97.
- 11 Crivelli B, Perteghella S, Bari E. Silk nanoparticles: from inert supports to bioactive natural carriers for drug delivery. *Soft Matter* 2017.
- 12 Crivelli B, Bari E, Perteghella S, *et al.* Silk fibroin nanoparticles for celecoxib and curcumin delivery: ROS-scavenging and antiinflammatory activities in an in vitro model of osteoarthritis. *Eur J Pharm Biopharm* 2019;137:37–45.
- 13 Palma C, La Rocca C, Gigantino V, et al. Caloric restriction promotes immunometabolic reprogramming leading to protection from tuberculosis. Cell Metab 2021;33:300–18.
- 14 Bari E, Di Silvestre D, Mastracci L. GMP-compliant sponge-like dressing containing MSC lyo-secretome: proteomic network of healing in a murine wound model. *Eur J Pharm Biopharma* 2020.
- 15 Di Silvestre D, Brambilla F, Mauri PL. Multidimensional protein identification technology for direct-tissue proteomics of heart. *Methods Mol Biol* 2013;1005:25–38.
- 16 Doncheva NT, Morris JH, Gorodkin J, et al. Cytoscape StringApp: network analysis and visualization of proteomics data. J Proteome Res 2019;18:623–32.
- 17 Su G, Morris JH, Demchak B, et al. Biological network exploration with Cytoscape 3. Curr Protoc Bioinformatics 2014;47:11–24.
- 18 Scardoni G, Tosadori G, Faizan M, et al. Biological network analysis with CentiScaPe: centralities and experimental dataset integration. F1000Res 2014;3:139.
- 19 Burrello J, Tetti M, Forestiero V, et al. Characterization of circulating extracellular vesicle surface antigens in patients with primary aldosteronism. *Hypertension* 2021;78:726–37.
- 20 Tosadori G, Bestvina I, Spoto F, *et al.* Creating, generating and comparing random network models with NetworkRandomizer. *F1000Res* 2016;5:2524.
- 21 Donahue ND, Acar H, Wilhelm S. Concepts of nanoparticle cellular uptake, intracellular trafficking, and kinetics in nanomedicine. Adv Drug Deliv Rev 2019;143:68–96.
- 22 Wang Y, Hu L, Zheng Y, et al. Hmga1 in cancer: cancer classification by location. J Cell Mol Med 2019;23:2293–302.
- 23 Han W, Hu C, Fan Z-J, et al. Transcript levels of keratin 1/5/6/14/15/16/17 as potential prognostic indicators in melanoma patients. Sci Rep 2021;11:1023.
- 24 Lorenz N, Loef EJ, Verdon DJ, et al. Human T cell activation induces synaptic translocation and alters expression of the serine protease inhibitor neuroserpin and its target protease. J Leukoc Biol 2015;97:699–710.
- 25 Kircher DA, Trombetti KA, Silvis MR, *et al.* AKT1<sup>E17K</sup> Activates Focal Adhesion Kinase and Promotes Melanoma Brain Metastasis. *Mol Cancer Res* 2019;17:1787–800.
- 26 Liu J, Zhong F, Cao L, et al. 7-Dehydrocholesterol suppresses melanoma cell proliferation and invasion via Akt1/NF-κB signaling. Oncol Lett 2020;20:1.

- 27 Nurzat Y, Su W, Min P, et al. Identification of therapeutic targets and prognostic biomarkers among integrin subunits in the skin cutaneous melanoma microenvironment. *Front Oncol* 2021;11:751875.
- 28 Kwak M, Erdag G, Leick KM, Leick LaRoche KM, et al. Associations of immune cell homing gene signatures and infiltrates of lymphocyte subsets in human melanomas: discordance with CD163+ myeloid cell infiltrates. J Transl Med 2021;19:371–23.
- Liu Y, Liu R, Yang F, et al. miR-19A promotes colorectal cancer proliferation and migration by targeting TIA1. *Mol Cancer* 2017;16:53.
   Mansoori B, Mohammadi A, Ditzel HJ, et al. Hmg2 as a critical
- Mansoori B, Mohammadi A, Ditzel HJ, et al. Hmga2 as a critical regulator in cancer development. *Genes* 2021;12:269.
   Yang GL, Zhang HL, Ba, Huster C.
- 31 Yang GL, Zhang LH, Bo JJ, et al. Overexpression of HMGA2 in bladder cancer and its association with clinicopathologic features and prognosis HMGA2 as a prognostic marker of bladder cancer. Eur J Surg Oncol 2011;37:265–71.
- 32 Chen Z, Li Q, Wang S, *et al.* miR-485-5p inhibits bladder cancer metastasis by targeting HMGA2. *Int J Mol Med* 2015;36:1136–42.
- 33 Shi Z, Li X, Wu D, et al. Silencing of HMGA2 suppresses cellular proliferation, migration, invasion, and epithelial-mesenchymal transition in bladder cancer. *Tumour Biol* 2016;37:7515–23.
- 34 Moen LV, Sener Z, Volchenkov R, et al. Ablation of the Cβ2 subunit of PKA in immune cells leads to increased susceptibility to systemic inflammation in mice. *Eur J Immunol* 2017;47:1880–9.
- 35 Tang J, Luo Y, Wu G. A glycolysis-related gene expression signature in predicting recurrence of breast cancer. *Aging* 2020;12:24983–94.
- 36 Palmerini E, Agostinelli C, Picci P, et al. Tumoral immune-infiltrate (IF), PD-L1 expression and role of CD8/TIA-1 lymphocytes in localized osteosarcoma patients treated within protocol ISG-OS1. Oncotarget 2017;8:111836–46.
- 37 Cartwright T, Perkins ND, L Wilson C. Nfkb1: a suppressor of inflammation, ageing and cancer. *Febs J* 2016;283:1812–22.
- 38 Selvanesan BC, Chandra D, Quispe-Tintaya W, et al. Listeria delivers tetanus toxoid protein to pancreatic tumors and induces cancer cell death in mice. Sci Transl Med 2022;14:eabc1600.
- 39 Mao B, Liu C, Zheng W, et al. Cyclic cRGDfk peptide and chlorin E6 functionalized silk fibroin nanoparticles for targeted drug delivery and photodynamic therapy. *Biomaterials* 2018;161:306–20.
- 40 Mottaghitalab F, Kiani M, Farokhi M, et al. Targeted delivery system based on Gemcitabine-Loaded silk fibroin nanoparticles for lung cancer therapy. ACS Appl Mater Interfaces 2017;9:31600–11.
- 41 Bian X, Wu P, Sha H, *et al.* Anti-EGFR-iRGD recombinant protein conjugated silk fibroin nanoparticles for enhanced tumor targeting and antitumor efficiency. *Onco Targets Ther* 2016;9:3153–62.
- 42 Gou S, Huang Y, Wan Y, et al. Multi-bioresponsive silk fibroin-based nanoparticles with on-demand cytoplasmic drug release capacity for CD44-targeted alleviation of ulcerative colitis. *Biomaterials* 2019;212:39–54.
- 43 Rodriguez-Nogales A, Algieri F, De Matteis L, et al. Intestinal antiinflammatory effects of RGD-functionalized silk fibroin nanoparticles in trinitrobenzenesulfonic acid-induced experimental colitis in rats. Int J Nanomedicine 2016;11:5945-58.
- 44 Bari E, Serra M, Paolillo M, et al. Silk fibroin nanoparticle functionalization with Arg-Gly-Asp cyclopentapeptide promotes active targeting for tumor site-specific delivery. *Cancers* 2021;13:1185.
- 45 Plesca I, Müller L, Böttcher JP, *et al.* Tumor-Associated human dendritic cell subsets: phenotype, functional orientation, and clinical relevance. *Eur J Immunol* 2022;52:1750–8.
- 46 Wang J, Zhang Y, Pi J, et al. Localized delivery of immunotherapeutics: a rising trend in the field. J Control Release 2021;340:149–67.
   47 Participant Control Release
- 47 Bari E. From bench to bedside: the long way towards GMP scale-up, preclinical and clinical trials for Silk-based drug delivery systems. In: *Silk-Based drug delivery systems*, 2021: 179–204.

Data file	S1. Proteins	identified by analyzing B16/F10 mela Annotations	anoma m	odel unt	reated (	CTR, n=3	biol. rep x 2	tech. re	ep), treat	ed with S	NFs-OVA	(SNFs-C	0VA, n=3	biol. rep	x 2 tech PSN	. rep), tre <b>Ms (B16/F</b> 1	ated with I <b>0 MELANC</b>	n SNFs-C <b>OMA MO</b>	CpG (SNFs <sup>.</sup> DEL)	-CpG, n=	=3 biol. rep x	2 tech. rep)	), treated wit	th SNFs-OVA	-CpG (SNFs-	OVA-CpG, n	=3 biol. r	<sup>.</sup> ep x 2 te	ch. rep). Pe <b>Av. PS</b>	eptide spectri <b>Ms</b>
ID UNIPRO	T Gene Name	Protein name	MW [kDa	] calc. pl	CTR1	CTR2 CTR3	CTR4 CT	5 CTR6	SNFs-OVA	L SNFs-OVA2	SNFs-OVA3	SNFs-OVA	4 SNFs-OVA	5 SNFs-OVA6	SFNs-CpG1	L SFNs-CpG2	SFNs-CpG3	SFNs-CpG4	\$FNs-CpG5	SFNs-CpG6	SFNs-OVA-CpG1	SFNs-OVA-CpG	2 SFNs-OVA-CpG3	SFNs-OVA-CpG4	SFNs-OVA-CpG5	SFNs-OVA-CpG6	IF	CTR SF	Ns-OVA SFNs-Cr	pG SFNs-OVA-CpG
P68134	Acta1 Acth	Actin, alpha skeletal muscle Producted gape 17087	42 41 7	5,39 7 3 7	55,6 77.6	53,8 35,4	37,3 33	6 39,7 7 79.3	76,5 94 1	60,3 92.3	63,1 105 1	63,4 112 5	60,8 101 4	60,4 100 7	68,9 113 1	63,3 101 4	71,6 91.0	83,8 98 1	74,9 116 2	68,7 115 2	63,2 102.0	65,3 99.2	57,7 82 7	64,2 89.6	72,5 113 0	70,2	100,0 100.0	42,5 78.4	64,1 71,9 101.0 105.9	· 65,5
Q8BFZ3	Actbl2	Beta-actin-like protein 2	41,7	7,37 5,49	35,3	35,0 53,7	56,6 49	2 54,1	43,1	43,5	67,3	67,5	62,8	64,2	67,1	54,0	43,0	44,0	75,8	68,7	56,9	54,8	40,4	45,2	68,4	70,2	100,0	47,3	58,1 58,8	3 56,0
P63268	Actg2	Actin, gamma-enteric smooth muscle	41,9	5,48	47,6	45,7 34,1	34,7 31	2 37,3	69,5	52,4	58,9	58,3	57,0	56,6	53,3	49,3	63,4	75,7	69,0	63,7	61,4	61,8	51,0	59,7	68,4	66,2	100,0	38,4	58,8 62,4	61,4
A1BN54	Actn1 Actn4	Alpha actinin 1a	102,7 107	5,48 5 36	6,2	5,4 7,9 8 1 9 2	9,0 7,	2 8,4 1 9.6	6,2 7.0	5,3 6 2	5,3 5 3	7,2 8 2	7,7 7 7	7,7 7 7	5,5 5,5	6,5 6 5	6,1 6 1	6,1 6 1	7,9 7 9	9,1 9.1	5,4 5.4	8,7 8 7	3,8 3,8	5,4 5.4	8,3 9 3	7,0 7.0	100,0 100.0	7,3 8.6	6,5 6,9 70 6.9	6,5
P07724	Alb	Albumin	68,6	5,30 6,07	69,7	69,9 57,6	55,3 53	9 57,7	17,6	21,3	42,0	44,0	38,6	42,2	46,9	43,7	28,6	32,7	26,6	29,3	25,3	23,5	22,1	27,1	9,5 19,7	20,0	100,0	60,7	7,0     0,9       34,3     34,6	5 23,0
P47738	Aldh2	Aldehyde dehydrogenase, mitochondrial	56,5	7,62	3,5	4,5 3,9	5,1 3,	5 4,8	1,8	4,4	7,4	8,2	8,7	5,8	10,1	12,1	10,2	8,2	7,9	11,1	5,4	8,7	10,6	13,6	4,1	5,0	100,0	4,2	6,0 9,9	7,9
A6ZI44	Aldoa Apya2	Fructose-bisphosphate aldolase	45,1 38 7	7,91 7,69	20,3	17,0 23,6 8 1 2 6	27,0 25	2 24,0	19,4	21,3	26,3 5 3	22,5 8 2	24,1	19,2 5 8	35,8	36,3	22,5 8 2	23,5	14,8 5 0	17,2 10.1	24,4	23,5	24,0	25,3	19,7 2 1	20,0	100,0 100.0	22,9	22,1 25,0	22,8
P48036	Anxa2 Anxa5	Annexin A2 Annexin A5	35,7	4,96	11,5	14,3 17,0	2,0 3, 16,7 14	4 13,2	12,3	4,4 12,4	11,6	3,2 17,4	13,5	16,3	4,0 19,3	16,7	11,2	18,4	13,8	13,1	20,8	2,0	14,4	15,4	16,6	16,0	100,0	4,2 14,5	13,9 15,4	4 17,3
Q99PT1	Arhgdia	Rho GDP-dissociation inhibitor 1	23,4	5,2	1,8	1,8 3,9	2,6 2,	3,6	1,8	1,8	3,2	4,1	1,9	2,9	4,6	3,7	2,0	4,1	5,9	4,0	2,7	2,6	3,8	1,8	6,2	7,0	100,0	2,7	2,6 4,1	4,0
Q03265	Atp5f1a Atp5f1b	ATP synthase subunit alpha, mitochondrial	59,7 56 3	9,19 5 34	24,7 42.3	26,9 40,6	38,6 37	2 37,3 6 31 2	21,1 40 5	22,2 30 0	34,7 56 7	37,8 58 3	33,8 52.1	29,7 58 5	29,4 67.1	28,8 61.4	24,5 41 9	21,5	34,5 69.0	42,5 50 5	29,8 56 0	31,3 51 4	30,8 50.0	19,0 41.6	30,1 49.7	34,1 56 1	100,0 100.0	34,2 39.4	29,9 30,2 51.0 53.6	. 29,2
P35564	Canx	Calnexin	50,5 67,2	3,34 4,64	42,5 3,5	3,6 2,6	5,1 6,	) 3,6	40,5 3,5	6,2	5,3	58,5 5,1	5,8	3,8	14,7	16,7	3,1	4,1	4,9	50,5 7,1	9,9	12,2	3,8	3,6	49,7 5,2	4,0	100,0	39,4 4,1	5,0 5,0 5,0 8,4	6,5
P80314	Cct2	T-complex protein 1 subunit beta	57,4	6,4	8,8	9,0 15,7	14,1 16	8 15,6	6,2	7,1	8,4	9,2	7,7	9,6	3,7	5,6	4,1	6,1	9,9	11,1	5,4	4,4	5,8	5,4	9,3	11,0	100,0	13,3	8,0 6,7	6,9
P80318	Cct3	T-complex protein 1 subunit gamma	60,6	6,7 6 9	4,4 5 2	3,6 6,5	5,1 6, 5 1 4	) 4,8 2 6.0	6,2	5,3 2 7	4,2	3,1	3,9 8 7	3,8	1,8 7.4	1,9	1,0	4,1 5 1	3,0	3,0 6 1	1,8	1,7	2,9	3,6	4,1 2 1	3,0 5.0	100,0 100.0	5,1 5,2	4,4 2,5	2,9
Q04447	Ckb	Creatine kinase B-type	42,7	6,9 5,67	5,5 19,4	25,1 21,0	14,1 20	4 20,4	ە,ە 27,3	2,7 27,5	2,1 24,2	2,0	8,7 24,1	9,0 23,0	7,4 16,5	8,4 13,0	2,0 18,4	5,1 17,4	4,9 17,7	21,2	17,2	0,1 17,4	5,8 19,2	2,7	17,6	5,0 16,0	100,0	20,1	24,8 17,4	4 18,3
Q68FD5	Cltc	Clathrin heavy chain 1	191,4	5,69	14,1	11,7 9,2	6,4 9,	5 4,8	20,2	23,1	21,0	19,4	21,2	21,1	17,5	15,8	18,4	16,4	15,8	18,2	18,1	20,0	16,4	15,4	18,7	15,0	100,0	9,3	21,0 17,0	) 17,2
Q01149	Col1a2	Collagen alpha-2(I) chain	129,5	9,19	7,9	8,1 10,5	9,0 2,	1,2	7,0	9,8 12.4	7,4	8,2	6,8	7,7	3,7	3,7	18,4	17,4	4,9	4,0	9,0	9,6 7.0	14,4	15,4	3,1	2,0	100,0	6,5	7,8 8,7	8,9
2501J6	Ddx17	Probable ATP-dependent RNA helicase DDX17	353,7 72,4	6,93 8,59	5,3 2,6	4,5 9,2 3,6 2,6	5,1 2,	6 12,0 1 2,4	14,1	2,7	5,3 3,2	3,1 2,0	3,9	3,8	12,9	14,9	26,6	28,6 4,1	2,0	3,0	9,9 4,5	7,0 6,1	5,8 4,8	3,6	42,5	41,1 4,0	100,0	9,0 3,1	2,9 2,6	4,5
Q62167	Ddx3x	ATP-dependent RNA helicase DDX3X	73,1	7,18	5,3	6,3 3,9	3,9 3,	5 4,8	8,8	9,8	7,4	3,1	8,7	8,6	3,7	2,8	4,1	6,1	4,9	6,1	9,9	12,2	6,7	9,0	8,3	8,0	100,0	4,6	7,7 4,6	9,0
Q61656	Ddx5	Probable ATP-dependent RNA helicase DDX5	69,2	8,92 5,27	6,2	8,1 2,6	5,1 2,	1 2,4	7,0	7,1	6,3	5,1	4,8	7,7	2,8	3,7	7,2	8,2	3,9	5,1	8,1	9,6	8,7	7,2	4,1	4,0	100,0	4,5	6,3 5,1	7,0
P31001 008553	Des Dpysl2	Desmin Dihydropyrimidinase-related protein 2	53,5 62.2	5,27 6.38	7,1 2.6	3,6 2,6 4.5 3.9	5,1 4, 6.4 7.	3 3,6 2 3.6	7,0 1.8	8,0 2.7	6,3 4.2	5,1 3.1	3,9 3.9	4,8 1.9	3,7 1.8	4,7 3.7	4.1	4.1	5,9 2.0	4,0 2.0	8,1 0.9	6,1 1.7	8,7 3.8	9,0 3.6	6,2 5.2	8,0 5.0	100,0	4,5 4.7	5,8 6,5 2.9 3.0	3.4
Q9JHU4	Dync1h1	Cytoplasmic dynein 1 heavy chain 1	531,7	6,42	4,4	4,5 6,5	3,9 2,	1 2,4	5,3	5,3	3,2	2,0	1,9	5,8	3,7	4,7	3,1	6,1	5,9	3,0	8,1	10,4	3,8	2,7	5,2	7,0	100,0	4,0	3,9 4,4	6,2
P10126	Eef1a1	Elongation factor 1-alpha 1	50,1	9,01	37,1	37,7 13,1	15,4 14	4 13,2	40,5	46,1	31,5	30,7	30,9	25,9	20,2	20,5	25,6	26,6	28,6	27,3	19,0	21,8	29,8	23,5	19,7	22,1	100,0	21,8	34,3 24,8	22,6
Q80106 Q9D8N0	Eef1d Fef1g	Elongation factor 1-delta Flongation factor 1-gamma	31,3 50	5,06 6.74	1,8 4,4	1,8 5,2 4.5 2.6	5,1 6, 5.1 3.	) 7,2 5 3.6	2,6 3.5	2,7	5,3 6.3	6,1 6.1	4,8 5.8	5,8 6.7	5,5 3.7	3,7 1.9	3,1 8.2	2,0 5.1	4,9 2.0	4,0 4.0	4,5 1.8	2,6 3.5	1,9 6.7	2,7	5,2 4,1	6,0 4,0	100,0 100.0	4,5 4.0	4,5 3,9 5.3 4.1	3,8 4,9
P58252	Eef2	Elongation factor 2	95,3	6,83	15,9	13,4 19,6	18,0 22	8 18,0	17,6	16,0	20,0	18,4	20,3	23,0	13,8	12,1	13,3	20,4	16,7	17,2	20,8	18,3	21,2	18,1	16,6	18,0	100,0	18,0	19,2 15,6	i 18,8
P60843	Eif4a1	Eukaryotic initiation factor 4A-I	46,1	5,48	9,7	9,9 11,8	11,6 9,	5 10,8	8,8	12,4	11,6	11,2	10,6	10,5	5,5	8,4	6,1	9,2	12,8	9,1	6,3	6,1	8,7	7,2	13,5	16,0	100,0	10,6	10,9 8,5	9,6
P10630 P17182	Eit4a2 Eno1	Eukaryotic initiation factor 4A-II Alpha-enolase	46,4 47 1	5,48 6.8	7,1 30.9	7,2 5,2 31.4 66.8	3,9 4, 591 55	3 4,8 1 50 5	7,0 40 5	9,8 40 8	8,4 50.4	9,2 47.0	6,8 41 5	6,7 39 3	4,6 36.8	6,5 37 <i>2</i>	4,1 28.6	7,2 26.6	9,9 29.6	8,1 32 3	6,3 56 0	5,2 47 9	6,7 32 7	5,4 39.8	6,2 39.4	8,0 37 1	100,0 100.0	5,5 49.0	8,0 6,7 43 3 31 9	6,3 9 42 1
P10404	env	MLV-related proviral Env polyprotein	69,6	7,96	2,6	1,8 2,6	2,6 1,	2 1,2	2,6	3,5	5,3	4,1	1,9	3,8	2,8	3,7	4,1	4,1	3,0	3,0	3,6	3,5	1,9	3,6	2,1	2,0	100,0	2,0	3,5 3,4	2,8
P19096	Fasn	Fatty acid synthase	272,3	6,58	15,0	11,7 19,6	20,6 20	4 16,8	22,0	22,2	27,3	26,6	29,0	30,7	27,6	23,3	12,3	16,4	23,6	16,2	25,3	22,6	23,1	22,6	17,6	19,0	100,0	17,3	26,3 19,9	21,7
Q8VCM7	Fgg 5 En1	Fibrinogen gamma chain Fibronectin	49,4 249.4	5,86 5 82	19,4 15 9	21,5 13,1 16 1 24 9	10,3 13	2 12,0 2 20.4	1,8 1.8	1,8 0 9	6,3 7 /	6,1 6 1	6,8 7 7	8,6 8.6	3,7 3 7	3,7 3 7	9,2 17 /	14,3 17.4	33,5 53.2	34,4 56 6	2,7	3,5	6,7 4 8	7,2	5,2 10 <i>4</i>	3,0 10.0	100,0 100.0	14,9 19.7	5,2 16,5 5,4 25.3	, 4,7 3 60
V9GX06	Gapdh	Predicted gene 11214 (Fragment)	19,9	7,42	8,8	13,4 2,6	3,9 7,	2 20,4 2 6,0	17,6	15,1	15,8	17,4	12,6	18,2	19,3	23,3	19,4	20,4	10,8	10,1	24,4	24,4	26,0	22,6	9,3	10,0	100,0	7,0	16,1 17,2	2 19,4
A0A1D5RLD8	Gm10358	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase	35,8	8,25	48,5	62,8 45,8	52,7 52	7 56,5	73,9	77,2	90,4	94,1	85,0	91,1	91,0	94,9	75,7	65,4	71,9	75,8	80,3	81,0	74,1	71,5	68,4	62,1	100,0	53,2	85,3 79,1	72,9
P05202	Got2	Aspartate aminotransferase, mitochondrial	47,4 62.7	9 8 1 2	5,3 7 1	0,9 6,5	5,1 4,	3 7,2 0 20.4	4,4 10.6	4,4 10.6	6,3	6,1 15 2	3,9 12 F	4,8 15 2	6,4 15 6	3,7	4,1	2,0	2,0	2,0	8,1	6,1	2,9	2,7	3,1	4,0 12.0	100,0	5,0 14.1	5,0 3,4	4,5
P19157	Gstp1	Glutathione S-transferase P 1	23,6	7,87	1,8	2,7 6,5	6,4 6,	0 20,4 ) 6,0	4,4	2,7	3,2	6,1	3,9	1,9	3,7	3,7	3,1	4,1	<i>9,9</i> 6,9	5,1 5,1	3,6	3,5	4,8	6,3	5,2	8,0	100,0	4,9	14,1     12,7       3,7     4,4	5,2
Q8CGP4	H2ac1	Histone H2A	14	11,21	22,1	19,7 44,5	34,7 40	8 39,7	22,9	24,8	31,5	32,7	29,0	27,8	35,8	33,5	20,5	23,5	34,5	34,4	34,3	30,5	23,1	19,0	33,2	37,1	100,0	33,6	28,1 30,4	4 29,5
Q64523	H2ac20	Histone H2A type 2-C	14	10,9	28,2	31,4 43,2	36,0 40	8 36,1 0 31.6	37,0	34,6	34,7	35,8 21 F	32,8	31,6	47,8	41,9	33,7 21 F	33,7	38,4	36,4	37,9	36,6	36,5	33,5	44,6	42,1	100,0	35,9	34,4 38,7	38,5
Q84522 Q8BFU2	H2ac21 H2aw	Histone H2A type 3	14 14,1	10,89	29,1	26,9 44,5	34,7 40	8 39,7	22,9 31,7	30,2	20,0 31,5	21,5 32,7	19,3 29,0	27,8	30,5 39,5	23,5 40,0	30,7	23,5 28,6	35,5	25,5 35,4	34,3	32,2	35,6	29,9	36,3	24,1 39,1	100,0	20,1 35,9	19,8     24,3       30,5     34,9	→ 34,6
Q3THW5	H2az2	Histone H2A.V	13,5	10,58	14,1	12,6 7,9	7,7 7,	2 7,2	12,3	14,2	13,7	13,3	12,6	13,4	15,6	14,0	14,3	15,3	13,8	14,2	20,8	15,7	17,3	16,3	10,4	11,0	100,0	9,4	13,2 14,5	, 15,2
P70696	H2bc1	Histone H2B type 1-A	14,2	10,29	12,4	9,9 9,2	9,0 7,	2 13,2	12,3	12,4	8,4	8,2 21.7	7,7 22 9	6,7 27 9	10,1	5,6	15,3	17,4	7,9	5,1	4,5	5,2	13,5	12,7	9,3 26.2	5,0 20.1	100,0	10,1	9,3 10,2	. 8,4
P84244	H2DC3 H3-3a	Histone H3.3	15,9 15,3	10,32 11,27	21,2	18,8 11,8	7,7 10	8 8,4	22,9	52,8 24,8	54,7 10,5	15,3	55,8 11,6	27,8 12,5	55,8 11,9	51,6 14,0	26,6	54,8 23,5	55,5 7,9	30,5 8,1	9,9	25,2 11,3	21,2	24,4	50,5 6,2	29,1 6,0	100,0	30,9 13,1	16,3 15,3	30,3 3 13,2
P62806	H4c1	Histone H4	11,4	11,36	64,4	62,8 35,4	36,0 37	2 36,1	60,7	60,3	59,9	50,1	54,1	54,7	75,4	78,2	63,4	54,2	48,3	40,4	46,0	44,4	57,7	55,2	37,3	40,1	100,0	45,3	56,6 60,0	46,8
Q91VB8	Hba-a1	Alpha globin 1	15,1	8,22	33,5	28,7 117,9	) 127,3 109	,1 108,2	4,4 2 5	4,4 2 F	30,5	36,8	38,6	37,4	26,7	28,8	13,3	12,3	28,6	25,3	21,7	23,5	15,4	15,4	23,8	30,1	100,0	87,4 18.6	25,4 22,5	, 21,6
A8DUK4	Hbb-bz Hbb-bs	Beta-globin	15,9	8,05 7,69	7,9 58,2	66,3 290,8	19,5 21 3 291,8 237	,4 264,4	3,5 13,2	3,5 10,6	9,5 36,8	9,2 37,8	33,8	28,8	10,1 39,5	9,5 37,2	22,5	7,2 24,5	8,9 28,6	21,2	46,9	38,3	21,2	19,9	26,9	8,0 32,1	100,0	201,5	26,8 28,9	9,2 € 30,9
Q64525	Hist2h2bb	Histone H2B type 2-B	13,9	10,32	30,9	26,9 34,1	33,4 27	6 32,4	34,3	33,7	34,7	32,7	35,7	29,7	36,8	32,6	37,8	32,7	35,5	32,3	28,0	26,1	31,7	35,3	37,3	30,1	100,0	30,9	33,5 34,6	31,4
P61979	Hnrnpk	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein K	50,9	5,54	8,8 20.2	9,0 3,9	6,4 6, 15,4 15	) 4,8	8,8 22.6	11,5	8,4 25.7	12,3 22 7	10,6	10,5	7,4	7,4	10,2 20 5	7,2	8,9 20.7	7,1	12,6	7,8	7,7	10,9	8,3 20.7	7,0	100,0	6,5 18 1	10,4 8,0	9,1
P07901 P11499	Hsp90aa1 Hsp90ab1	Heat shock protein HSP 90-beta	84,7	5,01	20,3 33,5	41,2 31,4	27,0 31	2 28,8	45,7	28,4 43,5	50,4	45,0	43,5	34,3 41,2	41,4	42,8	20,3 32,7	23,5 35,8	30,5	20,2	46,9	42,7	35,6	34,4	34,2	20,0 34,1	100,0	32,2	44,9 35,3	3 38,0
P08113	Hsp90b1	Endoplasmin	92,4	4,82	15,9	15,2 14,4	16,7 10	8 16,8	23,8	23,1	16,8	16,4	21,2	19,2	14,7	15,8	9,2	14,3	14,8	10,1	15,3	13,9	16,4	17,2	18,7	12,0	100,0	15,0	20,1 13,2	<u> </u>
Q61696 P17156	Hspa1a Hspa2	Heat shock 70 kDa protein 1A	70 69 6	5,72	4,4 15 q	3,6 6,5	5,1 4,	3 4,8 8 13 2	3,5 15 0	3,5 14-2	6,3 21.0	6,1 19 <i>4</i>	5,8 20 3	4,8 18 2	5,5 20.2	5,6 20 5	4,1 13 3	6,1 18 4	5,9 20 7	6,1 23 3	8,1 20.8	7,0 17.4	5,8 19 2	7,2	5,2 17.6	5,0 19.0	100,0 100.0	4,9 15 9	5,0 5,5	6,4 1 18 7
P20029	Hspaz Hspa5	Endoplasmic reticulum chaperone BiP	72,4	5,16	21,2	15,2 30,1	28,3 31	2 27,6	22,9	25,7	29,4	31,7	26,1	25,9	20,2	36,3	28,6	24,5	25,6	27,3	29,8	25,2	26,0	28,9	28,0	27,1	100,0	25,6	26,9 28,6	ند ن 27,5
P63017	Hspa8	Heat shock cognate 71 kDa protein	70,8	5,52	29,1	26,0 34,1	36,0 33	6 30,0	30,8	37,3	49,4	49,1	37,7	49,9	31,3	34,4	32,7	35,8	47,3	52,6	44,2	38,3	48,1	47,0	39,4	39,1	100,0	31,5	42,3 39,0	) 42,7
P63038	Hspd1	60 kDa heat shock protein, mitochondrial	60,9 62 7	6,18	30,9 7 9	36,8 60,2 9.1 17.0	52,7 73	1 68,5 2 15.6	29,9 15.8	30,2	36,8	35,8	63,7 16.4	58,5 10.2	49,6	42,8	21,5 5 1	23,5	50,2	50,5 14-2	47,8	47,0 14 9	28,9	37,1	47,7 10.4	55,1 11.0	100,0 100.0	53,7 14 5	42,5 39,7	43,9
P70168	Kpnb1	Importin subunit beta-1	02,7 97,1	9,31 4,78	7,9 1,8	1,8 5,2	3,9 3,	5 4,8	4,4	4,4	20,0 4,2	20,4 3,1	10,4	4,8	1,8	1,9	2,0	4,1 2,0	4,9	2,0	4,5	4,4	2,9	2,7	3,1	2,0	100,0	3,5	3,8 2,5	3,3
A0A1B0GSX0	Ldha	L-lactate dehydrogenase	39,7	8,35	19,4	21,5 18,3	14,1 18	0 12,0	25,5	24,0	24,2	20,4	28,0	27,8	15,6	15,8	13,3	16,4	12,8	14,2	12,6	13,9	19,2	15,4	9,3	9,0	100,0	17,2	25,0 14,7	/ 13,3
P48678	Lmna	Prelamin-A/C Malata dahudroganaga mitashandrial	74,2	6,98 8,68	11,5	12,6 7,9	11,6 8,	↓ 7,2	11,4	11,5	11,6	8,2	11,6	6,7	3,7	1,9	10,2	9,2	5,9	5,1	8,1	7,0	11,5	10,0	8,3	8,0 10.0	100,0	9,8 12.2	10,2 6,0	8,8
P08249 P00405	Mtco2	Cytochrome c oxidase subunit 2	26	8,88 4,73	4,4 4,4	4,5 14,4 3,6 6,5	5,1 3,	4 14,4 5 4,8	5,5 7,0	8,2 7,1	6,3	14,5 8,2	3,9	13,4 5,8	8,3	9,3	8,2 5,1	5,1	7,9 7,9	9,1 8,1	10,8	12,2	5,8 7,7	4,5	8,3	10,0	100,0	4,7	6,4 7,3	8,6
Q8VDD5	Myh9	Myosin-9	226,2	5,66	12,4	7,2 22,3	23,1 28	8 20,4	7,9	10,6	4,2	5,1	9,7	6,7	16,5	10,2	19,4	12,3	30,5	23,3	7,2	7,8	7,7	5,4	30,1	25,1	100,0	19,0	7,4 18,7	/ 13,9
A0A1W2P7Q	9 Myl6	Myosin light polypeptide 6	17,7	4,65	5,3	4,5 5,2	6,4 9,	5 8,4	3,5	0,9	6,3	5,1	4,8	5,8	2,8	5,6	4,1	4,1	6,9	6,1	7,2	6,1	3,8	3,6	3,1	6,0	100,0	6,6 8 5	4,4 4,9	5,0
P09405 Q61937	NCI Npm1	Nucleoin Nucleophosmin	76,7 32.5	4,75 4.77	7.9	4.5 7.9	6,4 6, 7.7 4.	) 7,2 3 6.0	13,2 5.3	12,4 6.2	17,9	12,3 9.2	13,5 9.7	9,6 9.6	11,0 10.1	10,2 7.4	9,2 2.0	8,2 4.1	13,8 10.8	16,2 9.1	9,0 9.0	8,7 5.2	14,4	18,1 6.3	9,3 11.4	8,0 9.0	100,0	8,5 6.5	13,1     11,4       8,4     7,3	8.1
P09103	P4hb	Protein disulfide-isomerase	57	4,88	15,0	18,8 19,6	14,1 18	0 13,2	22,0	18,6	14,7	11,2	14,5	14,4	16,5	19,5	10,2	14,3	6,9	3,0	9,9	11,3	11,5	12,7	12,4	12,0	100,0	16,5	15,9 11,8	3 11,7
P27773	Pdia3	Protein disulfide-isomerase A3	56,6	6,21	6,2	8,1 13,1	10,3 7,	2 10,8	8,8	11,5	10,5	10,2	11,6	12,5	16,5	14,9	6,1	8,2	12,8	13,1	13,5	12,2	11,5	10,0	9,3	12,0	100,0	9,3	10,9 11,9	11,4
Q3TML0 O9DR11	Pdia6 Pgam1	Protein disulfide-isomerase A6 Phosphoglycerate mutase 1	48,7 28 8	5,19 7 1 8	1,8 17 4	0,9 9,2 11,7 5.2	9,0 14 39 1	4 15,6 > 21	4,4 17.6	4,4 12 4	9,5 9 5	11,2 10 2	9,7 11 6	10,5 12 5	9,2 24 x	4,7 24 2	1,0 15 २	4,1 16 4	8,9 4 9	10,1 4 0	8,1 19 9	7,8 16 5	4,8 19 2	7,2 12 7	9,3 13 5	13,0 13.0	100,0 100.0	8,5 6 1	8,3 6,3 12,3 1/10	8,4 ) 15 R
P09411	Pgk1	Phosphoglycerate kinase 1	20,0 44,5	7,9	18,5	18,8 17,0	18,0 20	- 2,+ 4 16,8	19,4	19,5	26,3	29,6	24,1	24,9	29,4	2 <del>-</del> ,2 35,4	12,3	16,4	-, <i>5</i> 20,7	25,3	21,7	27,9	20,2	19,9	19,7	21,0	100,0	18,3	24,0 23,2	<u>2</u> 21,7
P67778	Phb	Prohibitin	29,8	5,76	4,4	6,3 11,8	14,1 9,	5 10,8	5,3	4,4	5,3	9,2	4,8	4,8	2,8	4,7	3,1	5,1	7,9	8,1	2,7	3,5	7,7	7,2	3,1	4,0	100,0	9,5	5,6 5,3	4,7
035129	Phb2	Prohibitin-2	33,3	9,83	13,2	15,2 11,8	10,3 12	0 12,0	16,7	18,6	14,7	14,3	11,6	16,3	12,9	14,9	12,3	7,2	6,9	7,1	14,4	13,9	15,4	14,5	7,3	8,0	100,0	12,4	15,4 10,2	. 12,3
G3X925	Pilgan Pklr	Pyruvate kinase والمعامرة Pyruvate kinase	5,5 62.2	0,54 7,09	1,8 4,4	1,0 5,2 1,8 3.9	o,⊥ 4, 2,6 3.	5 4,8 5 3.6	3,5 3,5	8,0 0,9	о,з 4,2	3,1 4,1	3,9 4,8	э,ठ 3,8	5,5 3,7	د,ہ 3,7	3,⊥ 5,1	∠,0 4,1	3,0 3,9	∠,0 4,0	3.6	1,7 3,5	э,8 5,8	2,7	5,2 4,1	4,0 4,0	100,0	э,э 3,3	3,1 3,7 3,6 4.1	3,4 . 4,0
P52480	Pkm	Pyruvate kinase PKM	57,8	7,47	71,5	76,2 57,6	56,6 68	3 64,9	87,1	96,7	76,7	75,7	76,3	69,0	72,6	71,6	77,7	84,9	57,1	51,6	62,3	69,6	94,3	100,4	53,9	50,1	100,0	65,8	80,3 69,3	3 71,8
Q62009	Postn	Periostin Periotia la secola de la secola d	93,1	7,53	1,8	0,9 1,3	1,3 2,	1 2,4	0,9	2,7	2,1	3,1	2,9	3,8	2,8	2,8	4,1	2,0	7,9	6,1	2,7	2,6	1,9	1,8	8,3	8,0	100,0	1,7	2,6 4,3	4,2
P1/742 P35700	Ppia Prdx1	Pepuayi-proiyi cis-trans isomerase A Peroxiredoxin-1	18 22.2	7,9 8,12	22,9 12.4	18,3 18,3 11.7 11 R	19,3 20 12.9 8	4 19,2 1 9.6	25,5 8.8	24,0 13.3	29,4 17.9	24,5 21.5	23,2 17.4	23,0 19.2	32,2 23.9	28,8 22.3	24,5 14.3	20,4 15.3	14,8 10.8	18,2 12.1	25,3 19.9	22,6 20.9	27,9 17.3	27,1 19.0	20,7 10.4	19,0 10.0	100,0	19,8 11.1	24,9 23,2 16.3 16.5	23,8 5 16 2
Q61171	Prdx2	Peroxiredoxin-2	21.8	5.41	3.5	3.6 5.2	64 4	s 48	1.8	27	4.2	20	29	3.8	64	7 /	3.1	4 1	2.0	4 0	18	2.6	3.8	3.6	3 1	3.0	100.0	47	20 15	3.0

J Immunother Cancer

1,6

1,9

2,5

Bari E, et al. J Immunother Cancer 2023; 11:e005916. doi: 10.1136/jitc-2022-005916

P62702

Q8VIJ6

Q921I1

E9Q5J9

P68254

P63101

P50516

P26041

P67984

P99027

P60867

P08228

P84104

P40142

F2Z471

P14824

Q6IFZ6

P29341

P23953

P28654

E9PZF0

P62264

Q99JY9

Q9JKF1

placed on this supplemental material which has been supplied by the author(s)

Prdx2 Peroxiredoxin-2 21,8 5,41 3,5 3,6 5,2 6,4 4,8 4,8 1,8 2,7 4,2 2,0 2,9 3,8 6,4 7,4 3,1 4,1 2,0 4,0 1,8 2,6 3,8 3,6 3,1 3,0 100,0 2,9 4,5 4,/ P68040 Receptor of activated protein C kinase 1 7,69 1,2 6,2 6,2 5,1 6,8 7,7 5,5 3,7 8,2 7,2 4,9 7,1 6,3 7,8 7,7 7,2 9,3 8,0 100,0 6,0 7,7 Rack1 35,1 5,3 7,2 2,6 3,9 1,2 4,2 3,6 6,1 7,0 Rbm3 16,6 7,5 1,8 1,8 1,3 2,6 1,2 1,2 2,6 3,5 3,1 2,9 5,8 5,5 6,5 5,1 4,1 3,9 6,1 7,2 4,0 100,0 1,6 3,9 5,2 5,4 089086 RNA-binding protein 3 5,3 6,3 3,8 4,1 Q9CXW4 Rpl11 60S ribosomal protein L11 20,2 9,6 1,8 1,8 2,6 2,4 2,4 3,5 2,7 3,2 2,0 2,9 3,8 2,8 1,9 1,0 2,0 2,0 2,0 1,7 2,1 3,0 100,0 2,3 3,0 1,9 1,9 2,6 1,8 1,0 1,8 6,5 8,7 60S ribosomal protein L13 24,3 11,55 3,5 7,9 7,7 7,2 4,4 7,1 8,2 7,7 6,7 10,1 12,1 8,2 100,0 7,6 P47963 Rpl13 4,5 8,4 11,6 4,1 7,9 9,1 9,0 7,8 7,7 8,1 10,4 9,0 8,6 6,0 100,0 6,0 A0A1B0GQU8 Rpl18 18,1 11,91 6,3 6,5 7,7 3,6 4,8 6,2 5,3 6,3 8,2 4,8 5,8 4,6 5,6 6,1 7,2 4,9 6,1 7,2 3,5 7,7 6,3 4,1 6,1 5,7 5,8 60S ribosomal protein L18 7,1 100,0 Q8BP67 Rpl24 60S ribosomal protein L24 17,8 11,25 1,8 3,6 1,3 2,6 2,4 2,4 5,3 2,7 2,1 2,0 1,9 1,9 4,6 5,6 3,1 4,1 2,0 2,0 2,7 2,6 5,8 2,7 2,1 2,0 2,3 2,7 3,6 3,0 4,1 100,0 P14148 Rpl7 60S ribosomal protein L7 31,4 10,89 7,9 5,4 2,6 3,9 2,4 6,2 6,2 2,1 4,1 2,9 2,9 4,7 4,1 3,0 6,1 6,3 4,1 6,0 4,1 4,1 5,8 2,4 4,6 7,1 6,3 5,8 4,6 P62918 11,03 3,9 1,8 2,0 1,0 0,9 2,0 2,0 1,7 2,7 2,0 100,0 3,5 2,2 Rpl8 60S ribosomal protein L8 28 1,8 1,8 3,9 4,8 4,8 1,8 1,1 1,9 0,9 3,1 2,0 1,8 2,9 2,1 1,6 1,8 4,32 3,5 5,1 3,7 3,7 5,0 100,0 3,9 4,0 P47955 Rplp1 11,5 1,8 1,8 5,2 5,1 4,8 4,8 3,5 6,3 3,9 3,8 4,1 3,1 3,9 4,0 3,6 4,4 2,9 2,7 5,2 4,4 3,8 60S acidic ribosomal protein P1 100,0 Q91YQ5 6,46 5*,*3 2,7 3,7 4,7 4,0 3,9 3,8 3,0 Rpn1 Dolichyl-diphosphooligosaccharide--protein glycos 68,5 3,5 3,6 3,9 2,6 4,8 4,8 2,1 4,1 4,8 3,8 5,1 4,1 3,9 4,0 0,9 1,7 3,8 3,6 4,1 4,3 Dolichyl-diphosphooligosaccharide--protein glycos 5,81 100,0 3,7 Q9DBG6 Rpn2 69 0,9 2,7 3,9 5,1 6,0 3,6 3,5 3,5 9,5 6,1 5,8 7,7 6,4 5,6 3,1 2,0 8,9 8,1 4,5 3,5 4,8 2,7 6,2 7,0 6,0 5,7 4,8 3,5 6,7 10,21 7,9 6,2 8,7 8,4 8,2 7,0 5*,*0 100,0 8,7 P14131 Rps16 40S ribosomal protein S16 16,4 4,4 5*,*4 2,6 2,6 3,6 2,4 9,5 10,2 9,6 6,4 7,2 6,9 7,1 8,1 5,8 7,2 7,3 7,4 G3UYV7 Rps28 6,3 9,96 3,5 3,6 2,6 5,1 4,8 3,6 4,4 5,3 6,3 6,1 5,8 5,8 3,7 3,7 4,1 3,1 5,9 6,1 7,2 7,0 5,4 3,1 4,0 100,0 3,9 5,6 4,4 5,4 40S ribosomal protein S28 (Fragment) 5,8 40S ribosomal protein S3 9,66 5,2 7,2 12,3 13,3 6,0 100,0 7,7 P62908 Rps3 26,7 11,5 13,4 3,9 4,8 7,4 8,2 6,8 9,6 7,4 9,3 11,2 12,3 4,9 8,1 5,4 7,8 13,5 13,6 5,2 9,6 8,9 8,6 40S ribosomal protein S4, X isoform 100,0 3,0 29,6 10,15 7,1 4,5 1,3 1,3 2,4 1,2 3,5 5,3 3,2 4,1 4,8 4,8 0,9 0,9 3,1 4,1 3,0 5,1 1,8 0,9 2,9 3,6 5,2 3,0 4,3 2,8 2,9 Rps4x P62082 Rps7 40S ribosomal protein S7 22,1 10,1 7,1 6,3 3,9 7,7 6,0 8,4 7,9 9,8 4,2 6,1 4,8 7,7 7,4 8,4 6,1 8,2 5,9 6,1 5,4 5,2 5,8 8,1 8,3 9,0 100,0 6,6 6,8 7,0 7,0 P14206 40S ribosomal protein SA 4,87 15,0 15,1 12,3 7,2 8,0 100,0 5,8 7,8 Rpsa 32,8 7,1 8,1 5,2 3,9 6,0 4,8 10,5 9,7 13,4 8,3 8,4 11,2 11,8 11,1 9,0 9,6 4,8 9,0 6,2 12,6 9,7 P07758 46 5,72 7,9 6,5 7,7 6,0 1,8 0,9 6,1 5,8 9,6 3,7 3,7 3,5 2,0 100,0 7,0 5,3 2,5 Serpina1a Alpha-1-antitrypsin 1-1 8,1 6,0 7,4 3,1 3,1 3,9 4,0 4,5 1,9 1,8 1,0 3,6 6,2 P22599 Serpina1b 45,9 5,54 8,8 9,9 3,9 5,1 4,8 4,8 1,8 0,9 5,3 5,1 3,9 6,7 1,8 2,8 2,0 1,0 3,0 2,0 2,7 1,7 2,0 100,0 3,9 2,1 1,9 Alpha-1-antitrypsin 1-2 1,9 1,8 1,0 5,7 5,44 7,9 9,9 5,2 0,9 3,1 2,9 2,8 2,0 1,0 2,0 2,0 100,0 1,9 Q00897 Serpina1d Alpha-1-antitrypsin 1-4 46 3,9 3,6 3,6 1,8 5,3 4,8 1,8 2,0 2,7 1,7 1,9 1,8 1,0 3,1 1,9 8,82 17,2 P19324 Serpinh1 Serpin H1 46,5 15,9 20,6 13,1 11,6 21,6 20,4 22,0 22,2 14,7 13,3 28,0 22,1 21,1 24,2 20,5 15,3 11,8 18,2 19,0 18,3 11,5 16,3 34,2 27,1 100,0 20,4 18,5 21,1 4,78 6,7 100,0 070456 27,7 6,2 3,6 1,3 5,3 1,8 10,2 5,8 2,9 5,8 2,7 5,0 Sfn 14-3-3 protein sigma 2,6 1,2 2,4 5,3 0,9 1,9 4,1 4,1 1,0 4,0 7,2 6,1 3,8 3,6 5,2 4,0 75,4 9,44 4,4 6,3 1,3 2,6 4,8 4,4 4,4 4,2 3,1 6,8 4,8 4,6 7,4 4,1 4,1 4,9 7,1 2,7 6,1 5,8 3,6 6,2 9,0 100,0 3,8 4,6 5,4 5,6 Sfpq Splicing factor, proline- and glutamine-rich 3,6 13,3 11,56 3,5 2,7 2,6 3*,*5 1,8 3,1 6,8 3,7 3,7 7,9 2,7 7,0 100,0 4,9 5,1 P62315 Snrpd1 Small nuclear ribonucleoprotein Sm D1 3,9 9,6 7,2 5,3 5*,*8 4,1 3,1 5,1 3,6 4,4 4,8 8,3 4,4 4,6 P11983 60,4 6,16 1,8 1,0 1,0 2,8 1,0 3,0 100,0 4,7 Tcp1 2,6 1,8 6,5 6,4 6,0 4,8 3,5 1,1 3,8 5,5 2,0 2,0 2,0 1,8 1,7 1,9 1,8 4,1 2,0 2,6 2,4 T-complex protein 1 subunit alpha Τf Serotransferrin 76,7 7,18 9,7 10,8 18,3 19,3 20,4 18,0 1,8 2,7 11,6 13,3 10,6 18,2 14,7 10,2 9,2 5,1 12,8 16,2 6,3 4,4 7,7 6,3 4,1 5*,*0 100,0 16,1 9,7 11,4 5,6 P17751 Triosephosphate isomerase 7,3 100,0 12,6 Tpi1 26,7 15,9 9,9 13,1 10,3 15,6 10,8 16,7 16,9 20,0 24,5 16,4 23,0 23,0 25,1 17,4 19,4 14,8 12,1 14,8 22,1 23,5 13,5 14,0 19,6 18,6 17,8 19,0 32,7 4,77 7,1 6,3 6,5 7,2 2,0 7,4 100,0 6,8 9,2 Q8BSH3 Tpm1 Tropomyosin alpha-1 chain 3,9 9,6 8,8 9,8 1,1 5,8 1,9 8,3 15,3 12,3 6,9 4,0 3,6 5,2 9,6 15,4 10,4 11,0 4,9 9,0 Tropomyosin beta chain 2,0 12,3 100,0 7,2 P58774 Tpm2 32,8 4,7 2,6 1,8 6,5 3,9 7,2 9,6 6,2 8,0 5,8 1,9 6,4 5,6 9,2 5,9 3,0 3,6 3,5 10,0 10,4 11,0 5,3 4,2 7,1 1,1 4,8 33,3 4,79 6,2 7,2 7,9 13,2 11,4 8,9 2,0 6,8 15,3 12,7 12,0 100,0 8,2 9,2 Tpm3 Tropomyosin alpha-3 chain 5,1 9,6 1,1 1,9 6,4 5,6 12,3 6,9 4,0 4,5 5,2 9,6 11,4 5,3 8,4 Tropomyosin 3, related sequence 7 D3Z2H9 Tpm3-rs7 29 4,81 6,2 7,2 6,5 5,1 9,6 13,2 11,4 8,9 1,1 2,0 5,8 1,9 6,4 5,6 14,3 12,3 5,9 3,0 3,6 3,5 9,6 12,7 10,4 11,0 100,0 8,0 5,2 7,9 8,5 3,7 Q9CQN1 80,2 6,68 3,5 5,2 5,1 3,5 4,1 3,9 3,7 6,1 5,1 5,4 100,0 4,5 4,0 5,3 Trap1 Heat shock protein 75 kDa, mitochondrial 3,6 4,8 4,8 3,5 5,3 3,8 3,9 4,0 6,3 6,1 5,8 4,1 4,0 4,4 P68369 Tuba1a Tubulin alpha-1A chain 50,1 5,06 29,1 24,2 14,4 12,9 10,8 14,4 33,4 29,3 24,2 17,4 19,3 25,9 32,2 27,9 16,4 20,4 21,7 31,3 33,4 24,4 24,0 19,9 26,9 29,1 100,0 17,6 24,9 25,0 26,3 100,0 A0A0A0MQA5 Tuba4a 52*,*9 5,19 16,8 17,9 7,9 7,7 8,4 12,0 22,9 20,4 13,3 24,8 10,2 20,0 17,0 11,8 18,0 17,0 16,1 Tubulin alpha chain (Fragment) 16,8 15,4 19,2 19,5 9,2 13,8 24,3 25,3 11,5 8,1 14,5 5,7 A2AQ07 Tubb1 Tubulin beta-1 chain 50,4 5,07 7,9 5,4 3,9 5,1 4,8 7,2 13,2 9,8 13,7 11,2 10,6 14,7 14,9 10,2 10,2 11,8 11,1 21,7 21,8 6,2 9,0 100,0 11,3 12,2 13,1 9,6 11,5 8,1 25,7 Q7TMM9 Tubb2a Tubulin beta-2A chain 49,9 4,89 31,8 28,7 24,9 25,7 18,0 25,2 37,8 35,5 39,9 36,8 38,6 35,5 56,1 56,8 31,7 30,7 35,5 38,4 56,9 56,6 26,9 24,4 39,4 43,1 100,0 37,4 41,5 41,2 50,4 4,93 30,7 27,1 100,0 21,1 Q9ERD7 Tubb3 Tubulin beta-3 chain 21,2 17,9 21,0 21,9 19,2 25,2 22,9 24,0 32,6 29,0 27,8 37,7 41,9 23,5 22,5 31,5 28,3 44,2 43,5 25,0 23,5 24,9 27,8 30,9 31,4 Tubb4b 49,8 4,89 37,1 32,3 27,5 25,7 21,6 28,8 44,9 47,0 50,1 65,3 35,3 100,0 28,8 P68372 Tubulin beta-4B chain 53,6 50,2 47*,*0 66,2 69*,*8 38,9 34,8 47,3 49,5 64,1 38,5 45,6 49,1 48,8 51,1 49,6 P99024 4,89 37,1 Tubb5 Tubulin beta-5 chain 49,6 45,0 38,6 36,7 37,3 28,8 36,1 44,9 47,0 57,8 53,2 52,1 50,8 74,5 74,4 40,9 44,0 51,2 50,5 68,6 70,5 41,4 38,9 53,9 55,1 100,0 51,0 55,9 54,7 50,1 4,89 15,0 9,2 10,3 18,5 16,9 21,5 33,5 100,0 11,5 19,7 Q922F4 Tubb6 Tubulin beta-6 chain 11,7 9,6 13,2 22,1 20,3 19,2 27,6 17,4 16,4 23,6 21,2 29,8 31,3 20,2 14,5 14,5 18,0 23,3 21,4 6,0 19,4 16,0 6,0 100,0 10,2 E9Q5F6 Ubc Polyubiquitin-C (Fragment) 22,6 7,4 18,5 16,1 7,9 6,4 6,0 8,4 9,2 14,5 12,5 11,9 12,1 13,3 16,4 7,9 9,1 12,6 10,4 14,4 15,4 5,2 13,3 11,8 10,7 5,26 19,6 25,7 19,2 15,0 14,2 12,9 13,0 100,0 17,7 14,2 Q01853 Vcp Transitional endoplasmic reticulum ATPase 89,3 7,9 10,8 22,8 18,9 16,4 12,6 13,4 15,8 14,3 12,3 9,9 15,2 16,2 13,9 17,3 13,6 11,4 15,1 13,4 P20152 Vim Vimentin 53,7 5,12 75,0 79,8 94,3 96,4 89,9 87,7 72,1 79,0 80,9 74,6 76,3 75,7 103,0 97,7 96,1 96,5 98,1 80,1 95,0 138,3 100,0 87,2 76,4 98,3 106,2 98,1 87,6 91,4 145,1 28,1 4,83 7,1 7,2 1,3 1,2 10,6 8,9 9,2 7,7 12,3 8,2 2,0 7,0 100,0 3,6 8,7 7,2 8,1 Q9CQV8 Ywhab 14-3-3 protein beta/alpha 2,6 2,4 6,3 9,6 8,3 8,4 4,0 9,9 9,6 7,7 6,3 8,3 18,5 P62259 Ywhae 29,2 4,74 11,5 9,9 1,3 2,6 2,4 2,4 14,2 12,6 15,3 13,5 17,3 15,6 15,8 13,3 10,2 12,8 10,1 21,7 20,0 12,5 16,3 21,8 24,1 100,0 5,0 15,2 13,0 19,4 14-3-3 protein epsilon 100,0 4,89 7,9 6,2 10,0 2,7 P61982 Ywhag 14-3-3 protein gamma 28,3 3,5 5,4 1,3 2,6 1,2 2,4 5,3 9,2 6,8 8,6 4,6 7,4 10,2 7,2 2,0 4,0 9,0 7,8 5,8 4,5 11,4 7,3 5*,*9 8,1 P68510 28,2 4.89 3,5 4,5 1,3 2,6 3,6 3,6 3.7 4.7 7.0 100.0 3.2 7.2 Ywhah 14-3-3 protein eta 88 44 53 92 68 86 82 61 20 72 78 58 45 93 48 69 27,8 4,78 1,3 1,2 7,9 3,5 3,2 7,2 5,8 8,6 8,3 6,5 6,1 7,2 1,0 4,0 9,0 8,7 5,4 7,3 5,0 100,0 2,7 6,0 5,5 6,5 Ywhaq 14-3-3 protein theta 4,4 4,5 2,6 2,4 3,8 27,8 4,79 15,7 16,7 12,0 17,6 12,4 19,4 16,4 19,2 13,0 18,4 14,3 10,8 10,1 13,9 10,9 19,7 16,0 100,0 13,3 16,6 14,3 Ywhaz 14-3-3 protein zeta/delta 7,9 11,7 15,6 14,7 18,4 13,5 11,5 14,2 1,8 3,0 68,3 5*,*58 0,0 3*,*6 2,4 2,6 5,3 3,1 2,9 5,5 5,6 5,1 3,1 3,9 3,0 0,9 7,2 2,0 95,8 2,8 Atp6v1a V-type proton ATPase catalytic subunit A 1,8 1,8 1,3 1,1 1,9 0,9 4,8 2,1 4,4 6,02 10,6 4,1 P80316 Cct5 T-complex protein 1 subunit epsilon 59,6 7,1 6,3 14,4 11,6 12,0 12,0 4,4 5,3 2,1 1,0 1,9 0,0 5,5 5,6 4,1 4,1 2,0 3,0 3,6 3,5 6,7 3,6 3,1 4,0 95*,*8 2,5 4,0 7,0 Cct8 59,5 5,62 5,1 2,9 5,5 4,7 2,0 2,0 1,0 95,8 3,3 P42932 T-complex protein 1 subunit theta 0,0 0,9 10,5 9,0 9,6 12,0 1,8 1,8 5,3 5,8 1,0 3,0 5,4 5,2 1,9 1,8 4,1 3,8 3,0 Q62095 Ddx3y ATP-dependent RNA helicase DDX3Y 73,4 7,53 2,6 1,8 3,9 3,9 3,6 4,8 5,3 5,3 5,3 1,0 5,8 6,7 0,9 0,0 2,0 3,1 3,9 6,1 7,2 9,6 2,9 4,5 6,2 6,0 95,8 3,4 4,9 2,7 6,1 100,0 A0A0G2JG10 Dhx15 68,5 6,8 1,8 2,0 2,9 2,9 1,9 2,0 2,2 Pre-mRNA-splicing factor ATP-dependent RNA heli 0,9 3,6 1,3 1,3 2,4 3,6 2,6 1,1 1,8 3,1 1,0 1,0 1,0 1,8 1,7 1,0 0,9 2,1 2,2 1,6 47 7,18 7,1 11,2 6,7 3,7 10,0 95*,*8 11,0 P21550 Eno3 Beta-enolase 4,4 5,4 17,0 14,1 13,2 12,0 7,0 11,6 10,6 3,7 2,0 0,0 7,9 7,1 9,0 10,4 1,8 12,4 9,0 7,9 3,8 4,1 1,6 3,7 P26040 Ezr Ezrin 69,4 6,1 0,9 0,0 2,6 1,3 2,4 2,4 3*,*5 3,5 3,2 3,1 2,9 5,8 6,4 6,5 7,2 8,2 3,0 6,1 5,4 6,1 5,8 7,2 4,1 6,0 95,8 6,2 5,8 6,54 0,9 5,1 1,9 2,1 4,0 95*,*8 2,4 2,4 Q05816 Fabp5 Fatty acid-binding protein 5 15,1 2,6 2,7 2,6 5,1 0,0 1,2 1,8 4,2 4,8 3,8 1,8 2,0 2,0 3,0 2,0 1,8 1,7 2,9 1,8 3,4 2,1 Q61598 Gdi2 50,5 6,25 0,0 3*,*6 2,6 5,3 3,1 5,8 4,8 4,6 4,7 7,2 4,1 4,9 1,0 4,5 5,0 95,8 2,2 4,1 4,4 Rab GDP dissociation inhibitor beta 1,8 2,7 2,6 2,4 3,2 4,5 6,1 1,9 4,1 4,4 H1-3 100,0 7,3 P43277 Histone H1.3 22,1 11,03 7,9 9,9 2,6 2,4 2,4 10,6 11,5 12,6 11,2 11,6 9,6 10,1 10,2 6,1 7,2 8,9 9,1 10,4 8,7 7,2 4,1 4,0 4,6 11,2 8,6 2,6 9,0 100,0 P43274 H1-4 11,4 10,6 8,2 7,7 9,6 8,3 7,4 6,1 7,2 6,9 11,3 7,2 2,0 4,8 9,9 7,0 Histone H1.4 22 11,11 7,9 10,8 2,6 2,6 2,4 2,4 11,6 7,1 9,9 9,6 2,1 7,2 Stress-70 protein, mitochondrial 6,07 4,8 3,0 95,8 4,3 P38647 Hspa9 73,4 3,5 2,7 0,0 5,1 3,6 3,6 0,9 0,9 6,3 4,1 6,8 8,3 9,3 1,0 1,0 4,9 5,1 6,3 7,8 2,9 1,8 4,1 3,1 4,0 4,9 Idh3a 95,8 2,7 41,5 6,93 1,3 0,0 1,2 5,3 6,2 1,0 4,8 4,8 3,7 7,4 4,1 7,2 7,0 7,2 4,0 4,2 5,4 A0A1L1STE6 Isocitrate dehydrogenase [NAD] subunit, mitochon 7,1 5,4 1,3 3,2 4,9 1,0 3,6 8,7 2,1 4,7 A0A6I8MX27 Ldhb L-lactate dehydrogenase 37,3 6,25 1,8 1,8 3,9 3,9 4,8 4,4 3,5 2,1 3,1 2,9 3,8 3,7 5,6 3,1 6,1 3,0 0,0 0,9 0,9 4,8 2,7 1,0 1,0 95*,*8 3,5 3,3 3,6 1,9 4,8 67,7 95,8 6,6 7,9 5,1 10,8 6,2 11,2 12,5 8,3 10,2 17,4 6,9 12,1 13,6 15,0 6,0 8,9 13,0 Msn Moesin 3,5 0,0 8,4 5,3 7,4 10,6 16,4 9,9 14,8 12,5 12,4 11,9 P19246 Nefh Neurofilament heavy polypeptide 116,9 5,81 1,8 2,0 2,9 1,9 0,9 0,9 3,1 3,1 0,0 2,0 95*,*8 2,6 2,2 2,6 2,7 2,6 2,6 2,4 2,4 2,6 3,2 1,0 1,0 1,8 1,7 3,8 3,6 2,4 1,7 2,7 95,8 Q60597 Ogdh 2-oxoglutarate dehydrogenase, mitochondrial 116,4 6,83 0,9 0,0 7,9 5,1 4,8 7,2 1,8 1,1 1,0 1,9 1,9 4,6 6,5 3,1 2,0 2,0 3,0 5,4 6,1 2,9 5,4 1,0 4,0 4,3 1,7 3,5 4,1 2,0 95*,*8 3,1 2,5 D6RHS6 Pebp1 Phosphatidylethanolamine-binding protein 1 14,8 5*,*08 4,4 2,7 2,6 3,9 2,4 2,4 3,5 1,8 1,9 1,9 1,8 1,9 2,0 1,0 2,0 2,0 1,8 1,7 0,0 5,2 5,0 2,2 1,8 2,1 1,0 Pfn1 8,28 5*,*3 5,3 11,2 7,7 5,5 5,6 7,2 7,9 12,0 100,0 2,9 8,3 P62962 Profilin-1 14,9 3,5 3,6 2,6 2,6 2,4 2,4 6,3 8,6 6,1 8,1 9,0 7,0 6,7 4,5 10,4 7,4 6,7 Ptbp1 5,8 4,7 6,0 95*,*8 4,0 P17225 Polypyrimidine tract-binding protein 1 56,4 8,34 0,9 2,6 2,6 2,4 2,4 1,8 1,8 3,2 4,1 3,9 2,8 1,0 1,0 3,9 4,0 3,6 4,4 3,8 0,0 6,2 2,3 3,4 2,9 2,6 2,0 100,0 Rpl22 14,8 9,19 2,6 1,8 2,0 1,9 1,9 1,9 2,0 2,0 2,0 2,0 1,7 2,1 1,8 1,9 60S ribosomal protein L22 1,8 1,8 1,3 2,4 1,2 1,8 2,1 1,8 1,8 1,9 1,8 2,0 60S ribosomal protein L27a 2,0 95*,*8 1,4 P14115 Rpl27a 16,6 11,12 1,8 1,8 1,3 1,3 2,4 0,0 3,5 1,8 1,1 1,9 2,9 2,8 1,9 2,0 3,1 2,0 2,0 3,6 4,4 1,9 2,7 2,1 2,0 2,2 2,3 2,8 2,7 100,0 2,3 2,2 P12970 30 10,56 2,6 1,3 2,4 4,1 4,8 2,9 1,8 2,8 2,0 2,0 3,9 2,0 2,7 2,1 2,0 3,4 Rpl7a 60S ribosomal protein L7a 1,8 3,6 2,4 1,8 4,2 1,8 1,7 2,9 2,4 Rplp2 60S acidic ribosomal protein P2 11,6 4,54 1,8 1,8 5,2 7,7 6,0 6,0 1,8 1,8 5,3 3,1 4,8 3,8 1,8 1,9 1,0 2,0 3,0 3,0 1,8 2,6 1,9 1,8 6,2 4,0 100,0 4,8 3,4 2,1 3,1 13,2 13,3 9,2 95,8 9,2 P62270 Rps18 17,7 10,99 0,0 1,2 6,1 4,8 4,8 6,5 11,2 9,2 5,9 5,1 11,3 12,7 2,1 4,0 3,6 8,1 40S ribosomal protein S18 7,1 10,8 1,3 1,2 6,3 12,6 12,5 7,9 40S ribosomal protein S20 3,7 2,2 2,9 Rps20 13,4 9,94 2,6 2,7 2,6 2,4 0,0 3,5 3,5 5,1 2,9 2,9 1,9 1,0 2,0 6,9 4,0 1,7 3,6 4,1 4,0 95*,*8 3,7 3,3 2,6 4,2 1,8 1,9 95,8 3,2 Sod1 Superoxide dismutase [Cu-Zn] 15,9 6,51 1,8 2,7 6,5 5,1 7,2 7,2 0,9 2,7 3,2 3,1 2,9 3,8 0,0 3,7 3,1 3,1 3,0 2,0 3,6 3,5 1,0 1,8 5,2 4,0 5,1 2,7 2,5 Srsf3 2,0 1,9 3,8 3,7 4,0 95,8 1,8 4,7 Serine/arginine-rich splicing factor 3 19,3 11,65 1,8 2,7 2,6 1,3 2,4 0,0 3,5 4,4 3,2 3,7 3,1 5,1 2,0 4,0 5,4 5,2 3,8 5,4 4,1 3,2 3,6 Tkt 67,6 7,5 10,5 10,3 12,0 8,9 9,2 8,7 8,6 5,6 7,2 2,0 7,9 7,1 8,0 95,8 8,0 7,3 5,7 5,1 Transketolase 2,6 4,5 8,4 4,4 4,2 4,6 1,8 0,0 5,8 4,5 10,4 Voltage-dependent anion-selective channel proteir 28,1 7,36 2,0 2,9 3,7 100,0 2,6 2,7 2,2 Vdac1 2,6 2,7 2,6 2,6 2,4 2,4 3,5 3,5 2,1 1,9 4,6 4,1 4,1 2,0 2,0 1,8 1,7 3,8 3,6 1,0 1,0 3,4 75,8 5,5 0,0 1,2 6,2 3,1 3,9 2,9 1,9 3,0 4,0 91,7 2,0 3,6 2,4 Anxa6 Annexin A6 4,4 3,6 1,3 1,2 4,4 1,1 0,0 3,1 6,1 3,0 1,8 0,9 4,8 1,8 1,0 2,8 Q8VDN2 Atp1a1 0,0 2,0 3,9 2,9 4,7 2,0 2,0 4,0 91,7 1,2 3,3 Sodium/potassium-transporting ATPase subunit al 112,9 5*,*45 0,0 0,9 1,3 1,3 2,4 1,2 0,9 4,2 2,8 3,0 3,0 1,8 0,9 2,9 6,3 4,1 2,3 2,9 91,7 Q9CQQ7 Atp5pb ATP synthase F(0) complex subunit B1, mitochondr 28,9 9,06 0,0 1,2 4,4 3,5 0,0 5,8 7,7 4,6 3,1 5,1 1,0 5,2 2,0 1,9 3,9 4,0 2,6 3,6 1,3 2,4 2,1 5,6 4,9 4,5 2,9 5,4 4,1 4,0 9,6 Q8BMS1 Hadha Trifunctional enzyme subunit alpha, mitochondrial 82,6 9,14 1,8 3,6 10,5 12,9 10,8 3,5 3,5 3,1 4,8 6,7 1,8 3,7 1,0 1,0 6,9 9,1 3,5 0,0 0,0 7,3 10,0 91,7 8,2 4,3 3,9 4,2 4,2 4,5 91,7 31,6 52,8 5,17 44,1 41,2 28,8 29,6 26,4 6,2 4,4 18,4 20,3 0,0 0,0 2,0 5,1 6,9 11,3 2,1 1,0 13,8 5,3 Q61781 Krt14 Keratin, type I cytoskeletal 14 19,2 18,9 14,4 9,1 10,8 1,9 4,5 3,9 7,2 10,5 0,0 3,0 91,7 11,0 Krt15 Keratin, type I cytoskeletal 15 49,1 4,86 18,5 15,2 7,9 9,0 8,4 7,2 4,4 4,4 18,3 0,0 1,0 6,1 3,0 2,0 8,7 2,9 4,5 2,1 9,1 2,0 4,6 Q61414 9,5 6,3 8,02 0,0 91,7 Krt77 Keratin, type II cytoskeletal 1b 61,3 11,5 12,6 21,0 16,7 15,6 14,4 1,8 4,4 21,0 17,4 19,3 14,4 0,0 1,0 1,0 12,8 15,2 2,7 4,4 3,8 2,7 13,5 14,0 15,3 13,0 5,0 6,9 Melanocyte protein PMEL 6,3 3,1 Q9CZB2 Pmel 66,3 4,4 5,4 2,6 1,3 2,4 2,4 7,0 6,2 2,1 1,0 0,0 1,9 1,8 1,9 3,1 1,0 2,0 2,0 0,9 1,7 1,0 0,9 2,1 2,0 95*,*8 3,0 2,0 1,4 P15331 54,2 5,52 11,5 2,6 0,0 1,2 9,7 15,1 1,0 2,9 2,9 4,7 13,3 12,3 2,0 2,0 7,8 10,6 12,7 2,1 2,0 91,7 5,4 5,3 6,5 7,1 Prph Peripherin 13,4 3,6 0,0 4,6 7,2 117,7 5,66 0,9 3,1 2,9 3,7 1,0 0,0 3,0 0,0 0,9 7,3 9,0 91,7 4,1 3,8 Q02053 Uba1 Ubiquitin-like modifier-activating enzyme 1 1,8 2,7 6,5 3,9 6,0 1,8 4,2 1,9 8,3 3,9 4,5 0,9 2,5 3,3 3,6 5,57 0,0 91,7 1,7 P97429 35,9 2,7 1,3 2,4 1,8 3,1 1,9 3,8 2,8 1,9 2,0 2,0 3,0 2,7 0,0 2,3 3,0 Anxa4 Annexin A4 2,6 2,6 2,4 4,4 3,2 4,1 2,6 2,9 1,8 2,6 P61205 Arf3 17,7 7,2 2,0 87,5 5,8 10,0 ADP-ribosylation factor 3 20,6 7,43 15,9 16,1 2,6 0,0 0,0 0,0 17,6 8,4 8,7 8,6 6,4 8,4 21,5 19,4 4,9 5,1 7,2 9,6 21,2 17,2 3,1 11,4 10,9 87,5 Atp5pd ATP synthase subunit d, mitochondrial 18,7 5,69 5,2 6,0 1,8 1,0 1,9 1,9 2,0 2,0 2,0 4,0 1,3 Q9DCX2 1,8 0,9 5,1 4,8 0,9 1,1 1,8 1,9 1,0 2,0 0,0 0,0 0,0 3,6 2,1 1,4 1,8 Q9DB20 Atp5po ATP synthase subunit O, mitochondrial 23,3 9,99 1,8 1,8 3,9 2,6 3,6 3,6 1,8 1,8 4,1 0,0 1,0 0,0 0,9 2,0 0,0 3,9 3,0 2,7 2,6 1,9 1,8 2,1 2,0 87,5 2,9 2,1 1,7 2,2 4,2 91,7 51,7 8,57 0,0 2,7 4,1 3,8 1,9 0,0 2,0 3,0 2,0 3,0 1,7 3,2 3,0 Q9CZU6 Cs Citrate synthase, mitochondrial 1,8 3,6 1,3 2,4 1,2 2,6 4,2 1,9 1,8 2,7 5,2 1,9 0,9 4,1 1,8 5,67 2,0 2,0 87,5 0,8 Q9Z1N5 Ddx39b Spliceosome RNA helicase Ddx39b 49 1,8 1,8 0,0 0,0 0,0 2,6 1,8 3,2 3,9 3,8 1,8 1,9 2,0 3,0 2,0 1,8 3,5 1,8 3,1 3,0 2,9 2,1 2,5 1,2 1,9 87,5 2,4 Q99JY0 Hadhb Trifunctional enzyme subunit beta, mitochondrial 51,4 9,38 3,5 0,9 2,6 2,6 2,4 2,4 2,6 0,9 0,0 0,0 1,0 1,0 1,8 1,9 2,0 2,0 0,0 3,0 0,9 0,9 1,9 1,8 2,1 3,0 0,9 1,8 1,8 Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein F 3,5 3,9 3,8 3,7 3,7 2,0 0,9 5,0 87,5 0,9 2,9 Q9Z2X1 Hnrnpf 45,7 5*,*49 1,8 2,7 0,0 0,0 1,2 0,0 1,8 3,2 3,1 1,0 3,0 7,1 3,6 2,6 1,0 4,1 3,2 3,4 Q64433 Hspe1 11 8,35 2,6 2,6 2,4 5*,*3 5,3 4,1 3,9 5,8 7,4 8,4 4,1 1,0 0,0 6,1 2,7 0,0 3,0 91,7 2,3 4,9 3,4 10 kDa heat shock protein, mitochondrial 1,8 1,8 2,4 5,3 4,5 6,1 3,8 4,5 3,7 3,7 87,5 10,7 2,2 A0A0A6YVP0 lghg2b Immunoglobulin heavy constant gamma 2B (Fragm 44,3 6,52 5,3 5,4 10,5 14,1 13,2 0,0 0,0 9,2 5,8 5,8 3,1 2,0 3,9 3,0 2,6 0,0 0,9 2,1 4,0 5,0 3,2 15,6 9,5 3,6 87,5 7,1 57 5*,*07 9,7 5,2 3,5 3,5 11,2 15,4 11,5 0,0 0,0 0,0 3,9 3,0 9,5 3,4 A2A513 Krt10 Keratin, type I cytoskeletal 10 8,1 6,4 4,8 8,4 11,6 4,1 4,0 4,5 5,2 1,9 3,6 2,1 2,0 2,7 12,3 10,5 0,0 0,0 1,0 87,5 16,8 3,8 Q9QWL7 Krt17 Keratin, type I cytoskeletal 17 48,1 5,06 22,1 22,4 15,7 16,7 13,2 10,8 4,4 14,7 13,5 0,0 3,1 4,9 8,1 7,2 7,0 1,0 4,5 2,1 9,7 2,7 6,62 91,7 2,2 P29758 48,3 0,0 0,0 1,2 6,2 3,5 4,1 3,9 2,9 3,7 6,5 5,1 1,0 1,0 3,9 2,6 Oat Ornithine aminotransferase, mitochondrial 6,2 4,5 1,3 3,2 4,1 1,0 1,0 3,6 3,5 2,9 3,6 3,6 1,2 Pabpc1 Polyadenylate-binding protein 1 70,6 9,5 1,8 3,6 0,0 0,0 2,4 3,5 1,8 7,2 3,9 3,8 4,6 3,7 2,0 3,1 5,9 3,0 4,5 3,5 4,8 5,4 3,1 4,0 91,7 1,5 3,5 3,7 4,2 1,1 6,7 87,5 3,2 Rpl4 47,1 2,6 3,9 1,8 6,1 6,8 0,0 0,9 0,0 0,0 4,9 7,1 7,3 6,0 5,6 2,2 3,3 Q9D8E6 60S ribosomal protein L4 11 2,6 1,8 3,6 4,8 2,6 9,5 1,8 2,6 1,0 0,9 40S ribosomal protein S19 4,4 3,9 3,7 3,7 5,1 0,0 2,0 0,0 1,0 87,5 1,9 2,9 Q9CZX8 Rps19 19,4 10,45 2,6 3,6 2,6 1,3 1,2 0,0 5,3 4,1 4,8 3,1 3,6 4,4 3,8 4,5 4,6 2,9 5,3 3,7 87,5 1,5 Q6ZWN5 Rps9 40S ribosomal protein S9 22,6 10,65 4,4 3,6 0,0 0,0 1,2 0,0 2,6 4,4 4,2 8,2 3,9 2,9 3,7 4,1 3,1 3,9 4,0 5,4 7,8 6,7 4,5 2,1 3,0 4,4 3,8 4,9 Q78PY7 Staphylococcal nuclease domain-containing protein 7,1 87,5 1,2 Snd1 102 7,43 2,6 3,6 0,0 0,0 0,0 1,2 2,6 1,0 1,9 1,9 1,8 5,6 4,1 5,1 1,0 3,0 2,7 3,5 6,7 4,5 1,0 2,0 2,6 3,4 3,4 1,1 UDP-N-acetylhexosamine pyrophosphorylase-like r 0,0 1,2 9,8 7,2 8,7 7,7 5,5 8,4 3,9 3,0 87,5 1,4 5,9 Q3TW96 Uap1l1 56,6 5*,*43 2,6 4,5 0,0 0,0 6,2 6,3 6,1 4,1 4,0 9,0 6,1 7,7 6,3 3,1 7,6 5,3 0,0 2,9 0,0 2,0 87,5 1,7 Q00623 Apoa1 Apolipoprotein A-I 30,6 5,73 5,3 2,6 2,6 2,4 2,4 0,0 5,1 3,9 1,8 1,9 4,1 2,0 6,9 6,1 2,7 2,6 1,0 2,1 3,4 2,7 3,8 5,4 4,2 10,6 Arf4 7,14 0,0 0,0 8,9 2,0 1,9 1,9 2,8 10,2 7,2 2,0 2,0 7,7 9,0 1,0 87,5 2,8 4,3 P61750 ADP-ribosylation factor 4 20,4 7,1 7,2 2,6 0,0 2,1 2,8 0,9 5,2 2,1 4,6 4,5 Ces1c Carboxylesterase 1C 61 5,06 3,5 8,1 7,9 9,0 10,8 10,8 1,8 0,9 2,1 2,0 3,9 4,8 3,7 1,9 5,1 3,1 1,0 0,0 0,9 1,7 5,8 4,5 0,0 0,0 87,5 8,3 2,6 2,5 2,2 0,0 7,7 2,8 P11087 Col1a1 Collagen alpha-1(I) chain 137,9 5*,*85 10,6 6,3 0,0 0,0 0,0 7,0 7,1 14,3 9,7 2,8 1,9 16,4 14,3 8,9 7,0 6,0 83,3 9,2 6,9 9,5 9,1 7,2 8,7 8,1 4,1 8,9 G5E850 Cyb5a Cytochrome b5 11,1 5,3 0,0 0,9 2,6 2,6 2,4 2,4 0,9 1,8 3,2 3,1 1,0 3,8 0,9 0,9 0,0 0,0 2,0 2,0 0,9 0,9 0,0 0,9 2,1 2,0 83,3 1,8 2,3 1,0 1,1 Dcn Decorin 39,8 8,68 1,8 0,9 0,0 0,0 0,0 0,0 2,6 3,5 2,1 2,0 1,9 1,9 1,8 1,9 4,1 4,1 1,0 2,0 1,8 1,7 3,8 3,6 2,1 2,0 83,3 0,4 2,4 2,5 Q8JZQ9 Eif3b 91,3 5,02 0,9 2,4 0,9 1,8 1,0 1,9 2,0 2,0 2,0 87,5 2,0 0,8 Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit B 0,9 2,6 2,6 2,4 0,0 1,0 0,0 0,9 2,0 0,9 0,9 1,0 1,8 1,0 0,0 1,8 0,9 2,2 5,66 0,0 2,6 2,6 3,5 1,0 2,8 0,0 2,0 83,3 Q920E5 Fdps Farnesyl pyrophosphate synthase 40,6 0,9 2,6 4,8 2,4 0,0 1,0 1,0 2,8 1,0 1,0 0,0 1,8 3,5 3,8 0,9 2,1 1,5 1,3 2,4 87,4 6,11 21,2 22,4 9,2 10,3 7,2 0,0 0,0 5,1 3,9 6,7 0,0 0,9 11,2 11,2 50,2 42,5 0,9 3,6 2,1 4,0 83,3 13,3 2,7 E9PV24 Fga Fibrinogen alpha chain 9,6 5,3 0,0 5,8 3,5 19,4 83,3 Q8BTM8 Filamin-A 281 6,04 3,5 5,4 11,8 12,9 14,4 13,2 1,8 0,9 1,0 2,9 3,8 0,0 0,0 0,0 2,0 4,9 10,1 0,9 0,0 0,9 3,1 3,0 10,2 1,9 2,8 1,5 Flna 1,1 0,9 30,2 8,72 0,0 0,0 0,0 12,4 4,1 4,8 3,7 2,7 7,0 7,2 83,3 1,8 6,4 5,0 Gm20390 Nucleoside diphosphate kinase 4,4 6,3 0,0 6,2 5,3 5,8 2,8 5,1 5,1 3,0 5,1 5,8 3,1 4,0 4,1 7,14 7,1 83,3 1,1 Aspartate aminotransferase, cytoplasmic 46,2 1,8 0,9 0,0 1,2 4,4 6,1 4,8 0,0 6,4 6,5 8,2 7,2 0,0 0,0 5,2 7,7 6,3 2,1 5*,*0 4,1 4,7 5,3 P05201 Got1 1,3 1,2 2,1 5,4 Hnrnpa2b1 Heterogeneous nuclear ribonucleoproteins A2/B1 37,4 088569 8,95 12,4 0,0 0,0 0,0 0,0 18,5 21,3 8,2 7,7 7,7 6,4 11,2 13,3 5,9 6,1 11,7 13,1 11,8 6,2 5,0 83,3 4,3 12,0 9,7 10,7 13,4 8,4 15,3 16,4 1,7 87,9 6,24 4,0 83,3 Q8VEK3 0,0 0,0 2,6 2,6 2,4 2,4 2,6 0,9 2,0 1,9 1,0 0,0 0,9 1,0 3,1 2,0 1,0 2,7 3,5 0,0 3,6 2,1 1,6 1,3 2,6 Hnrnpu Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein U 1,1 Q9JKR6 Hyou1 Hypoxia up-regulated protein 1 111,1 5,19 0,0 0,9 1,3 1,3 4,8 2,4 1,8 0,9 1,1 1,0 1,0 1,0 0,9 0,9 1,0 0,0 2,0 1,0 0,9 1,7 1,9 0,9 1,0 0,0 87,5 1,8 1,1 1,0 1,1 61,7 7,75 37,1 34,1 13,1 83,3 19,6 4,7 Q922U2 12,9 9,6 10,8 3,5 2,7 28,6 22,2 24,9 0,0 0,0 0,0 1,0 14,8 16,2 7,2 7,8 0,9 6,2 6,0 18,4 5,3 Krt5 Keratin, type II cytoskeletal 5 28,4 0,0 Nascent polypeptide-associated complex subunit a 220,4 9,35 0,0 4,4 2,0 1,9 2,9 0,9 2,0 0,9 2,7 1,0 2,0 87,5 1,7 2,0 P70670 Naca 4,4 1,8 1,3 0,0 2,4 5*,*3 2,1 0,0 3,1 1,0 2,0 1,8 3,8 3,1 1,5 83,3 7,37 0,0 9,8 2,0 3,7 5,2 4,0 1,5 P15532 Nme1 Nucleoside diphosphate kinase A 17,2 4,4 4,5 0,0 0,0 0,0 5,3 3,2 3,9 1,9 1,8 3,1 5,1 2,0 3,0 2,7 2,9 6,3 3,1 4,3 3,1 4,0 Non-POU domain-containing octamer-binding prot 54,5 8,95 0,0 8,9 1,0 7,7 6,7 2,8 12,3 7,0 10,9 10,4 83,3 3,0 5,8 Q99K48 Nono 7,9 9,9 0,0 0,0 0,0 7,0 3,2 5,5 11,2 12,8 8,1 9,0 11,5 5,0 8,8 9,0 B1AYJ9 Ola1 31,7 7,8 0,9 1,3 0,0 2,4 1,8 0,9 0,0 0,0 1,0 1,0 1,8 1,9 0,0 1,0 2,0 1,0 1,7 1,0 0,9 1,0 2,0 83,3 1,3 0,8 1,3 1,4 Obg-like ATPase 1 1,8 1,2 1,8 6-phosphogluconate dehydrogenase, decarboxylat 53,2 7,23 0,0 0,0 0,0 0,9 1,8 2,0 1,9 1,9 0,9 0,0 4,1 3,1 2,0 3,0 1,8 1,7 2,9 3,6 3,1 2,0 83,3 0,9 1,8 2,2 2,5 Q9DCD0 Pgd 1,8 2,4 1,2 2,1 26,1 4,94 0,0 87,5 1,4 Q9Z1R9 Protease, serine 1 (trypsin 1) 1,8 0,0 1,3 1,2 2,4 1,8 1,8 5,1 3,9 4,8 0,0 2,0 2,0 4,9 4,0 0,9 0,9 1,8 3,1 1,0 3,8 2,2 1,4 Prss1 1,8 5,3 1,0 P14685 60,7 8,44 0,0 0,0 0,9 1,8 2,0 1,9 1,0 1,9 1,0 2,0 1,7 4,0 83,3 0,3 1,4 1,9 Psmd3 26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 3 0,9 0,0 0,0 1,2 1,1 1,8 1,0 1,0 1,8 1,0 0,9 2,1 1,5 165,7 7,7 87,5 11,1 6,68 10,6 9,0 11,8 9,0 13,2 13,2 0,0 0,0 7,2 4,8 1,8 1,9 6,1 3,1 5,9 6,1 0,0 0,9 2,7 2,1 1,0 4,2 1,4 Q61838 Pzp Pregnancy zone protein 5,3 1,9 4,1 P51150 Rab7a Ras-related protein Rab-7a 23,5 6,7 2,6 2,7 0,0 0,0 0,0 0,0 2,6 0,9 3,2 2,0 3,9 2,9 7,4 8,4 6,1 1,0 2,0 3,0 9,9 9,6 3,8 5,4 2,1 3,0 83,3 0,9 2,6 4,6 5,6 33,5 10,7 11,5 7,7 10,0 3,0 83,3 2,5 7,9 7,2 0,0 0,0 0,0 0,0 8,8 12,6 9,2 9,7 9,2 9,3 9,2 9,2 8,9 11,1 7,8 10,6 2,1 9,9 9,5 6,9 P47911 Rpl6 60S ribosomal protein L6 8,1 P14869 34,2 6,25 0,0 0,0 0,0 3,5 4,1 2,9 1,9 4,7 3,1 7,0 2,7 2,1 3,0 83,3 1,2 3,7 Rplp0 60S acidic ribosomal protein P0 4,4 2,7 0,0 5,3 4,2 2,8 3,1 2,0 3,0 6,3 1,9 3,1 3,8 83,3 1,2 Rps14 40S ribosomal protein S14 16,3 10,05 4,4 2,7 0,0 0,0 0,0 0,0 4,4 4,4 4,2 4,1 3,9 3,8 1,8 1,9 4,1 4,1 2,0 2,0 3,6 3,5 3,8 3,6 2,1 2,0 4,1 2,6 3,1 12,3 10,15 0,0 0,0 1,2 0,0 3,5 2,0 1,9 1,9 3,7 1,9 2,0 1,0 2,0 0,9 1,7 2,7 1,0 1,0 87,5 0,9 2,4 1,9 F8WJ41 Rps15a 40S ribosomal protein S15a (Fragment) 1,8 2,7 2,6 2,1 4,1 3,8 2,4 83,3 0,7 P25444 31,2 10,24 1,8 2,7 0,0 0,0 0,0 0,0 0,9 5,3 6,1 4,8 6,7 7,4 3,7 3,1 4,1 3,0 5,1 2,7 5,2 5,8 7,2 1,0 2,0 5,2 4,4 4,0 Rps2 40S ribosomal protein S2 7,4 P62754 28,7 10,84 1,0 4,0 87,5 1,0 2,7 2,7 Rps6 40S ribosomal protein S6 1,8 1,8 0,0 1,3 1,2 0,0 0,9 3,5 2,1 4,8 3,8 0,9 0,0 1,0 1,0 4,9 5,1 4,5 1,7 1,0 0,9 4,1 2,2 Succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotei 72,5 7,37 2,0 2,0 83,3 0,6 2,2 Q8K2B3 Sdha 1,8 1,8 0,0 0,0 0,0 0,0 1,8 1,8 1,9 1,9 1,8 1,9 1,0 2,0 3,0 2,0 1,7 1,8 2,1 1,9 2,0 2,1 3,6 1,9 Small nuclear ribonucleoprotein Sm D3 13,9 10,32 0,0 2,7 3,1 3,9 1,9 3,7 4,0 3,6 3,1 4,0 87,5 1,2 3,3 P62320 Snrpd3 3,5 2,7 0,0 0,0 1,2 3*,*5 2,1 2,8 3,1 3,1 3,9 2,7 2,6 3,8 2,9 3,4 83,3 Synaptic vesicle membrane protein VAT-1 homolog 43,1 6,37 0,0 0,0 3,5 2,0 0,0 6,3 0,6 2,5 Q62465 1,8 0,9 0,0 1,2 2,6 3,2 1,0 2,9 8,3 5,6 1,0 5,1 2,0 3,5 2,9 1,0 1,0 3,7 3,4 Vat1 5,4 Actr3 Actin-related protein 3 47,3 5,88 0,9 0,9 0,0 0,0 2,4 0,0 1,8 1,8 1,1 0,0 1,9 1,9 1,8 0,9 2,0 5,1 3,0 2,0 1,8 1,7 2,9 4,5 0,0 1,0 79,2 0,7 1,4 2,5 2,0 7,37 38,7 9,8 5,1 79,2 3,1 6,3 P10107 7,1 11,7 0,0 0,0 0,0 0,0 6,2 6,8 5,8 0,0 1,9 8,2 9,2 11,8 10,1 3,6 5,2 11,5 10,0 5,2 3,0 6,9 6,4 Anxa1 Annexin A1 4,2 P59999 19,7 8,43 0,0 1,2 0,0 4,4 0,0 1,0 0,0 0,0 5,5 3,7 6,1 5,1 2,0 3,0 2,7 2,6 4,8 3,6 3,1 4,0 79,2 1,8 1,2 4,2 3,5 Arpc4 Actin-related protein 2/3 complex subunit 4 1,8 5,4 2,6 1,8 1,7 5*,*08 0,0 3,7 0,9 83,3 Q9D3D9 Atp5f1d ATP synthase subunit delta, mitochondrial 17,6 0,9 1,8 2,6 0,0 2,4 2,4 0,9 1,1 2,0 1,9 1,9 3,7 0,0 0,0 2,0 3,0 1,8 0,9 1,9 1,0 1,0 1,3 2,1 1,3 P01027 C3 186,4 6,73 7,9 0,0 0,9 0,9 2,0 13,8 14,2 0,0 2,7 83,3 18,0 2,6 1,3 Complement C3 9,0 24,9 21,9 22,8 21,6 1,1 5,1 4,8 3,8 1,8 0,0 0,9 2,9 0,0 1,0 5,5 Eif3a Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit A 161,8 6,77 0,0 0,9 6,5 6,4 4,8 7,2 1,8 0,9 2,0 1,9 1,9 2,8 3,7 0,0 0,0 3,0 4,0 2,6 0,0 5,2 3,0 79,2 4,3 1,9 2,2 2,3 P23116 3,2 2,7 0,0 Hnrnpa3 39,6 9,01 0,0 0,0 6,2 14,2 3,1 3,9 1,9 1,9 5,1 8,2 2,0 3,0 6,1 11,5 4,5 2,1 3,0 83,3 4,7 5,6 V9GX38 Predicted gene 17190 13,2 15,2 0,0 0,0 3,2 2,8 6,3 5,4 3,8 51,2 1,8 1,8 0,0 0,0 3,0 79,2 2,7 Q8C2Q7 Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein H 6,8 0,0 0,0 0,9 1,8 3,2 4,1 3,9 3,8 1,8 3,7 1,0 2,0 2,0 5,1 4,5 2,6 0,0 1,8 4,1 0,6 2,9 2,6 Hnrnph1 188,6 6,48 7,1 8,1 0,0 0,0 0,0 7,0 7,1 1,0 3,8 6,5 10,2 7,0 6,2 79,2 2,5 5,7 lqgap1 Ras GTPase-activating-like protein IQGAP1 0,0 0,0 2,9 6,4 8,2 5,9 5,1 5,4 5,8 4,5 5,0 3,6 7,1

P19001 Q6IFX2 Q9CRB1 Q8BSH9	Krt19 Krt42 Lgals7 Nap1l1	Keratin, type I cytoskeletal 1944,5Keratin, type I cytoskeletal 4250,1Galectin15,2Nucleosome assembly protein 1-like 144,6	5,39 5,16 6,89 4,56	11,5       8,1         12,4       10,8         11,5       10,8         0,9       1,8	2,6         2,6         3,6         2,4           6,5         10,3         7,2         6,0           2,6         7,7         4,8         4,8           0,0         2,6         1,2         1,2	1,8         1,8           1,8         1,8           1,8         1,8           1,8         1,8           1,8         1,8	6,3 8,4 6,3 4,2	4,1 7,2 9,2 4,1	6,8     3,8       9,7     5,8       3,9     7,7       1,9     2,9	0,0 0,0 0,0 0,0	0,0 0,0 0,0 0,9	0,0         3,1           0,0         3,1           3,1         2,0           2,0         2,0	2,0 2 3,0 3 3,0 4 0,0 0	2,0     4,5       3,0     4,5       4,0     0,0       0,0     1,8	6,1 6,1 0,0 1,7	1,0 1,0 1,0 1,9	4,5 4,5 0,9 1,8	0,0 0,0 0,0 4,1	0,0 0,0 1,0 3,0	79,2       5,1       4,1       1,2       2,7         79,2       8,9       5,8       1,5       2,7         79,2       7,0       5,1       2,0       0,5         83,3       1,3       2,8       0,8       2,4
Q76M23 Q6GT24 P62751 P62900	Ppp2r1a Prdx6 Rpl23a Rpl31	Serine/threonine-protein phosphatase 2A 65 kDa r65,3Peroxiredoxin-624,860S ribosomal protein L23a17,760S ribosomal protein L3114,5	5,11 6,37 10,45 10,54	0,0 0,0 6,2 5,4 0,0 1,8 3,5 3,6	2,6         2,6         4,8         4,8           0,0         0,0         0,0         2,4           1,3         2,6         2,4         2,4           0,0         0,0         0,0         0,0         0,0	0,9         0,0           5,3         3,5           0,9         0,0           3,5         2,7	2,1 3,2 2,1 4,2	0,0 2,0 2,0 2,0	1,9     1,9       1,9     3,8       1,9     1,9       1,9     2,9	1,8 2,8 1,8 0,9	0,9 4,7 1,9 1,9	2,0       0,0         6,1       6,1         0,0       0,0         2,0       2,0	1,0 1,0 2,0 2,0 2,0 2,0 2,0 2,0 2,0 2,0 2,0 2	2,0 3,6 1,0 3,6 2,0 1,8 2,0 1,8	2,6 6,1 1,7 3,5	1,9 4,8 1,0 2,9	0,9 7,2 0,9 1,8	6,2 0,0 2,1 2,1	4,0 0,0 2,0 2,0	79,2       2,5       1,1       1,3       3,2         79,2       2,3       3,3       3,6       3,6         83,3       1,7       1,5       1,3       1,6         83,3       1,2       2,9       1,8       2,3
P63325 P62843 P51881 E9Q4F4	Rps10 Rps15 Slc25a5 Snrpe	40S ribosomal protein S1018,940S ribosomal protein S1517ADP/ATP translocase 232,9Small nuclear ribonucleoprotein E10,9	10,15 10,39 9,73 8,48	3,5       3,6         6,2       3,6         6,2       4,5         0,0       1,8	0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         1,2         0,0           0,0         0,0         1,2         0,0           1,3         2,6         1,2         0,0	4,4         5,3           7,0         1,8           5,3         9,8           1,8         1,8	4,2 0,0 7,4 2,1	4,1 0,0 5,1 2,0	3,93,81,01,02,95,81,91,9	1,8 5,5 4,6 0,9	3,7 3,7 4,7 2,8	2,02,03,14,18,27,20,00,0	2,0 3,0 3,0 4 3,0 4 2,0 2	3,0         3,6           2,0         2,7           1,0         5,4           2,0         1,8	3,5 1,7 6,1 3,5	3,8 7,7 10,6 1,9	3,6 9,0 10,9 0,9	3,1 5,2 0,0 2,1	2,0 7,0 1,0 2,0	83,3       1,2       4,3       2,4       3,3         79,2       1,8       1,8       3,6       5,6         83,3       2,0       6,0       5,3       5,7         83,3       1,1       1,9       1,3       2,0
Q8BL97 Q9WVA4 Q91ZJ5	Srsf7 Tagln2 Ugp2	Serine/arginine-rich splicing factor 730,8Transgelin-222,4UTPglucose-1-phosphate uridylyltransferase56,9Data contracting42,2	11,9 8,24 7,61	0,0 0,9 1,8 2,7 0,0 0,0	0,0         0,0         0,0         1,2           2,6         1,3         2,4         2,4           7,9         7,7         9,6         9,6	2,6 3,5 2,6 0,0 1,8 0,9	1,1 0,0 4,2	2,0 0,0 3,1	3,9         1,9           1,9         1,0           5,8         5,8           1,0         1,0	0,0 0,9 5,5	1,9 0,0 6,5	1,0 3,1 6,1 4,1 0,0 1,0	3,0 4 3,9 ( 0,0 (	4,0 3,6 5,1 0,0 0,0 3,6	4,4 0,9 3,5	1,9 1,0 1,0	2,7 3,6 1,8	4,1 5,2 5,2	4,0 6,0 2,0	79,2       0,3       2,5       2,2       3,5         79,2       2,2       0,9       3,5       2,8         79,2       5,8       3,6       2,2       2,8         75,0       0,6       1,0       1,2
Q885C5 P0DP27 P40124 Q3UJV1	Calm2 Cap1 Ccdc61	Beta-centractin42,3Calmodulin-216,8Adenylyl cyclase-associated protein 151,5Centrosomal protein CCDC6157,3	6,4 4,22 7,52 10,49	1,8     1,8       0,0     0,9       0,9     1,8       3,5     2,7	0,0         0,0         0,0         0,0           2,6         1,3         1,2         0,0           3,9         2,6         7,2         8,4           0,0         0,0         3,6         1,2	2,6         1,8           0,0         1,8           3,5         0,9           3,5         3,5	2,1 1,1 0,0 1,1	2,0 1,0 1,0 1,0	1,9     1,0       1,9     2,9       2,9     1,9       3,9     5,8	1,8 0,0 1,8 0,9	0,0 0,0 3,7 0,0	0,0         1,0           1,0         3,1           1,0         2,0           3,1         2,0	2,0 2,0 2,0 2,0 2,0 2,0 2,0 2,0 2,0 2,0	2,0 0,9 3,0 0,9 2,0 0,0 3,0 5,4	1,7 0,9 0,0 6,1	1,0 3,8 0,0 0,0	0,9 0,9 0,0 0,0	2,1 8,3 9,3 2,1	9,0 6,0 3,0	75,0       0,6       1,9       1,0       1,3         79,2       1,0       1,4       1,5       4,0         79,2       4,1       1,7       2,1       2,6         75,0       1,8       3,1       1,5       2,8
Q04857 O54734 E9PV04 O8K0F8	Col6a1 Ddost Eif4a311 Fgb	Collagen alpha-1(VI) chain108,4Dolichyl-diphosphooligosaccharideprotein glycos'49RNA helicase46,8Fibrinogen beta chain54,7	5,36 5,83 7,43 7.08	4,4 2,7 4,4 5,4 0,9 1,8 17.6 19.7	0,0         0,0         1,2         1,2           0,0         0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0         0,0           2,6         5,1         4,8         4,8	4,4         3,5           4,4         5,3           0,9         0,9           0,9         0,9	0,0 1,1 1,1 0.0	0,0 2,0 2,0 1.0	0,0     1,9       1,0     1,0       1,0     1,9       1,9     1,9	0,9 3,7 1,8 0.9	0,9 0,9 0,9 0,9	7,2       6,1         3,1       4,1         0,0       1,0         17.4       17.4	0,0 2 0,0 0 1,0 2 46,3 4	1,0 1,8 ),0 2,7 1,0 0,9 9.5 0.0	1,7 3,5 0,0 0.0	1,9 3,8 1,9 8,7	1,8 3,6 0,9 10.9	8,3 1,0 1,0 0.0	8,0 2,0 1,0 0.0	75,0       1,6       1,6       2,7       3,9         75,0       1,6       2,5       2,0       2,8         75,0       0,4       1,3       1,0       1,0         79,2       9,1       1,1       22,1       3,3
P29391 Q80XR6 P70333	Ftl1 Hnrnpab Hnrnph2	Ferritin light chain 120,8Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein A/B33,8Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein H249,2Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein H249,2	6 5,83 6,3	0,0 0,9 6,2 6,3 1,8 1,8	9,2         7,7         4,8         4,8           0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0	0,0         0,0           5,3         7,1           0,9         1,8	2,1 6,3 2,1	1,0 5,1 2,0	1,0         1,0           4,8         5,8           1,9         1,9	3,7 3,7 0,0	2,8 3,7 1,9	6,1         4,1           8,2         7,2           1,0         2,0	3,9 ( 3,9 2 2,0 2	2,7           2,0           5,4           2,0           1,8	3,5 4,4 1,7	0,0 8,7 0,0	0,0 10,0 1,8	10,4 0,0 2,1	9,0 0,0 2,0	75,0     4,6     0,7     4,4     4,3       75,0     2,1     5,7     4,8     4,7       75,0     0,6     1,8     1,5     1,6
Q3U2G2 A0A2R8VHF9 Q3THE2 P12382	Hspa4 Myh11 Myl12b Pfkl	Heat shock 70 kDa protein 494,1Myosin-11223,2Myosin regulatory light chain 12B19,8ATP-dependent 6-phosphofructokinase, liver type85,3	5,21 5,5 4,84 7,17	0,0 0,9 1,8 0,0 3,5 1,8 2,6 3,6	3,9         5,1         4,8         4,8           2,6         2,6         6,0         1,2           0,0         0,0         1,2         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0	0,0         0,0           0,9         0,9           1,8         1,8           2,6         4,4	4,2 0,0 1,1 3,2	7,2 0,0 1,0 4,1	3,9     4,8       0,0     0,0       0,0     1,9       2,9     1,9	3,7 1,8 0,9 1,8	1,9 1,9 0,9 3,7	0,0         0,0           2,0         2,0           5,1         3,1           3,1         5,1	3,0 2 3,0 4 1,0 4 2,0 2	2,0 3,6 4,0 0,0 4,0 2,7 2,0 0,9	0,9 1,7 0,0 0,9	1,9 1,0 4,8 1,0	0,0 1,8 4,5 1,8	5,2 2,1 1,0 2,1	6,0 3,0 0,0 0,0	75,0       3,3       3,3       1,8       2,9         75,0       2,4       0,3       2,5       1,6         75,0       1,1       1,3       2,5       2,2         79,2       1,0       3,2       3,0       1,1
P24369 Q60692 Q99JI6 Q9CQM8	Ppib Psmb6 Rap1b Bpl21	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase B23,7Proteasome subunit beta type-625,4Ras-related protein Rap-1b20,860S ribosomal protein L2118.6	9,55 5,11 5,78 10 49	0,9 0,9 0,9 1,8 0,9 1,8	1,3       0,0       0,0       1,2         2,6       2,6       2,4       2,4         0,0       0,0       0,0       0,0         0,0       0,0       1,2       1,2	0,9 0,0 1,8 1,8 1,8 0,0 1,8 1,8	2,1 3,2 2,1	2,0 1,0 1,0 1 0	1,9     1,9       0,0     1,9       1,9     1,0       2,9     1,9	0,0 1,8 2,8	0,9 1,9 1,9	0,0 4,1 1,0 1,0 3,1 2,0 2,0 2,0	2,0 2 0,0 0 2,0 2	2,0     1,8       0,0     1,8       2,0     1,8       0,0     0,9	0,9 1,7 0,9	1,9 1,9 1,9 2,9	1,8 1,8 1,8 2,7	1,0 0,0 2,1 2,1	1,0 0,0 2,0 3.0	79,2       0,7       1,5       1,5       1,4         79,2       2,1       1,6       1,0       1,2         79,2       0,4       1,3       2,3       1,7         79,2       1,0       1,7       1,5       1,9
Q921R2 P62242 A0A0N4SV32	Rps13 Rps8 Serbp1	40S ribosomal protein S1316,140S ribosomal protein S824,2Plasminogen activator inhibitor 1 RNA-binding prot39,6	10,49 10,71 10,32 8,47	1,8     1,8       2,6     2,7       4,4     4,5       0,0     0,0	0,0         0,0         1,2         1,2           0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0           2,6         2,6         2,4         2,4	1,8         1,8           5,3         3,5           5,3         5,3           0,9         0,0	1,1 4,2 1,1 1,1	2,0 1,0 2,0	2,9     1,9       1,0     2,9       1,0     0,0       1,0     1,9	2,8 1,8 0,9	0,0 1,9 1,9 0,9	2,0         2,0           4,1         3,1           5,1         1,0           0,0         0,0	1,0 2,0 3,0 3	2,0 5,4 2,0 0,9 3,0 2,7	5,2 3,5 3,5	2,9 4,8 2,9 1,0	2,7 5,4 3,6 0,9	2,1 1,0 1,0 3,1	0,0 4,0 3,0	79,2       0,9       3,2       2,5       3,7         79,2       1,5       2,3       2,3       2,7         79,2       1,7       1,1       1,3       2,4
Q921M3 Q9CZN7 P48962 P16546	Sf3b3 Shmt2 Slc25a4 Sptan1	Splicing factor 3B subunit 3135,5Serine hydroxymethyltransferase, mitochondrial55,7ADP/ATP translocase 132,9Spectrin alpha chain, non-erythrocytic 1284,4	5,26 8,47 9,72 5,33	1,8 1,8 6,2 5,4 3,5 2,7 1,8 1,8	2,6         1,3         2,4         2,4           2,6         2,6         0,0         0,0           0,0         0,0         1,2         0,0           0,0         0,0         2,4         1,2	1,8 1,8 5,3 3,5 4,4 8,9 3,5 3,5	0,0 3,2 6,3 0,0	0,0 1,0 3,1 1,0	1,01,01,92,91,92,90,00,0	0,0 2,8 0,9 0,9	0,0 3,7 1,9 1,9	2,0       3,1         4,1       4,1         6,1       5,1         3,1       4,1	1,0 2 0,0 2 1,0 2 2,0 2	1,0 0,0 2,0 3,6 3,0 5,4 1,0 0,9	0,0 4,4 4,4 0,9	1,9 6,7 6,7 3,8	1,8 6,3 10,0 2,7	1,0 0,0 0,0 0,0	1,0 0,0 0,0 1,0	75,0       2,0       0,9       1,2       1,0         79,2       2,8       3,0       2,8       3,5         79,2       1,2       4,6       3,0       4,4         75,0       1,2       1,3       2,2       1,6
Q62093 Q9D8L3 P26039	Srsf2 Ssr4 Tln1	Serine/arginine-rich splicing factor 225,5Signal sequence receptor subunit delta19Talin-1269,7Acceptor subunit hudetta25,4	11,85 5,78 6,18	1,8 1,8 1,8 1,8 1,8 0,0	0,0 1,3 2,4 2,4 1,3 1,3 1,2 2,4 14,4 18,0 27,6 20,4	0,0 0,9 1,8 0,9 0,0 0,0	1,1 1,1 2,1	1,0 0,0 1,0	1,0 1,9 0,0 1,0 6,8 1,9	0,9 0,0 2,8	0,0 1,9 1,9	2,0 2,0 2,0 2,0 1,0 0,0	1,0 1,0 0,0 0 0,0 0 20,7 1	1,0 0,9 0,0 1,8 1,1 7,2	0,0 1,7 4,4	1,9 1,9 0,0	2,7 0,9 0,0	0,0 0,0 16,6	2,0 1,0 19,0	79,2       1,6       1,0       1,2       1,3         75,0       1,6       0,8       1,0       1,2         75,0       13,7       2,0       6,2       7,9
P84084 P97377 Q9JIF7	Acto2 Arf5 Cdk2 Copb1	Acontate hydratase, mitochondrian83,4ADP-ribosylation factor 520,5Cyclin-dependent kinase 239Coatomer subunit beta107	6,79 8,54 6	0,9 0,0 8,8 9,0 0,9 0,9 0,0 0,0	7,5         6,4         8,4         4,8           2,6         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         4,8         0,0	0,0         0,0           13,2         14,2           3,5         2,7           1,8         1,8	2,1 2,1 1,1	2,0 2,0 2,0 2,0	1,0         1,0           1,9         1,9           1,0         1,9           1,9         1,9           1,9         1,9	0,0 3,7 0,9	2,8 0,0 2,8 3,7	9,2         11,2           4,1         0,0           2,0         0,0	2,0 2 2,0 2 0,0 0 3,9 3	2,0 0,9 2,0 0,0 0,0 1,8 3,0 1,8	2,6 1,7 2,6 3,5	1,0 10,6 1,0 0,0	0,9 11,8 1,8 0,9	2,1 2,1 2,1 1,0	2,0 1,0 1,0 2,0	75,0       4,7       0,7       1,5       1,6         75,0       3,4       5,9       4,1       4,5         70,8       0,3       2,2       1,8       1,7         70,8       0,8       1,7       2,3       1,5
Q9ERK4 P29812 Q91VR5 P70372	Cse1l Dct Ddx1 Flavl1	Exportin-2110,4L-dopachrome tautomerase58,5ATP-dependent RNA helicase DDX182,4FLAV-like protein 136,1	5,77 6,9 7,21 9,04	0,9 1,8 0,9 0,0 1,8 1,8 0.0 0.9	1,3         1,3         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         1,2           0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0	2,6         1,8           1,8         1,8           2,6         2,7           2,6         0,0	1,1 4,2 1,1 2,1	0,0 4,1 2,0 2.0	2,9     2,9       1,9     4,8       1,0     0,0       1,9     1,0	0,9 7,4 0,9 1.8	1,9 7,4 1,9 3.7	1,00,01,00,02,04,10,01,0	2,0 2,0 2,0 2,0 2,0 2,0 2,0 2,0 2,0 2,0	3,0         0,0           2,0         5,4           0,0         3,6           2,0         3,6	0,0 5,2 1,7 1.7	1,9 2,9 2,9 1,9	2,7 5,4 2,7 0.9	0,0 1,0 1,0 2,1	1,0 0,0 1,0 2.0	70,8         0,9         1,9         1,5         0,9           75,0         0,3         3,1         3,3         3,3           70,8         0,6         1,6         1,5         2,2           70,8         0,1         1,6         1,9         2,0
Q9CZD3 P21614 Q91X72	Gars1 Gc Hpx	GlycinetRNA ligase81,8Vitamin D-binding protein53,6Hemopexin51,3	6,65 5,5 7,8	1,8 1,8 1,8 2,7 4,4 4,5	0,0         0,0         0,0         0,0         0,0           19,6         11,6         20,4         22,8           0,0         0,0         0,0         0,0	1,8         2,7           0,0         0,0           0,9         1,8	0,0 2,1 4,2	0,0 0,0 4,1	1,9         1,0           9,7         7,7           5,8         5,8	0,9 2,8 2,8	0,9 2,8 4,7	0,0         3,1           0,0         1,0           9,2         8,2	1,0 4 13,8 ( 6,9 1	i,0         2,7           5,1         1,8           0,1         4,5	0,9 2,6 6,1	2,9 0,0 15,4	2,7 0,0 16,3	1,0 3,1 0,0	1,0 2,0 0,0	70,8       0,6       1,2       1,7       1,9         75,0       13,1       3,2       4,4       1,6         75,0       1,5       3,7       7,0       7,0
Q8BLF1 Q99LX0 Q9CR57 P31725	Nceh1 Park7 Rpl14 S100a9	Neutral cholesterol ester hydrolase 145,7Parkinson disease protein 7 homolog2060S ribosomal protein L1423,5Protein S100-A913	7,05 6,77 11,02 7,17	0,0 0,0 2,6 6,3 5,3 5,4 3,5 4,5	0,0         2,6         3,6         6,0           2,6         1,3         1,2         1,2           0,0         0,0         0,0         1,2           0,0         0,0         0,0         1,2           0,0         0,0         0,0         0,0	0,0         0,0           4,4         4,4           3,5         5,3           0,0         0,0	0,0 0,0 3,2 5,3	0,0 0,0 3,1 4,1	1,9       1,0         1,0       0,0         3,9       3,8         2,9       3,8	4,6 7,4 2,8 2,8	4,7 5,6 1,9 3,7	1,0       1,0         3,1       4,1         3,1       2,0         10,2       10,2	3,0 1 0,0 ( 2,0 1 9,9 8	l,0 3,6 0,0 0,0 1,0 0,0 3,1 2,7	1,7 1,7 0,9 0,9	1,9 0,0 3,8 8,7	0,9 2,7 2,7 7,2	7,3 2,1 0,0 8,3	7,0 2,0 0,0 7,0	70,8         2,0         0,5         2,5         3,7           70,8         2,5         1,6         3,3         1,4           75,0         2,0         3,8         2,1         1,2           75,0         1,3         2,7         7,5         5,8
P63028 Q5SVG5 O55143 P62814	Tpt1 Ap1b1 Atp2a2 Atp6y1b2	Translationally-controlled tumor protein19,5AP complex subunit beta101,1Sarcoplasmic/endoplasmic reticulum calcium ATPa114,8V-type proton ATPase subunit B brain isoform56,5	4,86 5,22 5,34 5,81	1,8 1,8 0,9 0,9 0,0 0,0 0,0 1,8	0,0         0,0         0,0         0,0           2,6         1,3         1,2         0,0           5,2         3,9         3,6         2,4           5,2         2,6         7,2         3,6	0,9 3,5 0,9 0,0 0,0 0,9 0,0 0,9	2,1 0,0 2,1	4,1 0,0 1,0 1 0	3,9     3,8       1,0     1,0       1,0     1,0       0,0     0,0	3,7 1,8 0,0 1.8	3,7 1,9 0,0 1 9	1,02,02,00,01,00,02,02,0	3,0 3 2,0 0 2,0 3	3,0     2,7       0,0     0,9       3,0     0,0       0,0     0,0	3,5 0,0 0,9 1 7	0,0 1,9 1,9	0,0 0,9 0,0 2 7	3,1 1,0 4,1 1,0	4,0 2,0 3,0 3.0	75,0       0,6       3,1       2,7       2,2         70,8       1,1       0,5       1,3       1,1         66,7       2,5       1,0       1,0       1,7         70,8       3,4       0,2       1,6       1,6
A2APM3 E9PZQ1 E9QNN1	Cd44 Ddx60 Dhx9	CD44 antigen50,7DExD/H box helicase 60197,5DEAH box protein 9149,6	5,29 7,55 6,83	0,9 1,8 1,8 0,9 2,6 0,9	0,0         1,3         0,0         0,0           1,3         2,4         1,2           1,3         2,6         4,8         3,6	0,0         0,0           1,8         1,8           0,9         1,8           2,6         3,5	1,1 0,0 0,0	1,0 0,0 0,0	0,0         1,0           2,9         1,9           0,0         1,9	1,8 0,0 0,0	1,9 0,0 0,0	2,0         2,0           2,0         2,0           0,0         1,0           1,0         0,0	0,0 ( 1,0 ( 3,9 4	0,0 1,8 0,0 2,7 1,0 0,9	2,6 0,0 1,7	1,9 2,9 1,9	1,8 0,9 1,8	0,0 6,2 0,0	1,0 4,0 2,0	70,8       0,7       1,1       1,3       1,5         66,7       1,3       1,2       0,3       2,8         70,8       2,6       1,4       1,5       1,4
A0A452J8A5 Q8BGD9 E9QPZ3 P97855	Eci1 Eif4b Flg2 G3bp1	Enoyl-CoA delta isomerase 1, mitochondrial32Eukaryotic translation initiation factor 4B68,8Filaggrin-2248,4Ras GTPase-activating protein-binding protein 151,8	8,98 5,67 7,94 5,59	0,0 0,0 0,9 0,0 0,0 0,0 1,8 1,8	2,6         2,6         2,4         2,4           0,0         0,0         0,0         0,0           2,6         2,6         1,2         2,4           0,0         0,0         0,0         0,0	0,0         0,0           1,8         0,9           0,0         0,0           1,8         1,8	1,1 1,1 2,1 1,1	2,0 2,0 2,0 1,0	1,9     1,9       2,9     1,9       2,9     1,9       1,9     1,0	1,8 1,8 0,0 0,0	1,9 1,9 0,0 0,0	0,0         0,0           0,0         0,0           2,0         0,0           2,0         2,0	1,0 2,0 2 3,0 4 1,0 4	l,0 1,8 2,0 1,8 1,0 0,0 1,0 0,9	1,7 4,4 1,7 0,9	0,0 2,9 1,0 2,9	0,0 0,0 1,8 2,7	2,1 1,0 3,1 0,0	2,0 3,0 3,0 3,0	66,7         1,7         1,2         0,9         1,3           66,7         0,1         1,8         1,3         2,2           66,7         1,5         1,5         1,8           70,8         0,6         1,4         1,5         1,7
B8JK33 P04104 Q9Z2K1	Hnrnpm Krt1 Krt16	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein M68,1Keratin, type II cytoskeletal 165,6Keratin, type I cytoskeletal 1651,6Keratin type II cytoskeletal 1650,2	8,32 8,15 5,2	0,0 0,0 6,2 9,9 23,8 22,4	2,6         2,6         2,4         2,4           6,5         3,9         6,0         3,6           15,7         14,1         6,0         7,2	0,0 0,0 0,9 0,9 1,8 2,7	0,0 10,5 7,4	1,0 11,2 8,2	0,0 1,9 8,7 9,6 8,7 5,8	0,9 0,0 0,0	2,8 0,0 0,0	0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 3,1	3,0 3,0 0,0	4,0 1,8 3,0 0,9 0,0 7,2	1,7 1,7 7,8	1,9 0,0 1,0	0,9 0,0 2,7	3,1 0,0 0,0	3,0 0,0 0,0	66,7         1,7         0,5         1,8         2,1           66,7         6,0         7,0         1,0         0,4           70,8         14,9         5,7         0,5         3,1
Q3UV11 Q8VED5 Q9QXS1	Krt6b Krt79 Plec	Keratin, type II cytoskeletal 6A59,5Keratin, type II cytoskeletal 7957,5Plectin533,9	7,94 8,15 7,69 5,96	46,8         43,0           47,6         43,9           7,9         8,1           0,9         2,7	13,1 12,9 13,2 14,4 13,1 12,9 13,2 14,4 0,0 0,0 6,0 3,6 3,9 3,9 3,6 4,8	0,0         0,0           0,0         0,0           0,0         0,9           0,9         1,8	22,1 22,1 7,4 0,0	21,5 21,5 7,2 1,0	15,4     14,4       15,4     14,4       6,8     5,8       0,0     0,0	0,0 0,0 0,0 0,0	0,0 0,0 0,0 0,0	0,0         0,0           0,0         0,0           1,0         0,0           2,0         3,1	4,9 ( 4,9 ( 2,0 2 2,0 (	5,1         3,6           2,0         1,8           0,0         0,0	3,5 3,5 1,7 0,0	0,0 0,0 1,9	0,0 0,0 1,8	4,1 4,1 3,1 1,0	4,0 4,0 4,0 1,0	66,7       23,9       12,2       1,8       2,5         66,7       24,2       12,2       1,8       2,5         66,7       4,3       4,7       0,8       1,8         66,7       3,3       0,6       1,2       1,0
Q9CQR2 A0A1L1SQA8 P62855 Q6IRU2	Rps21 Rps25 Rps26 Tpm4	40S ribosomal protein S219,140S ribosomal protein S2510,340S ribosomal protein S2613Tropomyosin alpha-4 chain28,5	8,51 9,99 11 4.68	1,8 1,8 1,8 0,0 1,8 1,8 4,4 3.6	0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0         0,0           1,3         1,3         0,0         0,0         0,0	2,6         1,8           2,6         3,5           2,6         1,8           0.9         0.9	2,1 4,2 1,1 0.0	2,0 5,1 2,0 0.0	1,91,93,93,81,92,91,91.0	0,0 1,8 5,5 1.8	0,9 2,8 2,8 0.9	2,02,01,02,02,02,04,10,0	2,0 2 3,9 4 0,0 2 2.0 2	2,0 3,6 4,0 6,3 3,0 0,9 1,0 0,0	3,5 7,0 1,7 0.9	2,9 4,8 2,9 0.0	3,6 4,5 2,7 0.0	0,0 0,0 0,0 4.1	0,0 0,0 0,0 6.0	70,8         0,6         2,1         1,5         2,3           70,8         0,3         3,9         2,6         3,8           70,8         0,6         2,1         2,6         1,4           66,7         1,8         0,8         1,6         1,8
A0A338P786 P45376 Q9CWJ9	Ube2l3 Akr1b1 Atic Atn2a1	Ubiquitin-conjugating enzyme E2 L3 (Fragment)16,9Aldo-keto reductase family 1 member B135,7Bifunctional purine biosynthesis protein ATIC64,2Sarcoplasmic (endoplasmic rotion/hum of the second s	8,38 7,18 6,76	0,9 0,9 0,9 0,9 0,0 0,0 0,0 0,0	0,0         0,0         0,0         1,2           1,3         2,6         2,4         1,2           2,6         0,0         3,6         2,4           2,6         2,6         2,6         2,4	1,8 1,8 0,0 0,0 0,0 0,9	1,1 2,1 1,1	2,0 2,0 2,0	1,9     1,9       1,0     1,0       3,9     1,0       1 0     1 0	0,0 0,9 0,0	1,9 0,0 0,0	0,0 1,0 0,0 0,0 0,0 0,0 1 0 -	2,0 2,0 3,0	1,0 0,9 2,0 0,0 1,0 2,7 3,0 2,7	1,7 0,0 1,7	0,0 0,0 0,0	0,0 0,9 0,9	2,1 2,1 3,1 6,2	2,0 2,0 2,0	70,8     0,5     1,7     1,0     1,1       66,7     1,5     1,0     0,8     0,8       62,5     1,4     1,5     0,7     1,7       62,5     1,7     1,0     1,2     1
P47753 P47754 P80315	Capza1 Capza2 Cct4	F-actin-capping protein subunit alpha-132,9F-actin-capping protein subunit alpha-232,9T-complex protein 1 subunit delta58	5,55 5,85 8,02	.,     0,0       0,0     0,0       0,0     0,0       0,0     0,9	2,0         2,4         2,4         2,4           0,0         0,0         0,0         1,2           0,0         0,0         0,0         1,2           11,8         9,0         12,0         13,2	0,0         0,9           0,0         0,9           0,0         0,9           0,0         0,9           0,0         0,9           0,9         0,0	2,1 2,1 2,1 2,1	2,0 2,0 3,1	1,0     1,0       1,9     0,0       1,9     0,0       1,0     0,0	1,8 1,8 0,0	3,0 1,9 3,7 0,9	1,0     0,0       1,0     0,0       1,0     0,0       0,0     0,0	2,0 2,0 2,0 3,9	0,0         1,8           2,0         2,7           2,0         0,0	1,7 1,7 1,7	1,9 1,0 1,9 0,0	0,0 0,0 0,0 0,0	2,1 2,1 3,1	2,0 2,0 2,0 3,0	62,5       0,2       1,2       1,5       1,4         62,5       0,2       1,2       1,8       1,7         62,5       7,8       1,2       1,1       1,3
P12787 Q922B2 P13020 P43275	Cox5a Dars1 Gsn H1-1	Cytochrome c oxidase subunit 5A, mitochondrial16,1AspartatetRNA ligase, cytoplasmic57,1Gelsolin85,9Histone H1.121.9	6,54 6,49 6,18 10,93	0,0 0,9 1,8 1,8 2,6 4,5 3,5 6 3	0,0       0,0       1,2       1,2         0,0       1,3       0,0       0,0         6,5       3,9       3,6       3,6         0,0       0.0       0.0       0.0	1,8         0,9           2,6         2,7           0,0         0,0           4,4         5	0,0 1,1 4,2 4 2	1,0 2,0 4,1 3.1	0,0 1,9 1,9 1,9 1,9 2,9 3,9 3 °	3,7 0,0 0,0 0.0	5,6 0,0 0,0 0.0	0,0       1,0         2,0       3,1         0,0       0,0         2,0       4 1	1,0 2 0,0 0 3,0 2 2.0	1,0     0,0       0,0     2,7       3,0     1,8       2,0     3.6	0,0 1,7 1,7 5.2	1,0 4,8 1,0 4.8	0,9 1,8 0,9 3.6	2,1 1,0 0,0 0.0	4,0 0,0 0,0 0,0	66,70,50,92,01,366,70,82,00,92,066,74,12,21,00,966,71,64.11 72.9
Q9Z204 P21183 E9QKZ2	Hnrnpc II5ra Ipo9 Krt71	Heterogeneous nuclear ribonucleoproteins C1/C234,4Interleukin-5 receptor subunit alpha47Importin-9115,9Keratin, type II outocholotel 71	5,05 7,84 4,82	2,6 1,8 1,8 1,8 0,9 0,0 2,6	0,0         0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         1,2         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0         0,0           2,6         2,6         2,6         2,6         2,6	1,8 3,5 2,6 2,7 2,6 0,9	2,1 3,2 0,0	1,0 1,0 0,0	1,9     1,0       1,0     1,0       1,0     2,9       2,9     -	0,0 0,0 0,0	0,9 1,9 2,8	6,1     4,1       0,0     1,0       2,0     0,0	1,0 ( 1,0 2 3,9 2	2,0 1,8 2,0 0,9 1,0 1,8 3,0 -	1,7 0,0 0,9	3,8 1,9 1,0	2,7 0,9 0,9	0,0 0,0 1,0	0,0 0,0 2,0	66,7       0,7       1,9       2,0       1,7         66,7       0,8       1,9       1,0       0,6         62,5       0,1       1,2       1,6       1,3         66,7       2,9       2,0       1,2       1,6       1,3
цэкин5 Q8K310 P14152 Q8Cl43	Matr3 Mdh1 Myl6b	Notatil, type il cytoskeletal /157,3Matrin-394,6Malate dehydrogenase, cytoplasmic36,5Myosin light chain 6B22,7	0,99 6,25 6,58 5,53	2,0     4,5       0,0     0,0       2,6     1,8       1,8     1,8	2,5         2,6         2,4         2,4           1,3         2,6         3,6         2,4           0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0	0,9         1,8           0,0         0,9           3,5         2,7           0,0         0,0	4,2 4,2 0,0 2,1	4,1 2,0 0,0 2,0	2,5     3,8       1,0     3,8       1,0     1,9       1,9     1,9	0,0 0,0 4,6 1,8	0,0 0,9 4,7 1,9	0,00,00,00,02,01,02,01,0	3,9 3 4,9 3 0,0 0 2,0 2	0,9           3,0         1,8           0,0         3,6           2,0         1,8	0,9 0,0 2,6 1,7	0,0 0,0 1,9 1,9	0,0 0,0 0,0 1,8	0,0 6,2 1,0 0,0	0,0 6,0 1,0 0,0	2,5         2,5         1,2         0,3           62,5         1,6         2,0         1,5         2,3           62,5         0,7         1,5         2,1         1,7           66,7         0,6         1,3         1,8         1,2
Q9D0F9 P61027 A0A2R8VHE7 P35979	Pgm1 Rab10 Rhebl1 Rpl12	Phosphoglucomutase-161,4Ras-related protein Rab-1022,5GTPase RhebL1 (Fragment)16,960S ribosomal protein L1217.9	6,57 8,38 7,66 9,42	0,9 1,8 0,0 0,0 0,9 0,0 0,0 0.0	3,9       3,9       3,6       3,6         0,0       1,3       0,0       0,0         1,3       2,6       0,0       0,0         0,0       0.0       0.0       1.2	0,0 0,0 0,9 0,0 0,9 0,9 1.8 0.0	0,0 0,0 0,0 5 3	0,0 2,0 2,0 2.0	1,91,01,90,00,01,91,92.0	0,9 1,8 0,0 0.9	0,9 1,9 0,0 0.0	0,0       1,0         2,0       2,0         3,1       3,1         2,0       0.0	0,0 ( 2,0 2 3,0 ( 3.0 2	0,0     0,9       2,0     1,8       0,0     1,8       2,0     0.0	0,0 1,7 0,9 0.9	1,0 1,9 0,0 1.9	0,0 0,9 1,8 2.7	1,0 1,0 1,0 2.1	4,0 0,0 2,0 2.0	62,5       2,9       0,5       0,5       1,2         62,5       0,2       0,8       2,0       1,2         62,5       0,8       1,0       1,5       1,3         66,7       0,2       2.5       1       3       1
Q9CZM2 Q9JJI8 A2BE93	Rpl15 Rpl38 Set	17,860S ribosomal protein L1524,160S ribosomal protein L388,2Protein SET (Fragment)24,9Heterogeneeuw24,9	11,62 10,1 5,55	3,5     1,8       3,5     3,6       1,8     1,8	0,0         0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         1,3         0,0         0,0           0,0         1,3         0,0         0,0	-,-     0,9       6,2     4,4       3,5     3,5       1,8     1,8	2,1 2,1 1,1	0,0 2,0 2,0	1,0 0,0 1,9 1,9 1,9 1,9 1,9 1,9	1,8 0,0 1,8	0,9 0,0 1,9	0,0           7,2         5,1           4,1         1,0           1,0         1,0	1,0 2,0 2,0 1,0 1,0 1,0 1,0 1,0 1,0 1,0 1,0 1,0 1	2,0 0,9 1,0 0,9 0,0 1,8	0,9 0,9 0,0	-,- 5,8 1,9 1,0	3,6 0,9 1,8	0,0 0,0 0,0	0,0 0,0 0,0 0,0	66,7       0,9       2,3       3,0       1,9         66,7       1,2       2,5       1,3       0,8         66,7       0,8       1,7       1,0       0,8         66,7       0,8       1,7       1,0       0,8
G3UZI2 P07147 Q9JI91 Q641P0	Syncrip Tyrp1 Actn2 Actr3b	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein Q58,75,6-dihydroxyindole-2-carboxylic acid oxidase60,7Alpha-actinin-2103,8Actin-related protein 3B47,5	7,56 6,02 5,45 6,02	0,0 0,0 0,0 0,9 1,8 1,8 0,0 0,0	3,9         3,9         2,4         2,4           0,0         0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         1,2         0,0	1,8         0,0           0,0         2,7           2,6         1,8           1,8         1,8	1,1 1,1 0,0 1,1	2,0 2,0 0,0 0,0	1,91,02,92,91,01,92,91,9	1,8 10,1 0,0 1,8	2,8 11,2 0,0 0,9	0,0         0,0           0,0         0,0           1,0         2,0           2,0         3,1	2,0 2,0 1,0 2,0 2,0 2,0 2,0 2,0 2,0 2,0 2,0 2,0 2	2,0 0,0 1,0 1,8 1,0 0,0 2,0 1,8	0,0 4,4 0,9 1,7	0,0 1,0 0,0 1,9	0,0 1,8 1,8 1,8	2,1 2,1 1,0 0,0	3,0 1,0 1,0 0,0	62,5       2,1       1,3       1,4       0,8         66,7       0,1       1,9       4,0       2,0         62,5       0,8       1,2       0,8       0,8         62,5       0,0       1,6       2,1       1,2
Q9Z110 F8WHP8 P18760	Aldh18a1 Atp5j2 Cfl1 Diat	Delta-1-pyrroline-5-carboxylate synthase87,2ATP synthase membrane subunit f9Cofilin-118,5Dibudgeline ullusing residue sectul transference sector67,0	7,55 9,88 8,09	0,9 1,8 0,0 0,0 2,6 0,9	2,6         2,6         2,4         2,4           2,6         1,3         0,0         2,4           0,0         0,0         0,0         0,0	1,8 1,8 0,0 0,0 2,6 1,8	0,0 2,1 0,0	0,0 2,0 0,0	0,0 0,0 1,9 3,8 1,0 1,0	0,0 1,8 1,8	0,9 1,9 1,9	0,0 0,0 0,0 1,0 1,0 1,0	1,0 2 0,0 4 0,0 (0	1,0 1,8 4,0 0,9 0,0 0,9	0,9 0,9 0,9	1,9 1,9 1,0	1,8 2,7 1,8	0,0 0,0 1,0	0,0 0,0 0,0	62,5       2,1       0,6       0,5       1,1         62,5       1,1       1,7       1,5       1,1         62,5       0,6       1,1       1,0       0,9         62,5       1,7       0.8       1.6       1.1
Q8BMF4 Q9EQP2 Q61425 P70349	Ehd4 Hadh Hint1	EH domain-containing protein 461,4Hydroxyacyl-coenzyme A dehydrogenase, mitocho34,4Histidine triad nucleotide-binding protein 113,8	8,37 6,76 8,65 6,87	0,0 0,0 1,8 0,9 0,0 0,0 2,6 0,0	2,6         2,6         0,0         4,8           0,0         0,0         1,2         1,2           0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0	0,0         0,0           1,8         0,9           0,0         1,8           3,5         1,8	0,0 0,0 2,1	1,0 1,0 1,0 2,0	1,0     1,9       1,0     1,0       1,9     0,0       1,9     1,9	1,8 0,0 1,8 1,8	0,9 0,0 1,9 1,9	0,0         1,0           2,0         2,0           0,0         1,0	0,0 2,0 1,0 1	1,0 0,9 1,0 0,9 1,0 1,8	0,9 0,9 2,6 1,7	1,0 1,9 0,0	0,0 1,8 1,8 0,9	0,0 1,0 0,0	2,0 0,0 0,0 0,0	52,5       1,7       0,8       1,6       1,1         58,3       0,8       0,9       0,3       0,6         58,3       0,0       0,8       1,8       1,4         62,5       0,4       2,2       1,1       0,7
Q9DCV7 P11679 P14733 P51885	Krt7 Krt8 Lmnb1 Lum	Keratin, type II cytoskeletal 750,7Keratin, type II cytoskeletal 854,5Lamin-B166,7Lumican38,2	5,87 5,82 5,16 6,43	4,4       5,4         5,3       3,6         2,6       2,7         0,0       0,0	0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0         0,0	0,0 2,7 0,0 2,7 2,6 5,3 0,9 0,0	2,1 4,2 0,0 0,0	2,0 4,1 0,0 1,0	1,01,92,93,80,00,00,01,0	0,0 0,0 1,8 1,8	0,0 0,0 1,9 2,8	3,1       3,1         3,1       3,1         3,1       1,0         1,0       1,0	0,0 ( 2,0 2 3,0 ( 1,0 2	0,0         2,7           2,0         2,7           0,0         1,8           1,0         0,9	1,7 1,7 1,7 1,7	2,9 2,9 2,9 1,0	3,6 3,6 2,7 1,8	1,0 0,0 2,1 0,0	1,0 0,0 2,0 2,0	62,51,61,61,02,262,51,52,91,71,862,50,91,31,82,258,30,00,51,41,2
Q62425 P60335 P49722	Ndufa4 Pcbp1 Psma2	Cytochrome c oxidase subunit NDUFA49,3Poly(rC)-binding protein 137,5Proteasome subunit alpha type-225,9COS rikesemel supertain 12715.0	9,52 7,09 7,43	0,0 0,0 2,6 0,0 0,0 0,0	0,0         0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0         2,4         0	1,8 1,8 3,5 3,5 1,8 1,8	0,0 3,2 2,1	0,0 2,0 0,0	1,9         1,9           1,9         1,9           1,9         1,9           0,0         1,9           1,0         1,0	1,8 0,9 0,9	1,9 0,0 0,0	1,0         1,0           0,0         0,0           1,0         0,0           1,0         0,0	1,0 ( 2,0 2 2,0 (	0,0         1,8           2,0         2,7           0,0         0,9	1,7 1,7 0,9	1,9 0,0 1,0	1,8 3,6 1,8	2,1 2,1 2,1 2,1	2,0 2,0 1,0	62,5       0,0       1,2       1,1       1,9         62,5       0,4       2,7       0,8       2,0         58,3       0,4       1,3       0,7       1,3         62,5       0,2       1,7       1,0       0,0
P61358 P50543 Q62351 Q8QZT1	Kpi27 S100a11 Tfrc Acat1	605 ribosomal protein L2715,8Protein S100-A1111,1Transferrin receptor protein 185,7Acetyl-CoA acetyltransferase, mitochondrial44,8	10,56 5,45 6,57 8,51	0,9 0,9 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0	0,0         1,3         0,0         1,2           0,0         0,0         2,4         2,4           0,0         1,3         1,2         1,2           2,6         5,1         3,6         3,6	2,6         2,7           0,0         0,0           0,9         0,0           0,0         0,0	1,1 1,1 2,1 2,1	0,0 2,0 1,0 3,1	1,9     1,9       1,0     1,9       0,0     1,9       1,9     1,9	1,8 1,8 1,8 0,9	1,9 1,9 1,9 2,8	0,0         0,0           0,0         0,0           0,0         1,0           0,0         0,0	0,0 2,0 2 0,0 2,0 2	2,0 0,0 2,0 1,8 1,0 1,8 1,0 0,0	0,0 0,9 2,6 0,0	0,0 0,0 0,0 0,0	0,9 0,0 1,8 1,8	2,1 2,1 0,0 0,0	2,0 2,0 1,0 1,0	62,5       0,7       1,7       1,0       0,8         58,3       0,8       1,0       1,3       1,1         62,5       0,6       1,0       1,0       1,2         58,3       2,5       1,5       1,1       0,5
Q8BK64 Q9CQI6 E9Q9E1 P29387	Ahsa1 Cotl1 Eif4g1 Gpb4	Activator of 90 kDa heat shock protein ATPase hor38,1Coactosin-like protein15,9Eukaryotic translation initiation factor 4 gamma 1175,2Guanine nucleotide-binding protein subunit beta-437.4	5,53 5,4 5,38 6,16	0,0 0,0 1,8 1,8 0,9 1,8 1.8 1.8	2,6         2,6         2,4         2,4           0,0         0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0         0,0           2,6         2,6         2,4         2,4         2,4	0,0 0,9 1,8 1,8 0,9 0,9 3,5 3,5	0,0 1,1 0,0	0,0 0,0 0,0	1,0     0,0       0,0     0,0       1,0     1,0       0,0     0,0	1,8 3,7 0,0	0,0 3,7 0,9 0.0	0,0         0,0           3,1         5,1           2,0         1,0           2,0         3,1	1,0 2 0,0 0 2,0 0	2,0 1,8 ),0 0,9 ),0 3,6	1,7 1,7 1,7 1,7	0,0 5,8 1,9 3.8	0,0 2,7 2,7 1 8	1,0 1,0 0,0	2,0 0,0 0,0	54,2       1,7       0,3       0,8       1,1         58,3       0,6       0,8       2,6       2,0         58,3       0,4       0,6       1,0       1,7         58,3       2,3       1,2       0,9       1,5
P54071 P01872 Q61233	ldh2 Ighm Lcp1	Isocitrate dehydrogenase [NADP], mitochondrial50,9Immunoglobulin heavy constant mu49,9Plastin-270,1	8,69 7,01 5,33	1,8     1,8       0,0     0,0       5,3     5,4       0,0     0,0	2,6         2,6         2,4         2,4           2,6         2,6         3,6         2,4           10,5         7,7         10,8         8,4           1,3         0,0         0,0         1,2	0,9         0,0           0,0         0,0           0,0         0,0           0,0         0,0	1,1 2,1 0,0	0,0 2,0 0,0	1,9         2,9           1,9         1,9           0,0         0,0	1,8 0,0 2,8	0,9 0,0 0,9	2,0         3,1           2,0         0,0           2,0         0,0           5,1         7,2	0,0 ( 3,0 3 3,0 5	0,0         0,9           8,0         0,0           1,8         1,8	2,6 0,0 2,6	0,0 0,0 2,9	0,9 0,0 0,9	0,0 0,0 11,4	0,0 0,0 7,0	58,3       1,2       0,3       1,3         58,3       1,9       1,1       0,8       0,7         54,2       8,0       1,3       1,3       0,0         58,3       0,4       0,0       3,3       4,4
A0A0R3P9C8 Q61990 F6RV17 P26350	Ndufa9 Pcbp2 Ppp2r2d Ptma	NADH dehydrogenase [ubiquinone] 1 alpha subcor42,1Poly(rC)-binding protein 238,2Serine/threonine-protein phosphatase 2A 55 kDa r33,4Prothymosin alpha12,2	9,09 6,79 6,65 3,79	1,8 0,0 0,0 0,9 0,0 0,9 4,4 3,6	2,6         2,6         1,2         2,4           0,0         0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0         0,0	1,8         2,7           2,6         3,5           1,8         0,0           4,4         4,4	0,0 2,1 2,1 2,1	0,0 2,0 1,0 4,1	0,0         0,0           0,0         1,0           1,0         1,9           1,9         1,9	0,9 0,0 1,8 0,0	0,9 0,9 0,9 0,0	0,0         1,0           2,0         0,0           2,0         0,0           3,1         3,1	1,0 ( 1,0 2 2,0 2 0,0 (	0,0 0,0 2,0 0,9 2,0 0,9 0,0 6,3	0,9 3,5 0,0 5,2	0,0 1,0 1,0 1,9	0,9 1,8 0,0 3,6	0,0 0,0 0,0 0,0	1,0 0,0 0,0 0,0	58,3       1,8       0,7       0,6       0,5         58,3       0,1       1,9       1,0       1,2         54,2       0,1       1,3       1,5       0,3         58,3       1,3       3,1       1,0       2,8
P53026 P62849 P42208 P07750	Rpl10a Rps24 Septin2 Serpina2k	60S ribosomal protein L10a24,940S ribosomal protein S2415,4Septin-241,5Sorino protector ophibiter A2K46,0	9,98 10,78 6,55	0,9 2,7 4,4 2,7 1,8 1,8	0,0         0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0         0,0         0,0         0,0         0,0	2,6 3,5 3,5 5,3 3,5 3,5 0,0 0,0	0,0 0,0 1,1	2,0 1,0 1,0	1,0 1,9 1,0 1,0 0,0 1,0	0,9 0,9 0,9	0,9 1,9 0,9	3,1       3,1         2,0       2,0         2,0       0,0         0,0       0,0	0,0 ( 0,0 ( 0,0 (	),0 1,8 ),0 0,0 ),0 0,9	1,7 0,0 0,0	1,0 3,8 1,9	0,0 6,3 3,6	0,0 0,0 0,0	0,0 1,0 2,0	58,3       0,6       1,9       1,3       0,8         58,3       1,2       2,0       1,1       1,9         58,3       0,6       1,7       0,6       1,4         58,3       17,7       2,3       1,7       0,0
P07759 P27048 Q64727 Q02788	Sorphask Snrpb Vcl Col6a2	Serine protease inhibitor ASK46,9Small nuclear ribonucleoprotein-associated proteir23,6Vinculin116,6Collagen alpha-2(VI) chain110,3	5,16 10,9 6 6,42	1,8     1,8       2,6     2,7       0,0     0,0       3,5     3,6	30,1         47,6         12,0         13,2           0,0         0,0         0,0         0,0           13,1         9,0         18,0         15,6           0,0         0,0         0,0         0,0	0,9         0,9           3,5         4,4           0,0         0,0           3,5         2,7	2,1 0,0 0,0 0,0	4,1 1,0 0,0 0,0	2,9         2,9           3,9         0,0           0,0         0,0           0,0         0,0	0,0 0,0 0,9 0,0	0,0 0,9 0,9 0,0	0,0         0,0           4,1         4,1           1,0         0,0           9,2         8,2	2,0 2 3,0 4 1,0 2	4,0 0,0 L,0 0,0 4,0 0,9 L,0 0,0	0,0 0,9 0,0 0,0	0,0 0,0 1,0 3,8	0,0 3,6 0,0 3,6	0,0 2,1 1,0	0,0 1,0 1,0	58,3       17,7       2,3       1,7       0,0         54,2       0,9       2,1       2,0       0,7         54,2       9,3       0,0       1,6       0,8         50,0       1,2       1,0       3,2       1,6
D3Z2M0 G3UZ34 P49945 O9JLZ6	Ctu2 Eftud2 Ftl2 Hic2	Cytoplasmic tRNA 2-thiolation protein 2 (Fragment27,3116 kDa U5 small nuclear ribonucleoprotein compc108,3Ferritin light chain 220,8Hypermethylated in cancer 2 protein66,7	8,19 5,02 6,89 6,35	0,0 0,0 2,6 1,8 0,0 0,9 0.0 0.0	1,30,02,40,00,00,00,00,02,62,62,41,20,01,30,02,4	0,0 1,8 2,6 2,7 0,0 0,0 0.0 0,9	0,0 2,1 1,1 1,1	0,0 1,0 1,0 0.0	1,0     2,9       0,0     1,9       0,0     0,0       1,0     1,0	3,7 0,0 0,0 1.8	3,7 0,0 0,0 1.9	1,02,03,12,02,00,00,00,0	0,0 2 0,0 0 0,0 2 1.0 0	2,0         0,0           0,0         1,8           2,0         0,0           0,0         1,8	0,9 2,6 1,7 1.7	0,0 1,9 0,0 0.0	0,0 2,7 0,0 0.0	1,0 0,0 4,1 1.0	1,0 0,0 4,0 0.0	54,2         0,6         0,9         2,1         0,5           54,2         0,7         1,7         0,9         1,5           50,0         1,6         0,3         0,7         1,6           50,0         0.6         0.6         0.8         0.8
P49312 B1B0C7 Q3U0V1	Hnrnpa1 Hspg2 Khsrp	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein A134,2Basement membrane-specific heparan sulfate prot468,7Far upstream element-binding protein 276,7	9,23 6,48 7,33	10,6         9,0           0,0         2,7           0,0         0,0	0,0         0,0         0,0         0,0         0,0         0,0         0,0         0,0         0,0         2,4         3,6         2,6         2,6         1,2         2,4         3,6         2,6         1,2         2,4         3,6         2,6         1,2         2,4         3,6 <td>12,3         11,5           1,8         1,8           1,8         1,8</td> <td>1,1 0,0 0,0</td> <td>0,0 0,0 0,0</td> <td>1,0         1,0           0,0         1,0           0,0         0,0           0,0         0,0           1,0         0,0</td> <td>0,0 0,9 0,0</td> <td>0,0 0,0 0,9</td> <td>5,1         6,1           1,0         1,0           0,0         1,0</td> <td>0,0 1,0 2 0,0 0,0 0</td> <td>2,0 0,0 2,0 0,9 0,0 1,8</td> <td>0,9 0,9 0,9</td> <td>4,8 0,0 0,0</td> <td>4,5 0,0 2,7</td> <td>1,0 0,0 1,0</td> <td>0,0 0,0 0,0</td> <td>54,2       3,3       4,3       2,0       1,9         50,0       1,4       0,6       1,0       0,3         50,0       1,5       0,6       0,3       1,1</td>	12,3         11,5           1,8         1,8           1,8         1,8	1,1 0,0 0,0	0,0 0,0 0,0	1,0         1,0           0,0         1,0           0,0         0,0           0,0         0,0           1,0         0,0	0,0 0,9 0,0	0,0 0,0 0,9	5,1         6,1           1,0         1,0           0,0         1,0	0,0 1,0 2 0,0 0,0 0	2,0 0,0 2,0 0,9 0,0 1,8	0,9 0,9 0,9	4,8 0,0 0,0	4,5 0,0 2,7	1,0 0,0 1,0	0,0 0,0 0,0	54,2       3,3       4,3       2,0       1,9         50,0       1,4       0,6       1,0       0,3         50,0       1,5       0,6       0,3       1,1
P20918 Q9DC61 Q99PV0 Q9R1P0	PIg Pmpca Prpf8 Psma4	Plasminogen90,7Mitochondrial-processing peptidase subunit alpha58,2Pre-mRNA-processing-splicing factor 8273,4Proteasome subunit alpha type-429,5	6,6 6,83 8,84 7,72	0,9 0,0 1,8 0,9 0,0 0,0 0,9 0,0	3,9         6,4         7,2         4,8           0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0	0,0         0,0           0,9         0,9           0,0         0,0           1,8         1,8	1,1 0,0 0,0 1,1	0,0 0,0 0,0 1,0	1,0     1,0       1,9     1,9       1,9     1,0       1,0     0,0	0,0 1,8 1,8 0,9	0,0 2,8 0,9 0,9	0,0         2,0           2,0         0,0           2,0         2,0           1,0         1,0	3,9 2 0,0 ( 3,0 3 0,0 (	4,0 0,0 ),0 1,8 3,0 0,0 ),0 0,9	0,0 1,7 0,9 1,7	1,9 0,0 1,0 2,9	0,0 0,9 2,7 0,0	0,0 0,0 1,0 0,0	0,0 0,0 0,0 0,0	50,0         3,9         0,5         1,7         0,3           50,0         0,4         0,9         1,1         0,7           50,0         0,0         0,5         2,1         0,9           54,2         0,1         1,1         0,6         0,9
P62334 Q9D8W5 P62827 P62830	Psmc6 Psmd12 Ran Bpl23	26S proteasome regulatory subunit 10B44,126S proteasome non-ATPase regulatory subunit 1252,9GTP-binding nuclear protein Ran24,460S ribosomal protein L2314,9	7,49 7,06 7,49 10 51	0,0 1,8 1,8 0,9 0,0 1,8	0,0         1,3         1,2         1,2           0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0           2,6         2,6         2,4         2,4	1,8         0,0           0,9         0,0           0,9         1,8           0,0         0,0	2,1 1,1 2,1 2 1	0,0 0,0 0,0 2 0	2,9       1,0         1,9       1,0         1,0       0,0         1,9       1,9	0,0 1,8 2,8	0,0 1,9 2,8 0.0	0,0         0,0           0,0         0,0           1,0         1,0           0,0         0,0	2,0 2 1,0 2 0,0 0	2,0     1,8       1,0     0,0       0,0     0,9       2,0     1,8	0,0 0,9 0,9	0,0 0,0 2,9	0,0 0,0 1,8 0.0	4,1 2,1 0,0 2,1	4,0 1,0 0,0 2 0	54,2       0,9       1,3       0,7       1,7         54,2       0,4       0,8       0,9       0,7         54,2       0,3       1,0       1,3       1,1         54,2       1,7       1,3       0,7       1,0
P27659 P97351 H7BX95	RpI3 Rps3a Srsf1	605 ribosomal protein L2314,5605 ribosomal protein L346,1405 ribosomal protein S3a29,9Serine/arginine-rich splicing factor 128,3	10,21 9,73 10,08	2,6 1,8 6,2 3,6 0,0 0,0	2,0         2,0         2,4         2,4           0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         1,3         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0	2,6         1,8           2,6         5,3           0,0         0,0	0,0 3,2 0,0	0,0 0,0 0,0	1,0     1,9       0,0     0,0       1,9     0,0	1,8 0,0 0,9	1,9 0,0 0,0	0,0         1,0           2,0         0,0           2,0         2,0	0,0 ( 1,0 : 3,0 !	1,8           0,0         1,8           1,0         0,9           5,1         2,7	1,7 3,5 2,6	0,0 2,9 1,0	1,8 1,8 1,8	0,0 0,0 2,1	1,0 0,0 3,0	54,2       0,7       1,2       0,8       1,1         54,2       1,8       1,9       0,7       1,5         50,0       0,0       0,3       2,2       2,2
088342 P50247 Q6ZQ38 P19783	Wdr1 Ahcy Cand1 Cox4i1	WD repeat-containing protein 166,4Adenosylhomocysteinase47,7Cullin-associated NEDD8-dissociated protein 1136,2Cytochrome c oxidase subunit 4 isoform 1, mitochc19,5	6,6 6,54 5,78 9,23	3,5       5,4         0,0       0,0         0,0       0,9         0,0       0,0	0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         3,6         2,4         2,6         1,3         2,4         2,4	2,6         3,5           0,0         0,9           0,0         0,0           0,0         0,0	0,0 0,0 4,2 0,0	0,0 1,0 0,0 0,0	1,90,01,01,02,91,90,00,0	1,8 0,9 0,0 0,0	0,9 0,9 0,0 0,9	0,0         4,1           1,0         0,0           0,0         0,0           0,0         1,0	0,0 ( 1,0 ( 1,0 1,0 1,0 1,0 1,0 1,0 1,0 1,0 1,0 1,0	0,0 3,6 0,0 1,8 1,0 2,7 1,0 0,0	3,5 1,7 3,5 0,9	1,0 2,9 0,0 1,0	0,9 0,9 0,0 0,9	0,0 0,0 2,1 0,0	1,0 0,0 2,0 1,0	54,2       1,5       1,4       1,1       1,7         50,0       0,0       0,6       0,6       1,2         50,0       1,1       1,5       0,3       1,7         50,0       1,5       0,0       0,7       0,6
Q8C166 E9PUD2 A0A0A0MQM0	Cpne1 Dnm1l Eif5a	Copine-158,8Dynamin-1-like protein79,5Eukaryotic translation initiation factor 5A (Fragmer16,3Eukaryotic budratase mitoshondrial54.3	5,66 7,08 5	0,0 0,0 0,0 0,0 3,5 1,8	5,2       0,0       3,6       6,0         2,6       0,0       4,8       4,8         0,0       0,0       0,0       0,0	0,0 0,0 0,0 0,0 3,5 2,7	0,0 0,0 2,1	0,0 0,0 0,0	0,0         1,0           1,0         1,0           1,9         1,0           1,0         1,0	0,0 0,9 0,0	0,0 0,9 0,0	0,0 2,0 0,0 0,0 1,0 0,0	2,0 1,0 0 1,0 0	1,0 0,0 0,0 0,0 2,0 0,0	0,0 0,9 0,0	1,9 0,0 0,0	1,8 0,0 0,9	2,1 3,1 0,0	1,0 2,0 2,0	45,8       2,5       0,2       0,8       1,1         45,8       2,0       0,3       0,5       1,0         50,0       0,9       1,9       0,7       0,5         45,8       0,5       0,8       0,1       1
Q8BHN3 E9PY39 Q60668	Ganab Gm20431 Hnrnpd	Neutral alpha-glucosidase AB106,8Predicted gene 2043142,1Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein D038,3	6,06 6,76 7,81	0,0 0,0 0,0 0,0 1,8 1,8	0,0         0,0         1,2         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0	0,9         2,7           0,9         0,0           0,9         1,8	0,0 0,0 0,0	0,0 1,0 0,0	1,9     1,0       1,9     0,0       0,0     0,0	4,6 0,0 0,9	2,8 0,0 1,9	5,1         3,1           0,0         1,0           3,1         4,1	0,0 ( 2,0 2 0,0 (	0,0         4,5           2,0         1,8           0,0         0,9	3,5 1,7 0,9	2,9 1,0 2,9	4,5 0,9 3,6	0,0 2,1 0,0	0,0 2,0 0,0	50,0       0,0       1,1       2,6       2,6         50,0       0,0       0,6       0,8       1,6         50,0       0,6       0,4       1,7       1,4
Q8VCW2 Q04859 Q02566 B7ZNL2	Krt25 Mak Myh6 Nap1l4	Keratin, type Lcytoskeletal 2548,9Serine/threonine-protein kinase MAK70Myosin-6223,4Nap1l4 protein43,9	5,06 9,66 5,73 4,68	2,6 2,7 0,9 0,9 0,0 0,0 1,8 1,8	0,0         0,0         2,4         2,4           0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         1,2         1,2	3,5         2,7           1,8         0,9           1,8         1,8           1,8         1,8	0,0 0,0 0,0 0,0	0,0 0,0 0,0 0,0	1,0     0,0       0,0     1,0       0,0     0,0       0,0     0,0	0,0 2,8 0,0 0,0	0,0 0,9 0,9 0,9	0,0         1,0           2,0         0,0           5,1         4,1           2,0         1,0	3,0 2 0,0 0 2,0 2 0,0 0	1,8       0,0     0,0       2,0     0,0       0,0     1,8	1,7 0,9 0,0 0,0	0,0 1,0 1,0 1,9	0,0 1,8 1,8 1,8	0,0 1,0 10,4 0,0	0,0 0,0 11,0 0,0	50,0         1,7         1,2         1,3         0,6           50,0         0,3         0,6         1,0         0,8           45,8         0,0         0,6         2,4         4,0           50,0         1,0         0,6         0,7         0,9
A0A1B0GS70 P62192 Q8VDM4 P26516	Psma1 Psmc1 Psmd2 Psmd7	Proteasome subunit alpha type-126,526S proteasome regulatory subunit 449,226S proteasome non-ATPase regulatory subunit 2100,126S proteasome non-ATPase regulatory subunit 736,5	6,54 6,21 5,17 6,77	0,0 0,0 0,9 0,0 4,4 2,7 1.8 3.6	1,3         1,3         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0         0,0	0,0 0,0 0,0 0,9 1,8 1,8 2,6 0,9	0,0 0,0 0,0	2,0 2,0 0,0	1,0       1,9         0,0       1,0         0,0       0,0         0,0       0,0	0,9 0,0 1,8 2,8	0,9 0,9 0,0 1 9	0,0 0,0 0,0 0,0 1,0 2,0 2 0 2 0	2,0 2 2,0 3 0,0 0	2,0     0,0       3,0     1,8       0,0     0,9       0,0     0,9	0,0 0,9 1,7 1 7	0,0 1,0 3,8 1.0	0,0 0,0 3,6 2 7	1,0 1,0 0,0	2,0 2,0 0,0 0.0	45,8       0,4       0,8       1,0       0,5         50,0       0,1       0,6       1,0       1,1         45,8       1,2       0,6       0,8       1,7         50,0       0,9       0,6       1,5       1,1
P34022 A2AFI3 A0A140T8T4	Ranbp1 Rbmx Rpl9-ps6	Ran-specific GTPase-activating protein23,6RNA-binding motif protein, X chromosome32,760S ribosomal protein L921,840S ribosomal protein L921,8	5,22 9,88 9,88	3,0           0,0         0,0           0,9         1,8           0,9         1,8	0,0         0,0         0,0         0,0         0,0           1,3         0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0         1,0	_,5         0,9           0,9         1,8           1,8         2,7           0,9         1,8	1,1 0,0 0,0	2,0 0,0 0,0	0,0           1,0         1,9           0,0         1,0           0,0         0,0           1,0         0,0	0,0 0,0 0,9	0,0 0,0 0,9	2,0           0,0         2,0           1,0         2,0           1,0         1,0	0,0 ( 0,0 ( 0,0 (	0,9 1,0 1,8 0,0 0,9 0,0 0,9	1,7 0,9 0,0	0,0 1,9 1,0	0,0 1,8 0,0	2,1 0,0 1,0	2,0 0,0 1,0	50,0       0,0       1,4       0,5       1,1         50,0       0,0       1,4       0,5       1,3         50,0       0,7       0,9       0,5       0,9         50,0       0,4       0,4       0,6       0,7
P63276 P62267 Q9WTM5 P61620	Rps17 Rps23 Ruvbl2 Sec61a1	40S ribosomal protein S1715,540S ribosomal protein S2315,8RuvB-like 251,1Protein transport protein Sec61 subunit alpha isofc52,2	9,85 10,49 5,64 8,06	0,0 0,0 2,6 1,8 0,9 0,0 5,3 4,5	1,3       1,3       0,0       0,0         0,0       0,0       0,0       0,0         1,3       2,6       1,2       2,4         0,0       0,0       0,0       0,0	0,0         0,0           1,8         2,7           0,9         0,9           7,9         4,4	1,1 2,1 0,0 0,0	2,0 2,0 0,0 0,0	1,9     1,9       1,9     1,9       0,0     0,0       0,0     0,0	0,0 0,0 0,0 0,9	0,9 0,0 0,0 0,9	0,0         0,0           0,0         0,0           3,1         2,0           3,1         2,0	1,0 2,0 3 0,0 0 0,0 0	2,0 0,0 1,0 0,0 0,0 0,0 0,0 1,8	0,9 0,0 0,0 1,7	0,0 2,9 1,9 1,0	0,0 0,9 0,9 2,7	4,1 0,0 0,0 0,0	4,0 0,0 0,0 0,0	50,0       0,4       1,2       0,7       1,5         50,0       0,7       2,1       0,5       0,6         45,8       1,4       0,3       0,9       0,5         50,0       1,6       2,1       1,2       1,2
Q62261 Q8BFR5 Q14AA6 Q5SWU9	Sptbn1 Tufm 1700009N14Rik Acaca	Spectrin beta chain, non-erythrocytic 1274,1Elongation factor Tu, mitochondrial49,5GTP-binding nuclear protein Ran24,3Acetyl-CoA carboxylase 1265 1	5,58 7,56 7,97 6,39	1,81,80,02,70,00,90,00.9	2,6         2,6         2,4         2,4           2,6         2,6         2,4         2,4           0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0	1,8         1,8           0,0         0,9           0,9         0,9           0,0         1 %	0,0 0,0 2,1 0.0	0,0 0,0 0,0 0,0	0,0     0,0       0,0     0,0       1,0     0,0       0,0     0,0	0,0 0,9 1,8 0,0	0,0 1,9 0,9 0,9	2,01,01,00,01,00,02,01 0	0,0 2 1,0 0 0,0 0 1,0 0	1,0 0,0 0,0 0,0 0,0 0,9 0,0 0.0	0,0 0,0 0,9 0,9	1,0 1,0 1,9 1,0	0,0 0,0 0,0 0,9	0,0 1,0 0,0 0,0	0,0 0,0 0,0 1,0	50,02,30,60,70,250,02,10,10,80,345,80,10,80,60,641,70,10,30.80.6
A0A338P7H5 O54962 A0A1B0GS13 P49615	Ahsg Banf1 Bax Cdk5	Alpha-2-HS-glycoprotein32,2Barrier-to-autointegration factor10,1Apoptosis regulator BAX (Fragment)12,6Cyclin-dependent-like kinase 522.2	6,95 6,09 4,94 7,66	0,0 0,9 0,0 0,0 0,0 1,8 0,9 0.0	1,3         1,3         2,4         2,4           2,6         2,6         2,4         2,4           0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0	0,0 0,0 0,0 0,0 1,8 0,9 1 8 7 7	2,1 2,1 0,0	2,0 1,0 0,0	1,9     1,9       1,9     0,0       0,0     0,0       0,0     0,0	0,9 0,0 0,0 1 9	0,0 0,0 0,0 0 9	0,0         0,0           0,0         0,0           2,0         2,0           2.0         2.0	0,0 2,0 2 1,0 0	1,0 0,0 2,0 0,0 0,0 1,8 0,0 0.0	0,0 0,0 1,7	0,0 0,0 1,9 1 0	0,0 0,0 2,7 1 8	0,0 2,1 0,0 0.0	0,0 1,0 0,0 0.0	45,8       1,4       1,3       0,3       0,0         45,8       1,7       0,8       0,7       0,5         41,7       0,3       0,4       0,8       1,4         45,8       0.3       0.4       1.0       0.5
089053 G3UZN1 Q6ZWX6	Coro1a Ddt Eif2s1	SolutionSolutionCoronin-1A51D-dopachrome decarboxylase8,2Eukaryotic translation initiation factor 2 subunit 136,1Eukaryotic translation initiation factor 2 subunit 136,1	6,48 7,34 5,08	0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0	0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0	0,9 0,0 0,0 0,0 0,9 0,0 0,0 0,0	1,1 0,0 0,0	0,0 0,0 0,0	0,0 0,0 0,0 1,0 1,9 0,0	1,8 0,9 1,8	1,9 0,9 1,9	6,1         4,1           2,0         2,0           0,0         0,0	-,~ ( 3,9 ; 0,0 ; 1,0 ;	2,0 0,0 0,0 0,9 3,0 1,8	0,0 0,9 1,7	1,0 1,9 1,9	1,8 1,8 2,7	2,1 0,0 2,1	4,0 1,0 1,0	45,8     0,0     0,2     3,3     1,5       45,8     0,0     0,3     1,0     1,1       45,8     0,0     0,3     1,3     1,9       45,8     0,0     0,3     1,3     1,9
Q9DCH4 Q9WUK2 P30416 A0A1B0GS68	Eif3f Eif4h Fkbp4 Gm45713	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit F38Eukaryotic translation initiation factor 4H27,3Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase FKBP451,560S ribosomal protein L13a50,8	5,58 7,23 5,72 10,23	0,0 0,0 0,0 0,0 3,5 2,7 0,9 0,0	0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         1,2         0,0           0,0         0,0         1,2         1,2           2,6         2,6         2,4         1,2	3,5         0,0           0,0         0,0           2,6         3,5           1,8         0,0	0,0 3,2 0,0 1,1	1,0 2,0 0,0 0,0	1,0     0,0       0,0     1,9       0,0     0,0       0,0     0,0	0,9 0,0 1,8 0,0	0,9 1,9 0,9 0,0	0,0         2,0           0,0         0,0           0,0         0,0           0,0         0,0           0,0         0,0	0,0 ( 3,9 3 1,0 ( 1,0 2	0,0     1,8       3,0     0,0       0,0     0,0       2,0     0,0	2,6 0,0 0,0 0,0	1,9 1,9 2,9 0,0	0,9 0,0 0,9 0,0	1,0 4,1 0,0 2,1	0,0 4,0 0,0 1,0	45,8       0,0       0,9       0,6       1,4         41,7       0,2       1,2       1,5       1,7         45,8       1,4       1,0       0,6       0,6         45,8       1,6       0,5       0,5       0,5
A0A0A6YY53 P05784 A1L317 B1A075	lghg2c Krt18 Krt24 Krt36	Immunoglobulin heavy constant gamma 2C (Fragm36,5Keratin, type I cytoskeletal 1847,5Keratin, type I cytoskeletal 2454Keratin, type I cytoskeletal 2454	8,02 5,33 5,01	0,9 0,0 2,6 2,7 1,8 0,9	10,5         15,4         10,8         12,0           0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0	0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0	1,1 2,1 2,1	2,0 1,0 1,0	1,9     2,9       1,9     1,9       1,9     1,9       1,9     1,9	0,0 0,0 0,0	0,0 0,0 0,0	1,01,00,02,00,02,00,02,0	0,0 ( 0,0 ( 0,0 (	0,0     0,0       0,0     1,8       0,0     1,8       0,0     1,8	0,0 1,7 1,7	0,0 1,0 1,0	0,0 1,8 1,8	0,0 0,0 0,0	0,0 0,0 0,0	45,8       8,3       1,3       0,3       0,0         45,8       0,9       1,2       0,3       1,1         45,8       0,4       1,2       0,3       1,1         45,8       0,4       1,2       0,3       1,1
Q6NXH9 Q3UVC0 Q5SX40	Krt73 Ksr2 Myh1	Keratin, type I cytoskeletal 7352,8Kinase suppressor of Ras 2108,5Myosin-1223,2	8,09 8,59 5,76	1,8         0,9           2,6         4,5           0,0         0,0           0,0         0,0	0,0         0,0         0,0         0,0         0,0           1,3         2,6         1,2         2,4           0,0         0,0         0,0         0,0	0,0         0,0           0,9         0,9           0,0         0,0           1,8         1,8	4,2 1,1 0,0	4,1 0,0 0,0	1,9         1,9           2,9         3,8           0,0         0,0           0,0         0,0	0,0 3,7 0,0	0,0 0,0 0,0 0,0	0,0         2,0           0,0         0,0           1,0         0,0           6,1         7,2	1,0 ( 0,0 2 2,0 2	2,0 1,8 0,0 0,9 2,0 1,8 0,0 0,0	0,9 0,9 0,0	0,0 0,0 1,0	0,0 0,0 1,8	0,0 0,0 35,2	0,0 0,0 35,1	45,8       0,4       1,2       0,3       1,1         45,8       1,2       2,8       0,2       0,3         41,7       1,2       0,2       1,1       0,4         41,7       0,0       0,6       2,9       12,2
P13541 Q5SX39 P13542 V9GWV8	Myh3 Myh4 Myh8 Nedd4	Myosin-3         223,7           Myosin-4         222,7           Myosin-8         222,6           F3 ubiquitin-protein ligase NEDD4         102.6	5,81 5,74 5,83 5,26	0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 0,9 1.8	0,0         0,0 <td>1,8 1,8 2,6 3,5 1,8 1,8 1,8 0,9</td> <td>0,0 0,0 0,0</td> <td>0,0 0,0 0,0 0,0</td> <td>0,0         0,0           0,0         0,0           0,0         0,0           0,0         0,0           0,0         0,0</td> <td>0,0 0,0 0,0</td> <td>0,0 0,0 0,0 0,0</td> <td>4,1       4,1         10,2       11,2         5,1       3,1         0,0       2,0</td> <td>2,0 2,0 2,0 2,0 2,0 2,0 2,0 2,0 2,0 2,0</td> <td>2,0         0,0           2,0         0,0           2,0         0,0           2,0         0,0           0,0         0,9</td> <td>0,0 0,0 0,0 1 7</td> <td>1,9 1,0 1,0 1 9</td> <td>1,8 1,8 1,8 0,9</td> <td>16,6 43,5 32,1 2 1</td> <td>15,0 46,1 32,1 1 0</td> <td>41,7       0,0       0,6       2,0       5,9         41,7       0,0       1,0       4,2       15,4         41,7       0,0       0,6       2,0       11,2         45.8       0.4       0.4       0.3       1.4</td>	1,8 1,8 2,6 3,5 1,8 1,8 1,8 0,9	0,0 0,0 0,0	0,0 0,0 0,0 0,0	0,0         0,0           0,0         0,0           0,0         0,0           0,0         0,0           0,0         0,0	0,0 0,0 0,0	0,0 0,0 0,0 0,0	4,1       4,1         10,2       11,2         5,1       3,1         0,0       2,0	2,0 2,0 2,0 2,0 2,0 2,0 2,0 2,0 2,0 2,0	2,0         0,0           2,0         0,0           2,0         0,0           2,0         0,0           0,0         0,9	0,0 0,0 0,0 1 7	1,9 1,0 1,0 1 9	1,8 1,8 1,8 0,9	16,6 43,5 32,1 2 1	15,0 46,1 32,1 1 0	41,7       0,0       0,6       2,0       5,9         41,7       0,0       1,0       4,2       15,4         41,7       0,0       0,6       2,0       11,2         45.8       0.4       0.4       0.3       1.4
P50580 P62715 Q8R2Y8	Pa2g4 Ppp2cb Ptrh2	Proliferation-associated protein 2G4 43,7 Serine/threonine-protein phosphatase 2A catalytic 35,6 Peptidyl-tRNA hydrolase 2, mitochondrial 19,5 Protein PCC2	6,86 5,43 7,42	0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0	0,0         0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0         0,0           1,3         1,3         2,4         1,2	0,9 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0	1,1 0,0 0,0	1,0 0,0 1,0	0,0 0,0 0,0 0,0 1,0 1,0	0,9 1,8 0,0	0,9 0,9 0,0	2,0 2,0 3,1 0,0 0,0 0,0	0,0 1,0 1,0 2	2,0 0,0 0,0 0,0 0,0	1,7 0,0 0,9	1,9 3,8 0,0	1,8 2,7 0,0	0,0 1,0 0,0	0,0 1,0 1,0	45,8     0,0     0,5     1,0     0,9       45,8     0,0     0,0     1,5     1,6       45,8     1,0     0,5     0,5     0,3       41,7     0,1     0,7
Q88667 Q69ZJ7 P62281 A0A286YDB7	RCC2 Ric1 Rps11 Ssr1	Protein RCC255,9Guanine nucleotide exchange factor subunit RIC1158,740S ribosomal protein S1118,4Signal sequence receptor subunit alpha (Fragment)13,1	8,72 6,47 10,3 3,81	0,0 0,9 0,0 0,0 1,8 1,8 0,9 0,9	0,0         0,0         0,0         0,0           3,9         1,3         1,2         2,4           0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0	2,6         1,8           0,0         0,0           1,8         1,8           1,8         2,7	0,0 2,1 0,0 0,0	0,0 0,0 1,0 0,0	0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0	0,9 0,9 0,0 1,8	1,9 0,0 0,9 2,8	2,0     2,0       1,0     2,0       2,0     0,0       2,0     2,0	0,0 4 0,0 4 1,0 ( 0,0 (	),0 0,0 I,0 0,0 0,0 0,9 0,0 0,9	1,7 0,0 1,7 0,0	1,9 1,9 0,0 2,9	3,6 0,9 1,8 0,9	0,0 0,0 0,0 0,0	0,0 0,0 0,0 0,0	41,7       0,1       0,7       1,1       1,2         45,8       1,5       0,4       1,3       0,5         45,8       0,6       0,8       0,7       0,7         45,8       0,3       0,7       1,5       0,8
Q08943 Q99JR5 P10639 P29788	Ssrp1 Tinagl1 Txn Vtn	FACT complex subunit SSRP180,8Tubulointerstitial nephritis antigen-like52,6Thioredoxin11,7Vitronectin54.9	6,76 6,77 4,92 5,88	1,8     0,9       1,8     1,8       0,9     0,9       0,0     0,0	0,0         0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0         0,0         1,3         0,0         0,0         0,0         0,0         0,0         0,0         1,3         2,6         2,4         2,6         2,4         2,6         2,4         2,6         2,4         2,6         2,4         2,6         2,4         2,6         2,4         2,6         2,4         2,6         2,4         2,6         2,4         2,6         2,4         2,6         2,4         2,6         2,4         2,6         2,4         2,6         2,4         2,6         2,4         2,6         2,4         2,6         2,4         2,6         3,4         2,6         3,4         3,6         3,4         3,6         3,6         3,4         3,6         3,4         3,6         3,4         3,6         3,6         3,4         3,6	1,8         1,8           1,8         2,7           1,8         1,8           0,0         0.0	0,0 0,0 2,1 0,0	0,0 0,0 1,0 0.0	0,00,00,00,00,01,00,01 0	0,0 0,0 0,0 0.0	1,9 0,0 0,0 0,0	2,01,05,15,11,02,03,14 1	0,0 0 0,0 2 0,0 0 7.9 4	0,0 0,9 2,0 0,9 0,0 0,0 9,1 0,0	1,7 1,7 0,0 0.0	1,9 3,8 1,9 0.0	1,8 5,4 0,0 0.0	0,0 0,0 0,0 2,1	0,0 0,0 0,0 2,0	45,80,40,60,81,145,80,60,72,02,045,80,51,30,50,345,82,30.24 00 7
H3BKL5 Q80X81 P61164	Acaa1a Acat3 Actr1a	54,83-ketoacyl-CoA thiolase A, peroxisomal38,3Acetyl-Coenzyme A acetyltransferase 341,4Alpha-centractin42,6	8,54 7,94 6,64	0,9 0,0 0,9 0,0 1,8 2,7	2,0         2,4         3,6           0,0         0,0         0,0         0,0           1,3         0,0         0,0         1,2           0,0         0,0         0,0         0,0	0,0         0,0           1,8         0,9           2,6         3,5           2,6         3,5	0,0 0,0 0,0 1,1	0,0 0,0 0,0 0,0	1,0       0,0     0,0       0,0     0,0       0,0     0,0       0,0     0,0	2,8 0,0 0,0	2,8 0,0 0,0	4,1       0,0       1,0       0,0       1,0       0,0	0,0 ( 0,0 ( 0,0 (	0,0         0,9           0,0         0,9           0,0         0,9           1,0         0,0	2,6 0,9 0,9	1,0 1,0 1,0	0,0 0,9 2,7	0,0 0,0 0,0	-,0 1,0 0,0 0,0	37,5     0,1     0,4     0,9     0,9       41,7     0,6     1,0     0,2     0,6       41,7     0,7     1,2     0,3     0,8
P54822 Q923D2 Q64152 P60766	Adsl Blvrb Btf3 Cdc42	Adenylosuccinate lyase54,8Flavin reductase (NADPH)22,2Transcription factor BTF322Cell division control protein 42 homolog21,2	7,27 7,01 9,52 6,55	0,0 0,9 1,8 0,9 1,8 2,7 0,0 0,0	0,0         0,0         0,0         0,0           2,6         2,6         2,4         2,4           2,6         0,0         2,4         0,0           0,0         0,0         0,0         1,2	0,9 0,9 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0	0,0 0,0 1,1 0,0	0,0 0,0 1,0 1,0	0,0         0,0           0,0         0,0           0,0         0,0           0,0         0,0           0,0         0,0	0,9 0,0 0,0 0,0	0,0 0,0 0,0 0,0	0,0         2,0           1,0         0,0           0,0         0,0           1,0         1,0	0,0 ( 0,0 2 0,0 ( 1,0 2	0,0 0,9 1,0 0,9 0,0 1,8 1,0 0,0	0,9 0,0 1,7 0,9	2,9 1,9 0,0 1,0	1,8 0,0 0,0 0,0	0,0 0,0 2,1 3,1	0,0 0,0 2,0 5,0	37,5         0,1         0,3         0,5         1,1           41,7         2,1         0,0         0,3         0,5           41,7         1,6         0,3         0,0         1,3           41,7         0,2         0,2         0,7         1,7
P11440 E9Q9E4 A0A1W2P729	Cdk1 Cdk4 Cnpy2 Comtd1	Cyclin-dependent kinase 134,1Cyclin-dependent kinase 4 (Fragment)28Protein canopy homolog 2 (Fragment)15,3Catechol Q-methyltransforase development15,3	8,43 7,09 5,58 8 32	0,9 1,8 2,6 0,9 1,8 1,8 0,0 0,0	0,0         0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0         0,0	1,8 0,9 2,6 0,9 1,8 1,8	0,0 0,0 0,0	0,0 0,0 0,0	0,0         0,0           0,0         0,0           0,0         0,0           0,0         0,0           0,0         0,0	1,8 1,8 0,0	0,9 0,9 0,9 2,9	2,0 0,0 2,0 0,0 2,0 2,0 0,0 -	0,0 ( 0,0 ( 0,0 (	0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 0,9	0,9 0,9 0,9	1,0 1,0 1,9	1,8 1,8 0,0	0,0 0,0 0,0	0,0 0,0 0,0	41,7       0,4       0,4       0,8       0,6         41,7       0,6       0,6       0,8       0,6         41,7       0,6       0,6       0,8       0,6         41,7       0,6       0,6       0,8       0,6         37.5       0.0       0.2       0.0       1
цоріс / Р97315 Q9D0M3 Q9JLM8	Csrp1 Cyc1 Dclk1	Cysteine and glycine-rich protein 120,6Cytochrome c1, heme protein, mitochondrial35,3Serine/threonine-protein kinase DCLK184,1	8,57 9,16 8,87	0,0         0,0           0,0         0,0           0,0         0,0           0,0         0,0	0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         1,2         2,4         0,0         0,0         0,0	e,0 e,0 0,0 0,0 0,0 0,9 0,0 0,9	0,0 2,1 1,1 1,1	0,0 0,0 1,0 0,0	0,0         0,0           1,0         0,0           1,0         1,0           1,0         0,0	1,8 1,8 0,0 1,8	2,8 0,9 0,0 1,9	0,00,00,00,00,00,02,02,0	0,0 2 0,0 0 1,0 2 0,0 0	0,9           0,0         2,7           2,0         0,0           0,0         0,9	1,7 2,6 0,0 0,9	1,0 1,9 0,0 1,0	1,8 0,0 0,0 0,0	0,0 1,0 1,0 0,0	0,0 1,0 0,0 0,0	0,0         0,3         0,9         0,9           37,5         0,0         0,5         0,5         1,5           41,7         0,6         0,8         0,5         0,2           41,7         0,0         0,5         1,3         0,5
Q8CGC7 Q08509 H7BX99 A0A494BR^9	Eprs1 Eps8 F2 Fau	Bifunctional glutamate/prolinetRNA ligase170Epidermal growth factor receptor kinase substrate91,7Prothrombin70,240S ribosomal protein S3010.0	7,66 7,65 6,43 11,56	0,0 0,0 0,0 0,0 1,8 1,8 0,0 0.0	0,0         1,3         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0         0,0	0,9 1,8 0,0 0,0 0,0 1,8 0,0 0.0	0,0 0,0 0,0 2 1	0,0 0,0 1,0 2.0	0,0       0,0         1,0       1,0         0,0       0,0         0,0       1.0	0,0 0,9 0,9 0.9	0,9 0,9 0,0 0,0	2,01,00,00,03,10,00,00.0	0,0 0 1,0 2 1,0 2	0,0 0,0 2,0 0,9 1,0 0,0 2,0 1 8	0,9 0,0 0,0 0.0	2,9 0,0 1,9 1.0	1,8 0,0 2,7 1,8	0,0 2,1 0,0 0,0	0,0 2,0 0,0 0,0	37,50,20,40,70,937,50,00,30,80,841,70,60,51,00,837,50,01.00.80.8
P14234 P10649 P08103	Fgr Gstm1 Hck	Tyrosine-protein kinase Fgr58,8Glutathione S-transferase Mu 126Tyrosine-protein kinase HCK59,1Estradiel 17 bets debud	5,38 7,94 7,24	0,9 0,9 0,9 0,9 0,9 0,9	0,0         0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0         0,0	1,8         0,9           0,9         0,0           1,8         1,8           0,2         0	2,1 0,0 2,1 0,0	0,0 1,0 0,0	1,9 0,0 0,0 1,9 0,0 0,0 0,0	1,8 0,0 1,8	0,9 0,9 0,9	2,0 0,0 0,0 0,0 2,0 0,0	0,0 ( 1,0 ( 0,0 (	),0 0,0 ),0 0,9 ),0 0,0	0,9 0,0 0,9	1,0 1,0 1,0	1,8 0,0 1,8	0,0 0,0 0,0 1,0	0,0 0,0 0,0	41,7     0,3     0,4     0,8     0,6       41,7     0,3     1,0     0,3     0,3       41,7     0,3     0,6     0,8     0,6       41,7     1,2     2,7     -
પ્રુદ્ય06 A0A0B4J1I9 E9Q1Z0 Q61881	nsa1/b11 Igkv4-55 Krt90 Mcm7	EStraulor 17-Deta-dehydrogenase 1132,9Immunoglobulin kappa variable 4-55 (Fragment)12,7Keratin 9058,2DNA replication licensing factor MCM781.2	8,66 6,48 8,25 6,37	0,0 0,0 0,0 0,0 12,4 9,9 1,8 0,9	0,0         3,9         1,2         2,4           5,2         5,1         4,8         4,8           0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0.0	U,U         0,0           0,0         0,0           0,0         0,0           2,6         3.5	0,0 2,1 6,3 0,0	1,0 2,0 6,1 0,0	1,9     1,0       1,9     0,0       4,8     5,8       0,0     0,0	0,0 1,8 0,0 2,8	U,O 1,9 0,0 0,0	U,U0,00,01,00,00,02,00.0	1,0 ( 0,0 ( 2,0 2 0,0 (	,,0 0,0 ),0 0,0 2,0 0,9 ),0 0,9	0,9 0,0 0,9 0,0	0,0 0,0 0,0 1,0	0,0 0,0 0,0 1,8	1,0 0,0 0,0 0,0	1,U 0,0 0,0 0,0	+1,7         1,2         0,7         0,2         0,5           41,7         3,3         1,0         0,8         0,0           41,7         3,7         3,8         0,7         0,3           37,5         0,4         1,0         0,8         0.6
Q9JIB6 P17918 Q99KP6 Q972111	Naip6 Pcna Prpf19 Psma5	Baculoviral IAP repeat-containing protein 1f159,8Proliferating cell nuclear antigen28,8Pre-mRNA-processing factor 1955,2Proteasome subunit alpha type-520.1	5,78 4,77 6,61 4.79	0,0 0,0 0,9 0,0 1,8 1,8 1.8 1 °	0,0         0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0         0,0           1,3         0         0         1         2         2	0,0 0,9 0,9 0,0 1,8 1,8 3,5 1,0	0,0 0,0 0,0	1,0 0,0 1,0 0.0	1,0     1,0       0,0     0,0       0,0     0,0       0,0     0,0	1,8 0,9 0,0	2,8 1,9 0,0	1,0     0,0       2,0     2,0       2,0     1,0       1.0     1.0		),0     1,8       ),0     1,8       ),0     0,0       ),0     0,0	0,9 1,7 0,9	0,0 1,0 1,9 3 8	0,0 0,9 0,9 3 6	0,0 0,0 0,0 0,0	0,0 0,0 0,0 0.0	41,7       0,0       0,6       1,1       0,4         41,7       0,1       0,1       1,1       0,9         41,7       0,6       0,8       0,5       0,6         41,7       1.0       0.9       0.2       1.2
P70195 Q8K1K2 A0A1D5RLW5	Psmb7 Psmc5 Rpl18a	Proteasome subunit beta type-726,4265 proteasome regulatory subunit 838,7605 ribosomal protein L18a17,4	7,99 5,96 10,89	1,8         1,8           1,8         1,8           2,6         1,8	3,9         1,3         6,0         4,8           0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0	0,0         0,9           1,8         1,8           1,8         1,8           1,8         1,8	0,0 0,0 1,1 0,0	0,0 1,0 0,0	0,0         0,0           1,0         0,0           0,0         0,0           0,0         0,0           0,0         0,0	0,0 0,0 0,0	0,0 0,0 0,0	-,-       1,0         0,0       0,0         1,0       1,0         2,0       2,0	0,0 ( 0,0 ( 0,0 ( 0,0 (	0,0         0,0           0,0         0,0           0,0         0,0           0,0         1,8	0,0 0,0 0,9	0,0 1,0 1,9	1,8 0,0 1,8	1,0 0,0 0,0	1,0 1,0 0,0	41,7       2,8       0,3       0,0       0,6         41,7       0,6       0,9       0,3       0,3         41,7       0,6       0,9       0,3       0,3         41,7       0,7       0,6       0,7       1,1
P84099 Q8BH59 Q9QXX4 P46978	кр119 Slc25a12 Slc25a13 Stt3a	bus ribosomal protein L1923,5Calcium-binding mitochondrial carrier protein Aral:74,5Calcium-binding mitochondrial carrier protein Aral:74,4Dolichyl-diphosphooligosaccharideprotein glvcosv80,5	11,47 8,25 8,6 8,1	1,81,80,00,00,00,00,90,9	U,U0,00,00,01,30,01,20,00,00,02,41,20,00,00,00,0	1,8         1,8           0,0         1,8           0,0         1,8           0,0         1,8           0,9         1,8	0,0 0,0 0,0 0,0	0,0 0,0 0,0 0,0	U,00,00,00,00,00,00,00.0	0,0 0,9 0,9 0,9	0,0 0,9 0,0 0,0	2,02,02,02,02,02,03,11.0	0,0 ( 0,0 ( 0,0 ( 0,0 (	1,0     1,8       0,0     1,8       0,0     3,6       0,0     0.9	0,9 0,0 0,9 0,0	1,9 1,9 1,9 3,8	1,8 2,7 1,8 3,6	0,0 0,0 0,0 0,0	0,0 0,0 0,0 0,0	41,/0,60,60,71,141,70,40,31,01,141,70,60,30,81,441,70,30,40,81.4
P07309 E9PXX7 Q3U4W8 A2BGG7	Ttr Txndc5 Usp5 Ybx1	Transthyretin15,8Thioredoxin domain-containing protein 538,5Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase93,3Y-box-binding protein 1 (Fragment)24.7	6,16 5,39 5,06 10.1	2,6 1,8 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0	0,0         2,6         1,2         1,2           0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         1,2         0,0           0,0         1,3         0.0         0.0	0,0 0,0 0,9 0,0 0,9 0,0 0,9 0,0	2,1 0,0 0,0	2,0 0,0 2,0 1.0	1,0         1,9           0,0         0,0           0,0         1,9           1,0         1,0	0,0 0,9 0,0 3 7	0,9 0,9 0,0 2.8	0,0       0,0         5,1       8,2         0,0       0,0         0,0       0,0         0,0       0,0	0,0 ( 0,0 ( 1,0 1	0,0 0,0 0,0 0,0 1,0 1,8	0,0 1,7 1,7 0,0	0,0 4,8 0,0 0.0	0,0 7,2 0,0 0.0	0,0 0,0 1,0 4.1	0,0 1,0 2,0 3.0	41,7       1,6       1,2       0,2       0,0         37,5       0,0       0,1       2,5       2,5         41,7       0,2       0,8       0,3       1,1         41,7       0,2       0.5       1       4       1<2
Q9JII6 P08030 Q9JM76 P14211	Akr1a1 Aprt Arpc3	Aldo-keto reductase family 1 member A136,6Adenine phosphoribosyltransferase19,7Actin-related protein 2/3 complex subunit 320,5Calreticulin20,5	7,39 6,79 8,59	0,9 1,8 0,0 0,0 0,0 0,0	0,0         0,0         0,0         0,0         0,0           3,9         2,6         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0         0,0	0,9 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0	0,0 0,0 1,1	0,0 0,0 1,0	1,0 1,0 0,0 0,0 0,0 0,0	2,8 0,9 0,0	1,9 0,0 0,9	0,0 0,0 0,0 1,0 0,0 0,0	0,0 ( 1,0 ( 1,0 2	0,0 0,0 0,0 3,6 2,0 0,0	0,0 2,6 1,7	1,9 0,0 1,0	1,8 0,9 0,0	0,0 0,0 2,1	0,0 0,0 2,0	37,5     0,4     0,6     0,8     0,6       37,5     1,1     0,2     0,5     1,2       37,5     0,0     0,3     0,7     1,1       37,5     0,0     0,3     0,7     1,1
. 17211 F6UK66	Ccdc50 Dnaja1	48Coiled-coil domain-containing protein 50 (Fragmen 29,8DnaJ homolog subfamily A member 144,8	,-+9 6,67 7,08 5,71	0,0     0,0       0,9     1,8       0,0     0,0	0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         0,0         0,0           0,0         0,0         1,2         0,0	0,9 0,0 0,0 0,0 0,0	0,0 1,1 0,0	0,0 0,0 0,0	0,0         0,0           0,0         0,0           1,0         0,0	0,9 0,0 0,0	0,9 0,0 0,0	1,0     3,1       0,0     1,0       0,0     0,0	0,0 ( 0,0 ( 2,0 2	0,0         0,9           0,0         0,9           2,0         0,9	0,9 0,9 0,0	0,0 1,0 0,0	1,8 0,9 1,8	0,0 0,0 1,0	0,0 0,0 2,0	0,0         0,5         1,0         0,6           37,5         0,4         0,3         0,2         0,6           33,3         0,2         0,2         0,7         1,0

<b>ID UNIPROT</b> P68134 P60710 Q8BFZ3	Gene Name Acta1 Actb Actbl2	Annotations         Protein name       M         Actin, alpha skeletal muscle       Actin, cytoplasmic 1         Beta-actin-like protein 2       M	<b>AW [kDa]</b> 42 41,7 42	<b>calc. pl</b> 5,39 5,48 5,49	CTR1CTR290,988,1153,5161,3102,096,2	CTR3         CTR4         C           71,0         76,2         7           112,3         118,3         1           66,5         73,5         6	CTR5CTR677,073,6121,7113,867,062,5	<b>SNFs-OVA1</b> 72,0 130,1 81,1	SNFs-OVA2 SI 76,9 113,9 69,1	PSMs         (N           NFs-OVA3         SNFs           67,5         6           108,6         11           59,7         6	BLADDEI           s-OVA4         SNFs-OV           51,3         71,4           14,7         92,8           51,3         53,0	Simple         CANCER M           A5         SNFs-OVA6           81,5         100,0           55,7         55,7	ODEL) SFNs-CpG1 112,4 187,3 108,0	SFNs-CpG2 9 106,6 178,4 105,5	SFNs-CpG3 S 114,7 152,2 101,1	<b>SFNs-CpG4 S</b> 107,3 142,4 98,0	<b>SFNs-CpG5 SF</b> 157,7 222,0 132,4	FNs-CpG6 127,2 194,3 101,5	IF 100 100 100	A CTR SF 79,5 130,1 77,9	<b>Ns-OVA SFI</b> 71,8 1 110,0 1 63,3 1	<b>Vs-CpG</b> 121,0 179,4 107,8
A1BN54 A0A1L1SV25 E9Q616 P07724 A6ZI44	Actg2 Actn1 Actn4 Ahnak Alb Aldoa	Actin, gamma-enteric smooth muscle Alpha actinin 1a Alpha-actinin-4 AHNAK nucleoprotein (desmoyokin) Albumin Fructose-bisphosphate aldolase	41,9 102,7 107 603,9 68,6 45,1	5,48 5,48 5,36 6,3 6,07 7,91	74,7 74,1 16,2 18,0 15,1 16,0 5,0 7,0 39,4 35,1 17,2 17,0	69,2       74,4         19,8       17,0         14,4       15,2         15,3       11,7         27,8       26,0         17,1       16,1	73,7       68,1         16,7       16,7         14,5       13,4         8,9       7,8         33,5       32,4         20,1       20,1	62,0 15,0 14,0 6,0 27,0 9,0	65,2 16,5 14,6 4,9 27,3 10,7	58,7       5         12,7       1         11,7       1         3,9       2         32,3       2         13,7       1	15,4     67,3       .2,6     15,3       .1,7     15,3       2,9     3,1       :6,3     38,7       .3,6     8,2	75,3 14,4 17,5 5,2 39,2 14,4	9,9 9,9 6,6 45,2 4,4	9,8 9,8 5,4 41,3 5,4	20,8 15,6 5,2 24,0 13,6	101,1 18,6 15,5 4,1 23,7 14,4	141,3 15,1 15,1 3,8 46,7 6,3	114,3 10,0 10,0 2,9 50,0 7,1	100 100 100 100 100	72,4 17,4 14,8 9,3 32,4 17,9	64,0 J 14,4 14,1 4,3 31,8 11,6	13,5 14,0 12,7 4,7 38,5 8,5
P10107 P07356 O35639 P97429 P48036	Anxa1 Anxa2 Anxa3 Anxa4 Anxa5	Annexin A2 Annexin A3 Annexin A4 Annexin A5	43,1 38,7 38,7 36,4 35,9 35,7	7,37 7,69 5,76 5,57 4 96	17,2       17,0         19,2       23,0         38,4       37,1         8,1       9,0         7,1       9,0         15,1       15,0	17,1       10,1         26,9       25,1         44,9       39,4         14,4       14,3         12,6       12,6         21,6       25,1	20,1         20,1           24,6         27,9           35,7         34,6           14,5         14,5           12,3         12,3           29,0         29,0	25,0 28,0 9,0 7,0 21.0	10,7 22,4 38,0 7,8 7,8 19 5	13,7     1       27,4     2       42,1     4       10,8     1       9,8     9       25,4     2	15,3     15,3       10,8     28,5       1,7     3,1       9,7     3,1       13,3     18,3	14,4 17,5 30,9 4,1 2,1	4,4 8,8 13,2 3,3 4,4 25 3	7,6 15,2 3,3 4,4 23 9	30,2 31,3 11,5 7,3 21 9	14,4 28,9 26,8 11,4 7,2 19,6	5,3 13,9 15,1 5,0 5,0 31 5	7,1 11,4 8,6 2,9 2,9 31,4	100 100 100 100 100	17,5 24,5 38,4 12,5 11,0 22 5	22,1 34,7 7,7 6,6 20.9	16,8 18,4 6,2 5,2 25.6
P48036 P14824 Q00623 P61205 Q99PT1	Anxa5 Anxa6 Apoa1 Arf3 Arhgdia	Annexin A5 Annexin A6 Apolipoprotein A-I ADP-ribosylation factor 3 Rho GDP-dissociation inhibitor 1	35,7 75,8 30,6 20,6 23,4	4,96 5,5 5,73 7,43 5,2	15,1       15,0         1,0       5,0         2,0       2,0         7,1       6,0         6,1       4,0	21,6 25,1 . 3,6 5,4 3,6 4,5 3,6 1,8 3,6 4,5	29,0         29,0           3,3         5,6           6,7         5,6           2,2         2,2           3,3         4,5	21,0 4,0 2,0 10,0 4,0	19,5 3,9 1,9 11,7 1,9	25,4     2       5,9     2       2,9     2       5,9     6       2,9     3       2,9     3	18,3     18,3       4,9     7,1       2,9     3,1       6,8     4,1       3,9     4,1	7,2 2,1 3,1 5,2	25,3 9,9 2,2 8,8 5,5	23,9 10,9 2,2 9,8 5,4	7,3 2,1 2,1 3,1	7,2 2,1 3,1 4,1	31,5 13,9 2,5 2,5 1,3	31,4 15,7 2,9 2,9 2,9	100 100 100 100	22,5 4,0 4,1 3,8 4,3	20,9 5,5 2,5 6,9 3,7	25,6 10,8 2,3 4,9 3,7
Q9JM76 Q03265 P56480 P40124 A2APM3	Arpc3 Atp5f1a Atp5f1b Cap1 Cd44	Actin-related protein 2/3 complex subunit 3 ATP synthase subunit alpha, mitochondrial ATP synthase subunit beta, mitochondrial Adenylyl cyclase-associated protein 1 CD44 antigen	20,5 59,7 56,3 51,5 50,7	8,59 9,19 5,34 7,52 5,29	2,02,030,331,049,550,112,111,02,02,0	0,9 0,9 29,6 32,3 2 42,2 39,4 8,1 8,1 1,8 1,8	2,2       1,1         22,3       22,3         41,3       39,1         3,3       2,2         2,2       2,2	2,0 28,0 45,0 11,0 1,0	1,9 31,1 40,9 8,8 1,9	2,9 1 29,3 2 51,8 5 6,8 6 2,0 1	1,92,01,9,229,616,452,06,85,11,92,0	2,1 28,9 50,5 1,0 2,1	4,4 37,5 57,3 14,3 2,2	4,4 34,8 47,9 14,1 2,2	1,0 42,7 49,0 4,2 2,1	2,1 34,1 52,6 6,2 2,1	5,0 34,1 54,2 10,1 1,3	5,7 22,9 47,2 4,3 1,4	100 100 100 100 100	1,5 28,0 43,6 7,5 2,0	2,2 29,4 49,4 6,6 1,8	3,8 34,3 51,4 8,9 1,9
P60766 Q8BMK4 Q68FD5 P11087 Q04857	Cdc42 Ckap4 Cltc Col1a1 Col6a1	Cell division control protein 42 homolog Cytoskeleton-associated protein 4 Clathrin heavy chain 1 Collagen alpha-1(I) chain Collagen alpha-1(VI) chain	21,2 63,7 191,4 137,9 108,4	6,55 5,64 5,69 5,85 5,36	4,06,02,02,016,215,03,02,02,02,0	3,6 3,6 5,4 6,3 17,1 15,2 1 4,5 3,6 1,8 1,8	3,33,34,52,210,010,05,64,54,52,2	7,0 2,0 25,0 4,0 10,0	7,8 1,9 21,4 6,8 9,7	5,9 2 2,0 3 18,6 2 9,8 6 8,8 7	2,94,13,91,025,322,46,817,37,821,4	3,1 2,1 19,6 17,5 23,7	6,6 4,4 31,9 28,6 22,0	7,6 4,4 34,8 27,2 18,5	2,1 5,2 17,7 6,3 4,2	4,1 5,2 13,4 5,2 3,1	12,6 3,8 26,5 10,1 17,7	5,7 1,4 18,6 28,6 18,6	100 100 100 100 100	4,0 3,7 13,9 3,9 2,4	5,1 2,1 22,1 10,4 13,6	6,5 4,1 23,8 17,7 14,0
E9PWQ3 O89053 O54734 Q9Z1N5 Q62167	Col6a3 Coro1a Ddost Ddx39b Ddx3x	Collagen, type VI, alpha 3 Coronin-1A Dolichyl-diphosphooligosaccharideprotein glycosyltransferase 48 kDa subunit Spliceosome RNA helicase Ddx39b ATP-dependent RNA helicase DDX3X	353,7 51 49 49 73,1	6,93 6,48 5,83 5,67 7,18	17,212,06,13,04,03,02,02,08,19,0	13,5 13,4 3 3,6 3,6 3,6 3,6 1,8 1,8 6,3 7,2	12,3       8,9         3,3       2,2         2,2       2,2         1,1       2,2         4,5       5,6	39,0 17,0 2,0 3,0 8,0	32,1 17,5 2,9 2,9 10,7	43,0     4       6,8     6       2,0     1       1,0     1       7,8     6	13,8     93,8       6,8     5,1       1,0     1,0       1,9     2,0       6,8     9,2	95,9 5,2 1,0 3,1 10,3	114,6 19,8 2,2 2,2 5,5	115,3 16,3 3,3 2,2 3,3	40,7 2,1 5,2 2,1 4,2	48,5 4,1 2,1 3,1 4,1	80,7 16,4 3,8 2,5 6,3	81,4 11,4 1,4 1,4 7,1	100 100 100 100 100	12,9 3,6 3,1 1,8 6,8	57,9 9,7 1,7 2,3 8,8	80,2 11,7 3,0 2,3 5,1
P31001 P10126 P58252 P23116 P60843	Des Eef1a1 Eef2 Eif3a Eif4a1	Desmin Elongation factor 1-alpha 1 Elongation factor 2 Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit A Eukaryotic initiation factor 4A-I	53,5 50,1 95,3 161,8 46,1	5,27 9,01 6,83 6,77 5,48	6,16,016,216,022,221,02,04,014,116,0	9,9       9,0       1         16,2       17,0       1         11,7       11,7       1         3,6       3,6       3,6         6,3       9,0       1	10,013,414,515,611,213,43,34,511,27,8	9,0 21,0 22,0 2,0 15,0	7,8 21,4 22,4 1,0 14,6	5,9     6       17,6     1       15,6     1       4,9     2       11,7     1	6,815,3.9,412,2.9,416,32,92,0.1,74,1	17,5 11,3 16,5 3,1 6,2	7,7 14,3 6,6 2,2 5,5	7,6 16,3 9,8 2,2 6,5	4,2 13,6 11,5 2,1 16,7	4,1 12,4 11,4 4,1 14,4	7,6 12,6 10,1 3,8 5,0	8,6 17,1 10,0 2,9 4,3	100 100 100 100 100	9,1 15,9 15,2 3,5 10,7	10,4 17,2 18,7 2,7 10,5	6,6 14,4 9,9 2,9 8,7
P17182 P21550 Q3U7R1 P26040 Q8VCM7	Eno1 Eno3 Esyt1 Ezr Fgg	Alpha-enolase Beta-enolase Extended synaptotagmin-1 Ezrin Fibrinogen gamma chain	47,1 47 121,5 69,4 49,4	6,8 7,18 5,95 6,1 5,86	45,450,16,17,02,03,02,04,06,15,0	43,1 43,9 3 9,0 10,8 3,6 4,5 5,4 8,1 17,1 21,5 3	38,040,28,910,02,25,64,53,320,121,2	34,0 5,0 2,0 4,0 20,0	32,1 3,9 1,9 5,8 16,5	31,3     2       3,9     3       4,9     3       5,9     4       10,8     1	24,5       3,9     9,2       3,9     5,1       4,9     6,1       .0,7     10,2	24,8 5,2 5,2 6,2 9,3	22,0 6,6 6,6 8,8 9,9	21,8 6,5 7,6 8,7 12,0	40,7 10,4 4,2 2,1 8,3	36,1 8,3 4,1 3,1 9,3	16,4 5,0 5,0 8,8 6,3	21,4 5,7 5,7 11,4 8,6	100 100 100 100 100	43,5 8,6 3,5 4,5 15,2	29,1 5,2 3,8 5,5 12,9	26,4 7,1 5,5 7,2 9,1
Q8BTM8 A0A087WS56 P29391 P26443 A0A1D5RLD8	Flna Fn1 Ftl1 Glud1 Gm10358	Filamin-A Fibronectin Ferritin light chain 1 Glutamate dehydrogenase 1, mitochondrial Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase	281 249,4 20,8 61,3 35,8	6,04 5,82 6 8 8,25	14,117,022,222,09,18,02,03,053,562,1	18,9       22,4       24,4       22,4       24,4       24,4       24,4       24,9       42,9	15,619,067,070,315,617,92,21,146,945,7	23,0 24,0 13,0 2,0 62,0	17,5 25,3 12,7 2,9 58,4	14,7       1         35,2       3         8,8       9         3,9       1         53,8       5	.9,4       11,2         .3,1       15,3         9,7       17,3         1,0       1,0         .3,5       34,7	10,3 17,5 17,5 1,0 33,0	5,5 12,1 19,8 7,7 31,9	6,5 16,3 19,6 9,8 32,6	13,6 42,7 7,3 1,0 36,5	14,4 37,1 10,3 3,1 40,2	12,6 8,8 24,0 1,3 51,7	5,7 8,6 37,2 5,7 41,4	100 100 100 100 100	17,8 55,5 12,9 1,8 49,4	16,0 25,1 13,2 2,0 49,2	9,7 21,0 19,7 4,8 39,1
P06745 P01899 Q8CGP4 Q64523 Q64522	Gpi H2-D1 H2ac1 H2ac20 H2ac21	Glucose-6-phosphate isomerase H-2 class I histocompatibility antigen, D-B alpha chain Histone H2A Histone H2A type 2-C Histone H2A type 2-B	62,7 40,8 14 14 14	8,13 6,73 11,21 10,9 10,89	15,113,06,13,061,663,155,555,124,222,0	11,7       12,6         3,6       2,7         40,4       41,2         39,5       41,2         21,6       22,4	4,55,64,55,648,055,850,251,323,430,1	12,0 10,0 40,0 56,0 35,0	10,7 12,7 38,0 46,7 26,3	5,9     8       9,8     8       37,2     4       53,8     5       35,2     3	8,8     5,1       8,8     2,0       40,8     30,6       57,4     57,1       35,0     43,8	5,2 2,1 32,0 53,6 40,2	7,7 4,4 45,2 46,3 19,8	7,6 6,5 45,7 46,8 18,5	3,1 7,3 65,7 63,6 22,9	4,1 4,1 67,1 68,1 28,9	5,0 5,0 46,7 51,7 21,4	1,4 7,1 50,0 55,7 22,9	100 100 100 100 100	10,4 4,2 51,7 48,8 24,0	7,9 7,5 36,4 54,1 35,9	4,8 5,8 53,4 55,4 22,4
Q8BFU2 Q3THW5 P70696 Q64475 P84244	H2aw H2az2 H2bc1 H2bc3 H3-3a	Histone H2A type 3 Histone H2A.V Histone H2B type 1-A Histone H2B type 1-B Histone H3.3	14,1 13,5 14,2 13,9 15,3	11,05 10,58 10,29 10,32 11,27	74,773,110,111,011,115,046,551,114,117,0	41,3       41,2       1         12,6       13,4       1         13,5       17,9       1         41,3       48,4       1         18,0       18,8       1	52,5         56,9           15,6         16,7           23,4         24,5           62,5         54,7           34,6         31,2	69,0 11,0 4,0 38,0 8,0	63,3 11,7 4,9 38,0 9,7	66,5       6         11,7       1         8,8       4         46,0       4         12,7       1	i8,1       63,2         i1,7       13,3         i4,9       8,2         i3,8       34,7         .0,7       5,1	65,0 12,4 3,1 36,1 6,2	46,3 12,1 13,2 51,8 6,6	45,7 13,1 14,1 57,7 6,5	79,2 13,6 29,2 59,4 22,9	79,5 15,5 29,9 59,8 22,7	55,5 11,4 15,1 56,8 21,4	60,0 14,3 17,1 62,9 31,4	100 100 100 100 100	56,6 13,3 17,6 50,7 22,3	65,8 12,0 5,6 39,4 8,7	51,0 13,3 19,8 58,1 18,6
P62806 Q91VB8 P02089 A8DUK4 Q64525	H4c1 Hba-a1 Hbb-b2 Hbb-bs Hist2h2bb	Histone H4 Alpha globin 1 Hemoglobin subunit beta-2 Beta-globin Histone H2B type 2-B	11,4 15,1 15,9 15,7 13,9	11,36 8,22 8,05 7,69 10,32	73,7 82,1 53,5 57,1 18,2 12,0 73,7 64,1 46,5 52,1	53,9 59,2 0 94,3 81,6 3 43,1 61,0 3 125,8 145,2 1 44,9 51,1 0	63,6         66,9           86,0         87,0           36,8         40,2           132,9         141,7           68,1         56,9	49,0 14,0 5,0 13,0 38,0	51,6 12,7 6,8 17,5 38,0	57,7       5         37,2       3         19,6       1         76,3       7         46,0       4	36,4         34,7           37,9         27,5           .9,4         22,4           76,8         68,3           14,7         34,7	29,9 25,8 22,7 68,1 35,1	50,7 22,0 8,8 20,9 51,8	54,4 25,0 6,5 21,8 57,7	69,8 57,3 7,3 40,7 61,5	67,1 57,8 7,2 45,4 61,9	79,5 18,9 7,6 24,0 54,2	55,7 30,0 8,6 28,6 62,9	100 100 100 100 100	66,6 76,6 35,2 113,9 53,3	46,5 25,8 16,0 53,3 39,4	52,9 35,2 7,7 30,2 58,3
Q9Z2X1 Q8VEK3 P07901 P11499 P08113	Hnrnpf Hnrnpu Hsp90aa1 Hsp90ab1 Hsp90b1	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein F Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein U Heat shock protein HSP 90-alpha Heat shock protein HSP 90-beta Endoplasmin	45,7 87,9 84,7 83,2 92,4	5,49 6,24 5,01 5,03 4,82	5,06,02,03,019,217,026,330,08,19,0	3,6       2,7         1,8       1,8         16,2       17,0         28,7       25,1         10,8       8,1	5,6       3,3         2,2       2,2         16,7       17,9         35,7       36,8         6,7       7,8	10,0 2,0 16,0 26,0 8,0	9,7 3,9 18,5 34,1 11,7	5,9       2         2,0       2         16,6       1         32,3       2         10,8       9	2,95,12,94,1.6,514,3.9,225,59,78,2	5,2 3,1 14,4 19,6 7,2	2,2 1,1 7,7 14,3 14,3	1,1 2,2 9,8 17,4 18,5	3,1 2,1 17,7 29,2 7,3	2,1 2,1 18,6 29,9 8,3	2,5 1,3 8,8 18,9 25,2	2,9 2,9 11,4 32,9 27,1	100 100 100 100 100	4,4 2,2 17,3 30,5 8,4	6,5 3,0 16,1 27,8 9,3	2,3 1,9 12,3 23,8 16,8
Q61696 P20029 P63017 P38647 Q9JKF1	Hspa1a Hspa5 Hspa8 Hspa9 Iqgap1	Heat shock 70 kDa protein 1A Endoplasmic reticulum chaperone BiP Heat shock cognate 71 kDa protein Stress-70 protein, mitochondrial Ras GTPase-activating-like protein IQGAP1	70 72,4 70,8 73,4 188,6	5,72 5,16 5,52 6,07 6,48	5,05,027,326,043,446,14,08,011,113,0	5,4 5,4 23,4 25,1 2 32,3 35,0 4 8,1 9,9 13,5 8,1	4,55,625,730,140,248,07,811,26,77,8	4,0 27,0 47,0 9,0 11,0	3,9 26,3 45,7 6,8 9,7	3,9     3       33,3     2       40,1     4       13,7     1       8,8     9	3,97,119,225,510,837,73,67,19,77,1	7,2 25,8 36,1 6,2 5,2	5,5 30,8 24,2 2,2 12,1	4,4 28,3 28,3 6,5 9,8	4,2 18,8 29,2 4,2 16,7	4,1 22,7 31,0 5,2 14,4	2,5 34,1 29,0 5,0 11,4	5,7 32,9 37,2 4,3 15,7	100 100 100 100 100	5,1 26,3 40,8 8,2 10,0	5,0 27,8 41,3 9,4 8,6	4,4 27,9 29,8 4,6 13,4
P70168 A0A1B0GSX0 P48678 P08249 P11247	Kpnb1 Ldha Lmna Mdh2 Mpo	Importin subunit beta-1 L-lactate dehydrogenase Prelamin-A/C Malate dehydrogenase, mitochondrial Myeloperoxidase	97,1 39,7 74,2 35,6 81,1	4,78 8,35 6,98 8,68 9,55	5,05,01,02,019,214,09,19,02,03,0	5,4 8,1 10,8 11,7 2 20,7 19,7 2 12,6 9,9 2 4,5 6,3	4,53,310,010,025,720,110,08,96,710,0	7,0 10,0 17,0 8,0 8,0	4,9 6,8 15,6 6,8 13,6	3,9     2       9,8     9       13,7     1       10,8     8       25,4     2	4,94,19,711,2.2,610,28,84,1.0,44,1	2,1 13,4 11,3 2,1 3,1	2,2 2,2 2,2 5,5 3,3	2,2 3,3 5,4 6,5 4,4	3,1 1,0 14,6 10,4 15,6	4,1 5,2 9,3 11,4 17,5	6,3 6,3 3,8 8,8 1,3	2,9 4,3 4,3 8,6 5,7	100 100 100 100 100	5,2 7,6 19,9 9,9 5,4	4,5 10,2 13,4 6,7 12,4	3,5 3,7 6,6 8,5 8,0
P26041 P00405 Q8VDD5 Q3THE2 A0A1W2P6F6	Msn Mtco2 Myh9 Myl12b Myl6	Moesin Cytochrome c oxidase subunit 2 Myosin-9 Myosin regulatory light chain 12B Myosin light polypeptide 6	67,7 26 226,2 19,8 17	6,6 4,73 5,66 4,84 4,5	2,04,04,07,060,661,15,06,09,110,0	3,6 3,6 6,3 7,2 62,0 58,3 5,4 5,4 1 12,6 10,8	4,53,38,98,946,955,812,311,211,211,2	10,0 8,0 61,0 5,0 16,0	12,7 7,8 57,4 5,8 14,6	6,8 6 9,8 6 57,7 5 8,8 6 12,7 1	6,8       15,3         6,8       4,1         18,3       38,7         6,8       6,1         .2,6       7,1	15,5 7,2 30,9 6,2 8,3	24,2 8,8 51,8 6,6 7,7	22,8 10,9 49,0 5,4 8,7	2,1 5,2 50,0 7,3 8,3	2,1 7,2 47,5 7,2 10,3	27,7 11,4 34,1 6,3 13,9	21,4 12,9 38,6 11,4 5,7	100 100 100 100 100	3,5 7,1 57,4 7,5 10,8	11,2 7,3 50,7 6,5 11,9	16,7 9,4 45,1 7,4 9,1
P09405 O08692 P09103 P27773 Q3TML0	Ncl Ngp P4hb Pdia3 Pdia6	Nucleolin Neutrophilic granule protein Protein disulfide-isomerase Protein disulfide-isomerase A3 Protein disulfide-isomerase A6	76,7 19,3 57 56,6 48,7	4,75 5,31 4,88 6,21 5,19	14,112,08,110,06,16,014,19,011,15,0	9,9 9,0 1 9,9 8,1 5,4 5,4 18,0 17,0 1 9,9 8,1	16,713,48,98,95,65,619,020,18,96,7	12,0 6,0 7,0 16,0 12,0	16,5 8,8 8,8 18,5 13,6	15,6       1         15,6       1         6,8       6         17,6       1         7,8       6	.5,6       14,3         .5,6       5,1         6,8       9,2         .2,6       9,2         6,8       8,2	15,5 7,2 11,3 14,4 12,4	2,2 4,4 9,9 16,5 13,2	3,3 4,4 5,4 17,4 17,4	8,3 11,5 2,1 13,6 5,2	9,3 9,3 3,1 11,4 4,1	5,0 5,0 8,8 25,2 13,9	5,7 5,7 8,6 21,4 8,6	100 100 100 100 100	12,5 9,0 5,7 16,2 8,3	14,9 9,7 8,3 14,7 10,1	5,6 6,7 6,3 17,6 10,4
P62962 Q9DBJ1 P09411 P67778 P52480	Pfn1 Pgam1 Pgk1 Phb Pkm	Profilin-1 Phosphoglycerate mutase 1 Phosphoglycerate kinase 1 Prohibitin Pyruvate kinase PKM	14,9 28,8 44,5 29,8 57,8	8,28 7,18 7,9 5,76 7,47	12,114,06,19,021,224,01,02,074,778,1	7,2       7,2         9,0       7,2         20,7       18,8         2,7       2,7         45,8       60,1	8,98,910,012,325,723,43,34,543,551,3	9,0 10,0 20,0 4,0 72,0	10,7 10,7 17,5 3,9 60,3	12,7       1         3,9       5         17,6       1         5,9       5         53,8       5	.1,7       10,2         5,8       11,2         .9,4       12,2         5,8       2,0         .6,4       37,7	10,3 6,2 11,3 2,1 37,1	22,0 3,3 8,8 1,1 35,3	21,8 3,3 7,6 2,2 38,1	6,3 2,1 11,5 2,1 78,2	7,2 4,1 14,4 1,0 81,5	13,9 5,0 11,4 2,5 29,0	20,0 5,7 5,7 4,3 28,6	100 100 100 100 100	9,7 8,9 22,3 2,7 58,9	10,8 8,0 16,4 3,9 52,9	15,2 3,9 9,9 2,2 48,4
Q62009 P17742 P35700 P99029 P17225	Postn Ppia Prdx1 Prdx5 Ptbp1	Periostin Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase A Peroxiredoxin-1 Thioredoxin-dependent peroxiredoxin Polypyrimidine tract-binding protein 1	93,1 18 22,2 21,9 56,4	7,53 7,9 8,12 9,25 8,34	8,17,015,118,021,219,04,06,05,06,0	9,0 9,9 16,2 13,4 1 12,6 13,4 1 5,4 6,3 1,8 1,8	2,22,215,619,011,213,43,31,12,22,2	10,0 15,0 16,0 7,0 7,0	11,7 17,5 18,5 8,8 5,8	6,8     5       15,6     1       19,6     2       2,9     2       5,9     5	5,811,2.6,510,2.0,410,24,94,15,86,1	9,3 10,3 10,3 5,2 7,2	19,8 15,4 13,2 19,8 5,5	20,7 14,1 15,2 14,1 4,4	17,7 13,6 15,6 8,3 4,2	15,5 14,4 13,4 7,2 4,1	11,4 16,4 12,6 18,9 3,8	10,0 20,0 11,4 17,1 2,9	100 100 100 100 100	6,4 16,2 15,1 4,4 3,2	9,1 14,2 15,8 5,5 6,3	15,8 15,7 13,6 14,3 4,1
P61027 Q8BG13 P47963 A0A1B0GQU8 Q8BP67	Rab10 Rbm3 Rpl13 Rpl18 Rpl24	Ras-related protein Rab-10 RNA-binding protein 3 60S ribosomal protein L13 60S ribosomal protein L18 60S ribosomal protein L24	22,5 16,8 24,3 18,1 17,8	8,38 8,38 11,55 11,91 11,25	1,0 1,0 7,1 7,0 11,1 12,0 5,0 4,0 2,0 3,0	1,8 1,8 4,5 4,5 9,0 7,2 4,5 6,3 1,8 2,7	2,2 2,2 7,8 8,9 8,9 11,2 5,6 7,8 4,5 4,5	2,0 6,0 11,0 4,0 2,0	2,9 9,7 10,7 6,8 3,9	2,0 2 6,8 8 10,8 8 3,9 3 5,9 5	2,9     3,1       8,8     6,1       8,8     7,1       3,9     6,1       5,8     4,1	3,1 2,1 8,3 5,2 4,1	1,1 2,2 9,9 2,2 2,2	2,2 2,2 7,6 2,2 2,2	2,1 5,2 8,3 4,2 2,1	2,1 6,2 10,3 4,1 3,1	5,0 2,5 5,0 2,5 2,5	2,9 4,3 5,7 2,9 2,9	100 100 100 100 100	1,7 6,6 9,9 5,5 3,1	2,7 6,6 9,4 5,0 4,3	2,6 3,8 7,8 3,0 2,5
P14115 Q9D8E6 P14148 P14869 P47955	Rpl27a Rpl4 Rpl7 Rplp0 Rplp1	60S ribosomal protein L27a 60S ribosomal protein L4 60S ribosomal protein L7 60S acidic ribosomal protein P0 60S acidic ribosomal protein P1	16,6 47,1 31,4 34,2 11,5	11,12 11 10,89 6,25 4,32	1,02,08,17,010,19,02,05,05,06,0	0,9 0,9 6,3 4,5 6,3 7,2 0,9 1,8 3,6 3,6	2,23,36,72,28,97,82,22,25,64,5	2,0 8,0 6,0 6,0 6,0	2,9 4,9 5,8 4,9 5,8	1,0 1 5,9 4 6,8 8 5,9 5 4,9 4	1,94,14,92,08,85,15,86,14,94,1	4,1 2,1 4,1 5,2 4,1	1,1 2,2 3,3 2,2 4,4	2,2 4,4 2,2 2,2 4,4	2,1 1,0 4,2 2,1 4,2	1,0 5,2 5,2 2,1 4,1	2,5 2,5 2,5 2,5 5,0	2,9 2,9 5,7 2,9 5,7	100 100 100 100 100	1,7 5,8 8,2 2,4 4,7	2,7 4,6 6,1 5,6 5,0	2,0 3,0 3,8 2,3 4,6
Q91YQ5 Q9DBG6 P14131 S4R1N6 G3UYV7	Rpn1 Rpn2 Rps16 Rps18 Rps28	Dolichyl-diphosphooligosaccharideprotein glycosyltransferase subunit 1 Dolichyl-diphosphooligosaccharideprotein glycosyltransferase subunit 2 40S ribosomal protein S16 40S ribosomal protein S18 40S ribosomal protein S28 (Fragment)	68,5 69 16,4 12,5 6,3	6,46 5,81 10,21 10,13 9,96	5,02,06,14,05,07,02,02,04,04,0	2,7 4,5 6,3 8,1 2,7 3,6 2,7 2,7 3,6 4,5	2,22,26,74,54,54,52,23,35,65,6	3,0 8,0 2,0 2,0	3,9 10,7 8,8 3,9 2,9	6,8 6 7,8 7 8,8 6 2,0 1 3,9 3	6,82,07,87,16,87,11,94,13,94,1	1,0 5,2 8,3 3,1 4,1	3,3 7,7 5,5 1,1 2,2	5,4 6,5 5,4 2,2 2,2	4,2 5,2 4,2 3,1 4,2	4,1 5,2 4,1 4,1 6,2	3,8 6,3 6,3 2,5 5,0	2,9 5,7 7,1 1,4 2,9	100 100 100 100 100	3,1 5,9 4,5 2,5 4,5	3,9 7,8 8,0 2,8 3,5	3,9 6,1 5,4 2,4 3,8
P62082 P14206 P50543 P31725 P07758	Rps7 Rpsa S100a11 S100a9 Serpina1a	40S ribosomal protein S7 40S ribosomal protein SA Protein S100-A11 Protein S100-A9 Alpha-1-antitrypsin 1-1	22,1 32,8 11,1 13 46	10,1 4,87 5,45 7,17 5,72	11,111,05,08,05,06,016,215,02,02,0	2,7 4,5 9,0 9,9 3 3,6 5,4 10,8 9,9 9,9 5,4	2,25,611,211,24,53,38,98,97,85,6	10,0 11,0 8,0 9,0 4,0	10,7 9,7 7,8 9,7 3,9	7,8 9 9,8 7 5,9 7 18,6 1 2,0 3	9,710,27,87,17,86,1.8,510,23,96,1	8,3 4,1 5,2 9,3 5,2	6,6 4,4 4,4 13,2 6,6	4,4 5,4 4,4 12,0 8,7	2,1 6,3 4,2 11,5 4,2	4,1 8,3 4,1 13,4 4,1	8,8 7,6 5,0 12,6 5,0	4,3 5,7 4,3 8,6 8,6	100 100 100 100 100	6,2 9,0 4,6 11,6 5,4	9,5 8,3 6,8 12,5 4,2	5,0 6,3 4,4 11,9 6,2
P19324 E9Q4F4 P08228 Q9WVA4 Q9R233	Serpinh1 Snrpe Sod1 Tagln2 Tapbp	Serpin H1 Small nuclear ribonucleoprotein E Superoxide dismutase [Cu-Zn] Transgelin-2 Tapasin	46,5 10,9 15,9 22,4 49,7	8,82 8,48 6,51 8,24 8,5	2,04,01,02,03,05,017,217,07,19,0	5,4 1,8 0,9 1,8 5,4 4,5 19,8 18,8 1 2,7 2,7	4,52,21,12,26,77,817,915,65,65,6	17,0 3,0 3,0 21,0 7,0	17,5 2,9 4,9 21,4 8,8	11,7       1         2,9       2         3,9       3         18,6       2         7,8       9	.6,519,42,92,03,92,02,419,49,72,0	23,7 3,1 2,1 18,6 2,1	22,0 2,2 4,4 17,6 4,4	22,8 2,2 5,4 16,3 6,5	5,2 1,0 6,3 13,6 2,1	3,1 1,0 4,1 16,5 2,1	17,7 2,5 7,6 15,1 5,0	21,4 1,4 5,7 17,1 4,3	100 100 100 100 100	3,3 1,5 5,4 17,7 5,4	17,6 2,8 3,3 20,2 6,2	15,4 1,7 5,6 16,0 4,1
Q92111 P40142 P26039 P17751 Q8BSH3	Tf Tkt Tln1 Tpi1 Tpm1	Serotransferrin Transketolase Talin-1 Triosephosphate isomerase Tropomyosin alpha-1 chain	76,7 67,6 269,7 26,7 32,7	7,18 7,5 6,18 7,3 4,77	6,17,013,112,017,219,07,111,08,16,0	9,0 11,7 1 9,9 9,0 26,9 17,9 1 7,2 6,3 6,3 4,5	19,014,56,78,914,515,68,911,28,97,8	4,0 15,0 20,0 13,0 7,0	5,8 11,7 21,4 13,6 6,8	5,9     6       7,8     1       14,7     1       10,8     8       7,8     7	6,88,2.2,66,1.4,613,38,811,27,88,2	12,4 7,2 13,4 10,3 7,2	17,6 15,4 51,8 2,2 5,5	15,2 15,2 41,3 5,4 6,5	11,5 6,3 20,8 3,1 27,1	8,3 6,2 17,5 2,1 31,0	17,7 11,4 24,0 3,8 2,5	17,1 8,6 17,1 1,4 5,7	100 100 100 100 100	11,2 9,9 18,5 8,6 6,9	7,2 10,1 16,2 11,3 7,5	14,6 10,5 28,8 3,0 13,1
P58774 E9Q7Q3 D3Z2H9 Q6IRU2 P68369	Tpm2 Tpm3 Tpm3-rs7 Tpm4 Tuba1a	Tropomyosin beta chain Tropomyosin alpha-3 chain Tropomyosin 3, related sequence 7 Tropomyosin alpha-4 chain Tubulin alpha-1A chain	32,8 33,3 29 28,5 50,1	4,7 4,79 4,81 4,68 5,06	8,16,018,214,015,111,04,03,038,433,1	4,5 3,6 10,8 8,1 3 8,1 5,4 3 6,3 4,5 33,2 34,1 3	8,97,812,312,311,210,02,21,130,129,0	7,0 16,0 15,0 4,0 31,0	6,8 14,6 11,7 2,9 27,3	7,8     7       12,7     1       11,7     1       2,0     1       36,2     3	7,8     8,2       .2,6     6,1       .0,7     6,1       1,9     2,0       .6,0     31,6	8,3 5,2 4,1 3,1 29,9	5,5 8,8 8,8 4,4 33,1	6,5 10,9 10,9 5,4 33,7	30,2 34,4 30,2 6,3 26,1	29,9 34,1 29,9 6,2 26,8	2,5 5,0 5,0 2,5 31,5	5,7 11,4 8,6 1,4 28,6	100 100 100 100 100	6,5 12,6 10,1 3,5 33,0	7,6 11,2 9,9 2,7 32,0	13,4 17,4 15,6 4,4 30,0
A0A0A0MQA5 Q7TMM9 Q9ERD7 P68372 P99024	Tuba4a Tubb2a Tubb3 Tubb4b Tubb5	Tubulin alpha chain (Fragment) Tubulin beta-2A chain Tubulin beta-3 chain Tubulin beta-4B chain Tubulin beta-5 chain	52,9 49,9 50,4 49,8 49,6	5,19 4,89 4,93 4,89 4,89	28,3 26,0 49,5 52,1 38,4 40,1 65,6 66,1 67,7 67,1	30,5       29,6       3         43,1       39,4       3         35,0       35,0       4         54,8       54,7       6         54,8       54,7       6	36,8       33,5         55,8       48,0         43,5       35,7         65,9       58,0         64,8       60,3	27,0 57,0 45,0 68,0 72,0	21,4 63,3 49,6 73,0 74,9	33,3       3         61,6       6         43,0       4         70,4       7         73,3       7	32,1       22,4         50,3       56,1         47,6       43,8         72,9       66,3         71,0       66,3	20,6 50,5 40,2 56,7 57,8	27,5 52,9 39,7 56,2 65,0	27,2 50,0 38,1 55,5 67,5	18,8 39,6 34,4 48,0 52,1	19,6 40,2 35,1 49,5 53,7	22,7 50,5 37,8 55,5 64,3	21,4 60,0 44,3 68,6 75,7	100 100 100 100 100	30,8 48,0 37,9 60,9 61,5	26,1 58,1 44,9 67,9 69,2	22,9 48,9 38,2 55,5 63,0
Q922F4 Q02053 E9Q5F6 Q01853 P20152	Tubb6 Uba1 Ubc Vcp Vim	Tubulin beta-6 chain Ubiquitin-like modifier-activating enzyme 1 Polyubiquitin-C (Fragment) Transitional endoplasmic reticulum ATPase Vimentin	50,1 117,7 22,6 89,3 53,7	4,89 5,66 7,4 5,26 5,12	28,3 33,1 6,1 3,0 6,1 5,0 15,1 16,0 227,2 217,3	26,9 26,0 3 8,1 7,2 5 12,6 12,6 19,8 19,7 5 141,0 156,9 1	38,0         30,1           10,0         8,9           7,8         6,7           10,0         15,6           150,7         160,7	39,0 12,0 5,0 18,0 211,1	41,9 12,7 5,8 20,4 184,9	33,3       4         2,0       2         5,9       2         10,8       2         152,6       16	10,8         34,7           2,9         2,0           2,9         3,1           10,4         15,3           65,3         119,3	33,0 4,1 3,1 16,5 117,6	26,4 7,7 4,4 19,8 193,9	25,0 4,4 5,4 19,6 191,5	20,8 6,3 6,3 12,5 154,3	21,7 8,3 7,2 10,3 155,8	26,5 1,3 5,0 18,9 172,8	35,7 7,1 4,3 20,0 152,9	100 100 100 100 100	30,4 7,2 8,5 16,1 175,6	37,1 5,9 4,3 16,9 158,5 1	26,0 5,8 5,4 16,9 170,2
P62259 P61982 P68510 P68254 P69101	Ywhae Ywhag Ywhah Ywhaq Ywhaq Ywhaq	14-3-3 protein epsilon 14-3-3 protein gamma 14-3-3 protein eta 14-3-3 protein theta 14-3-3 protein zeta/delta	20,1 29,2 28,3 28,2 27,8	4,83 4,74 4,89 4,89 4,78		10,8         11,7       9,0         12,6       9,0         9,0       9,9         11,7       8,1         21,6	7,8         6,7       7,8         11,2       10,0         11,2       10,0         8,9       7,8         16 7	7,0 9,0 8,0 7,0 5,0	0,8 8,8 6,8 5,8 7,8	5,5 3 3,9 3 4,9 3 3,9 3 4,9 3 4,9 3	10,23,915,33,912,23,910,23,910,23,63,6	12,4 15,5 10,3 11,3 10,3	7,7 5,5 9,9 4,4 3,3	12,0 7,6 14,1 8,7 6,5	14,6 11,5 15,6 9,4 12,5	9,3 9,3 11,4 6,2 8,3	+1,4 8,8 11,4 13,9 6,3	5,7 5,7 8,6 5,7	100 100 100 100 100	10,6 8,2 12,0 9,5 8,3 20,5	9,4 9,4 7,7 7,0 7,0 10 2	8,1 11,4 8,5 7,1 15 °
P08030 O08553 E9PV24 Q61598 P15964	Aprt Dpysl2 Fga Gdi2 H1-2	Adenine phosphoribosyltransferase Dihydropyrimidinase-related protein 2 Fibrinogen alpha chain Rab GDP dissociation inhibitor beta Histone H1.2	-,,8 19,7 62,2 87,4 50,5 21 <sup>-</sup>	+,/9 6,79 6,38 6,11 6,25	,2         22,0           10,1         11,0           4,0         5,0           3,0         6,0           7,1         6,0           6         1	,0 18,8 1 4,5 9,9 1 3,6 2,7 29,6 26,0 1 7,2 6,3	16,7 12,3 15,6 4,5 3,3 34,6 34,6 2,2 3,3 10 0	24,0 9,0 5,0 17,0 10,0	20,4 11,7 5,8 20,4 6,8 2 0	, / 1 10,8 1 5,9 2 11,7 1 7,8 9 6 9	23,4.1,710,22,94,1.2,610,29,710,23,9	21,7 10,3 4,1 9,3 10,3	13,2 2,2 8,8 7,7 12,1	10,3 1,1 8,7 8,7 14,1	⊥0,8 8,3 6,3 8,3 6,3 4 7	3,4 6,2 6,2 7,2 7,2 2,2	20,2 3,8 3,8 10,1 15,1	2,9 5,7 5,7 10,0 10,0	100 100 100 100 100	20,0 10,6 3,9 22,3 5,4 8 2	2,3 10,6 4,6 13,6 9,1 4 1	,3 4,6 6,6 8,7 10,8 3 2
P43274 Q8BMS1 Q9EQK5 Q99P72 Q8K2P <sup>2</sup>	H1-4 Hadha Mvp Rtn4 Sdha	Histone H1.4 Trifunctional enzyme subunit alpha, mitochondrial Major vault protein Reticulon-4 Succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit mitochondrial	22 82,6 96,8 126,5 72 <sup>-</sup>	11,11 9,14 5,64 4,54 7 27	6,04,04,02,02,03,05,05,0	9,0 6,3 6,3 3,6 3,6 3,6 1,8 4,5 5,4 2,7 2	8,9         8,9           2,2         3,3           2,2         3,3           6,7         7,8           1,1         -	4,0 8,0 5,0 4,0 3 0	3,9 5,8 5,8 3,9 1 °	5,9 3 4,9 3 6,8 7 2,0 2 2,9	3,1         3,9       1,0         3,9       7,1         7,8       4,1         2,9       2,0         1,0       1,0	3,1 1,0 6,2 2,1 2,1	-,2 4,4 11,0 3,3 3,3 4	2,2 9,8 1,1 2,2 3 2	4,2 1,0 2,1 5,2 2 1	4,1 1,0 4,1 6,2 2 1	2,5 16,4 2,5 1,3 5.0	,5 8,6 12,9 2,9 5,7 2,9	100 100 100 100 100	6,4 3,1 2,7 5,7 2,3	3,3 6,0 5,3 2,8 2,5	4,3 8,7 2,7 4,0 3,3
Q9JI91 P509999 P01025	Hnrnpa2b1 Krt6a Actn2 Arpc4 C3	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein Subunit, mitochondrial Keratin, type II cytoskeletal 6A Alpha-actinin-2 Actin-related protein 2/3 complex subunit 4 Complement C3	,∠,5 37,4 59,3 103,8 19,7 120	7,37 8,95 7,94 5,45 8,43	-, J 2,0 7,1 6,0 3,0 1,0 2,0 1,0 3,0 2,0 2 0	2,7 3,6 5,4 6,3 3,6 0,9 2,7 2,7 0,0 2,7	2,2       8,9     4,5       2,2     2,2       2,2     2,2       6,7     6,7       8,9     8,9	3,0 12,0 1,0 2,0 6,0 7	1,9 9,7 1,9 1,9 3,9	-, -, -, -, -, -, -, -, -, -, -, -, -, -	3,1       7,8     6,1       2,9     12,2       1,9     9,2       5,8     6,1       5,8     6,1	3,1 6,2 11,3 7,2 6,2	4,4 1,1 2,2 2,2 8,8	3,3 1,1 2,2 2,2 8,7	2,1 4,2 2,1 0,0 4,2	2,1 6,2 1,0 1,0 2,1 6 2	2,5 2,5 2,5 7,6 12 5	2,9 7,1 2,9 1,4 11,4	100 100 100 94 94	2,3 6,4 2,2 2,1 3,5 7 2	-,-3 8,6 5,2 4,0 5,5 7 9	,5 3,7 2,1 1,6 7,1 8 0
Q99LB4 P80314 Q52KG9 P42932 Q35744	Capg Cct2 Cct6a Cct8 Chil3	Macrophage-capping protein T-complex protein 1 subunit beta Chaperonin containing Tcp1, subunit 6a (Zeta) T-complex protein 1 subunit theta Chitinase-like protein 3	38,7 57,4 58 59,5 44	5,73 6,95 6,4 6,9 5,62	.,     0,0       8,1     8,0       15,1     14,0       3,0     4,0       7,1     11,0       4 0	- ·,→ 13,4 7,2 7,2 9,9 13,4 1,8 5,4 7,2 9,0 5 4	, -4,58,96,78,98,92,22,28,97,84.5	2,0 8,0 15,0 3,0 8,0	1,9 9,7 14,6 4,9 4,9 1 C	7,8 7 16,6 1 3,9 4 6,8 4 7 8	15,3         7,8       10,2         .5,6       8,2         4,9       3,1         4,9       5,1         8,8	14,4 10,3 7,2 2,1 4,1	,,/ 4,4 4,4 1,1 1,1	5,8 5,4 4,4 1,1 1,1	,,3 8,3 12,5 6,3 10,4	3,2 10,3 16,5 4,1 9,3 3 1	,9 0,0 2,5 1,3 1,3 2 5	-, <del>3</del> 7,1 0,0 0,0 0,0	94 94 94 94 94	7,7 11,7 3,1 8,5 4 2	,,,, 9,0 12,9 3,6 5,6 3 8	5,9 6,7 2,3 3,9 2.2
Q9CZU6 Q9JHU4 Q80T06 P19096 Q61425	Cs Dync1h1 Eef1d Fasn Hadh	Citrate synthase, mitochondrial Cytoplasmic dynein 1 heavy chain 1 Elongation factor 1-delta Fatty acid synthase Hydroxyacyl-coenzyme A dehydrogenase mitochondrial	51,7 531,7 31,3 272,3 34	5,69 8,57 6,42 5,06 6,58 8 5	,4,02,02,07,17,06,16,08,110,02.0	.,	4,5 1,1 1,1 4,5 0,0 4,5 5,6 1,1 0,0 2,2	2,0 3,0 8,0 6,0 7,0	2,9 8,8 5,8 8,8 1 0	, 5 8 4,9 3 6,8 5 5,9 5 6,8 6 2,0	0,0 3,9 4,1 5,8 8,2 5,8 2,0 6,8 10,2 1,9	2,1 5,2 7,2 0,0 8,3	1,1 3,3 11,0 4,4 67,2	2,2 6,5 2,2 63,1	0,0 6,3 4,2 5,2	5,1 1,0 8,3 5,2 8,3 2 1	2,5 7,6 2,5 39,1	-,+ 1,4 4,3 2,9 37,2 5 7	94 94 94 94 94 94	.,5 1,6 5,2 4,9 4,4 1 7	,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,	1,7 7,3 3,5 36,7 3,6
P70333 P61979 B8JK33 P63038 Q61222	Hnrnph2 Hnrnpk Hnrnpm Hspd1 Lcp1	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein H2 Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein K Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein M 60 kDa heat shock protein, mitochondrial Plastin-2	49,2 50,9 68,1 60,9 70 1	5,05 6,3 5,54 8,32 6,18 5,22	0,02,02,08,19,011,110,032,334,12,0-	,     1,8       2,7     1,8       13,5     16,1       7,2     6,3       33,2     26,0       5,4     2	2,2 3,3 2,2 7,8 8,9 14,5 12,3 12,3 12,3 3,3	2,0 20,0 9,0 32,0 4 0	-, <i>3</i> 1,9 11,7 11,7 30,2 5 8	3,9     2       9,8     1       6,8     8       32,3     3       0,0     3	2,0 2,9 2,0 1,7 6,1 8,8 1,0 36,0 9,2 1,0	1,0 2,1 6,2 1,0 13,4	1,1 1,1 2,2 3,3 12,1 34	2,3 0,0 3,3 2,2 6,5 37 0	,,2 2,1 8,3 11,5 34,4 2 1	_,1 1,0 8,3 13,4 25,8 3 1	2,5 0,0 0,0 2,5 31 5	2,9 2,9 5,7 0,0 24 <sup>2</sup>	94 94 94 94 94 94	2,3 10,6 10,2 25,0 2.9	2,5 10,9 6,4 25,5 3,3	1,6 4,2 6,0 13,6 22,0
D6RHS6 Q9DCD0 Q35129 Q9QXS1 P20919	Pebp1 Pgd Phb2 Plec Plg	Phosphatidylethanolamine-binding protein 1 6-phosphogluconate dehydrogenase, decarboxylating Prohibitin-2 Plectin Plasminogen	. ,1 14,8 53,2 33,3 533,9 90 7	5,33 5,08 7,23 9,83 5,96	.,	2,7 3,6 3,6 3,6 3,6 9,0 8,1 75,5 83,4 4.5	2,2       2,2     2,2       4,5     3,3       10,0     7,8       63,6     62,5       6,7     -	4,U 3,0 4,0 8,0 44,0	5,8 5,8 5,8 5,8 52,6 1 0	1,0 1 1,0 1 3,9 3 7,8 7 66,5 6 2,9	6,1 1,9 1,0 3,9 5,1 7,8 4,1 53,2 30,6 2,9	3,1 1,0 5,2 3,1 32,0	24,2 2,2 8,8 3,3 2,2 2,2	2,2 2,2 8,7 4,4 2,2 2 2	2,1 1,0 2,1 6,3 51,1 3 1	3,1 0,0 1,0 5,2 50,6 2 1	2,5 2,5 7,6 1,3 5,0 1 2	2,9 7,1 0,0 0,0 0,0	94 94 94 94 94 94	2,5 2,6 2,7 8,3 73,6 4 °	,3 2,3 4,3 6,1 48,1 1.6	1,8 5,9 3,4 18,5 1,8
. 20918 Q543K9 O35955 P68040 Q9CXW4 P6705	Pnp Psmb10 Rack1 Rpl11 Rnl22	Purine nucleoside phosphorylase Proteasome subunit beta type-10 Receptor of activated protein C kinase 1 60S ribosomal protein L11 60S ribosomal protein L22	90,7 32,2 29 35,1 20,2	6,6 6,16 6,87 7,69 9,6	→,U 4,0 1,0 1,0 3,0 3,0 7,1 8,0 4,0 2,0 2 0	+,5       4,5         0,9       4,5         4,5       3,6         4,5       1,8         1,8       1,8	5,7       5,6         4,5       1,1         2,2       4,5         6,7       6,7         2,2       2,2         2,2       2,2	1,0 6,0 2,0 8,0 3,0	1,0 2,9 1,9 8,8 3,9	2,9 2 3,9 1 1,0 ( 7,8 1 3,9 2	1,0       1,9     4,1       0,0     2,0       .0,7     5,1       4,9     1,0       1.9	1,0 3,1 2,1 4,1 2,1	2,2 3,3 6,6 1,1 2,2	2,2 4,4 5,4 0,0 2,2	3,1 0,0 7,3 3,1 2,1	2,1 2,1 7,2 2,1 2,1	1,3 8,8 7,6 1,3 0,0	0,0 8,6 7,1 1,4 2,9	94 94 94 94 94	4,9 2,2 3,5 5,8 2,3	1,0 3,7 1,5 7,4 3,1 1 C	4,5 6,9 1,5 1,9 1 5
P62918 P99027 P62908 Q6ZWN5 P62320	Rpl8 Rplp2 Rps3 Rps9 Snrpd2	60S ribosomal protein L8 60S acidic ribosomal protein P2 40S ribosomal protein S3 40S ribosomal protein S9 Small nuclear ribonucleoprotein Sm D3	-+,8 28 11,6 26,7 22,6 13 ^	9,19 11,03 4,54 9,66 10,65	.,     2,0       4,0     4,0       5,0     3,0       12,1     10,0       2,0     1,0       3.0	-, 3 1,8 1,8 1,8 2,7 2,7 9,0 6,3 1,8 4,5 1 8	,-2,22,22,22,22,26,77,84,53,31,1	2,0 2,0 10,0 2,0 5 0	1,9 1,9 1,9 11,7 2,9 5 °	2,0 1 2,0 1 2,0 1 12,7 1 3,9 5 2 9	1,0 1,9 2,0 1,9 2,0 3,6 5,1 5,8 2,0 3,9	1,0 2,1 2,1 3,1 3,1	1,1 2,2 2,2 0,0 1,1	2,2 2,2 2,2 1,1 0,0	2,1 2,1 2,1 3,1 2,1 2,1	2,1 2,1 0,0 5,2 1,0 2 1	3,0 2,5 1,3 1,3 1,3 2 5	2,4 0,0 1,4 2,9 2,9 2,9	94 94 94 94 94 94	2,0 2,7 3,0 8,7 2,9 1 °	2,0 2,0 9,4 3,3 4.0	1,8 1,5 2,2 1,4 1.8
P62320 P84104 Q8BL97 G3UZI2 P21981	Snrpd3 Srsf3 Srsf7 Syncrip Tgm2	Small nuclear ribonucleoprotein Sm D3 Serine/arginine-rich splicing factor 3 Serine/arginine-rich splicing factor 7 Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein Q Protein-glutamine gamma-glutamyltransferase 2	13,9 19,3 30,8 58,7 77	10,32 11,65 11,9 7,56 5,1	3,0       2,0         6,1       8,0         2,0       2,0         8,1       6,0         6,1       4,0	1,8 1,8 4,5 5,4 3,6 3,6 4,5 2,7 6,3 7,2	1,1 1,1 5,6 6,7 3,3 4,5 3,3 4,5 2,2 5,6	5,0 7,0 4,0 9,0 5,0	5,8 6,8 4,9 9,7 3,9	2,9 5,9 5 5,9 5 6,8 8 1,0 1	3,9     4,1       5,8     6,1       5,8     7,1       8,8     4,1       1,9     0,0	2,1 4,1 6,2 4,1 1,0	0,0 4,4 4,4 3,3 4,4	1,1 4,4 5,4 1,1 4,4	2,1 6,3 2,1 1,0 6,3	2,1 5,2 3,1 0,0 5,2	2,5 0,0 0,0 2,5 2,5	2,9 1,4 1,4 1,4 2,9	94 94 94 94 94	1,8 6,0 3,2 4,8 5,2	4,0 6,0 5,6 7,1 2,1	1,8 3,6 2,7 1,6 4,3
Q80YX1 E9PXX7 Q64727 Q99KC8 P35564	Tnc Txndc5 Vcl Vwa5a Canx	Tenascin Thioredoxin domain-containing protein 5 Vinculin von Willebrand factor A domain-containing protein 5A Calnexin	231,7 38,5 116,6 87,1 67,2	4,89 5,39 6 6,58 4,64	2,0       3,0         2,0       3,0         13,1       13,0         2,0       1,0         2,0       1,0	3,6 3,6 0,0 0,9 24,3 21,5 1 1,8 0,9 6,3 3,6	2,2       4,5         1,1       2,2         10,0       10,0         2,2       2,2         5,6       5,6	3,0 5,0 12,0 0,0 2,0	3,9 3,9 6,8 1,9 1,9	11,7     8       3,9     2       11,7     6       2,0     1       4,9     3	8,8     2,0       2,9     6,1       6,8     7,1       1,9     2,0       3,9     1,0	2,1 4,1 2,1 2,1	1,1 8,8 9,9 2,2 1,1	2,2 8,7 8,7 2,2 2,2	3,1 1,0 22,9 2,1 2,1	3,1 2,1 17,5 2,1 0,0	0,0 11,4 1,3 1,3 3,8	2,9 11,4 0,0 2,9 4,3	94 94 94 94 94	3,2 1,5 15,3 1,7 4,0	5,2 4,3 8,1 1,7 2,6	2,1 7,2 10,1 2,1 2,2
P47753 A0A0N4SVM0 Q8C166 Q61656 Q8BGD9	Capza1 Capza2 Cpne1 Ddx5 Eif4b	F-actin-capping protein subunit alpha-1 F-actin-capping protein subunit alpha (Fragment) Copine-1 Probable ATP-dependent RNA helicase DDX5 Eukaryotic translation initiation factor 4B	32,9 19,5 58,8 69,2 68,8	5,55 5,41 5,85 8,92 5,67	0,0         1,0           0,0         1,0           4,0         4,0           5,0         3,0           10,1         10,0	1,8       1,8         2,7       2,7         3,6       3,6         3,6       3,6         6,3       5,4	2,22,22,22,20,01,14,54,52,22,2	3,0 3,0 2,0 5,0 3,0	2,9 3,9 2,9 6,8 1,0	2,0 1 2,9 1 3,9 1 3,9 5 2,0 2	1,92,01,92,01,93,15,83,12,91,0	2,1 2,1 2,1 3,1 1,0	3,3 4,4 3,3 2,2 2,2	4,4 5,4 3,3 1,1 2,2	2,1 2,1 5,2 3,1 5,2	2,1 2,1 4,1 3,1 6,2	3,8 3,8 2,5 0,0 1,3	2,9 7,1 1,4 2,9 0,0	94 94 94 94 94	1,5 1,8 2,7 4,0 6,0	2,3 2,6 2,6 4,6 1,8	3,1 4,2 3,3 2,1 2,8
P70372 Q8K0E8 Q8BG05 B1AYJ9 Q60710	Elavl1 Fgb Hnrnpa3 Ola1 Samhd1	ELAV-like protein 1 Fibrinogen beta chain Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein A3 Obg-like ATPase 1 Deoxynucleoside triphosphate triphosphohydrolase SAMHD1	36,1 54,7 39,6 31,7 75,8	9,04 7,08 9,01 7,8 7,93	4,04,02,01,03,02,03,04,04,03,0	3,6 3,6 17,1 14,3 7 1,8 1,8 1,8 1,8 1,8 1,8	4,5     4,5       26,8     25,7       5,6     4,5       1,1     1,1       1,1     0,0	2,0 15,0 4,0 3,0 4,0	2,9 10,7 4,9 3,9 2,9	3,9     3       9,8     6       3,9     1       2,0     2       2,0     1	3,92,06,85,11,92,02,92,01,03,1	2,1 7,2 2,1 2,1 4,1	0,0 6,6 2,2 2,2 13,2	1,1 4,4 2,2 2,2 12,0	4,2 0,0 0,0 2,1 2,1	4,1 2,1 1,0 2,1 4,1	1,3 1,3 2,5 2,5 15,1	2,9 5,7 2,9 0,0 8,6	94 94 94 94 94	4,0 14,5 3,1 2,1 2,0	2,8 9,1 3,1 2,6 2,8	2,3 3,3 1,8 1,8 9,2
P97807 Q54218 Q01768 P62264 Q8BHN3	Fh Itgb2 Nme2 Rps14 Ganab	Fumarate hydratase, mitochondrial Integrin beta Nucleoside diphosphate kinase B 40S ribosomal protein S14 Neutral alpha-glucosidase AB	54,3 84,8 17,4 16,3 106,8	9,04 7,05 7,5 10,05 6,06	2,02,02,02,02,02,04,03,04,02,0	1,8 1,8 1,8 1,8 1,8 1,8 1,8 1,8 2,7 0,9	2,21,10,01,15,67,82,22,22,23,3	0,0 2,0 6,0 2,0 3,0	1,9 2,9 6,8 1,9 2,9	2,9 2 2,9 2 7,8 6 2,0 1 2,0 3	2,92,02,92,06,86,11,92,03,92,0	2,1 2,1 4,1 2,1 3,1	2,2 7,7 1,1 2,2 1,1	3,3 6,5 3,3 2,2 1,1	2,1 2,1 0,0 2,1 7,3	3,1 2,1 3,1 2,1 3,1	2,5 7,6 2,5 0,0 1,3	1,4 4,3 8,6 1,4 0,0	94 94 94 94 94	1,8 1,5 3,5 2,5 2,5	2,0 2,5 6,3 2,0 2,8	2,4 5,0 3,1 1,7 2,3
Q8QZT1 P0DP27 P08752 Q60668 B1B0C7	Acat1 Calm2 Gnai2 Hnrnpd Hspg2	Acetyl-CoA acetyltransferase, mitochondrial Calmodulin-2 Guanine nucleotide-binding protein G(i) subunit alpha-2 Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein D0 Basement membrane-specific heparan sulfate proteoglycan core protein	44,8 16,8 40,5 38,3 468,7	8,51 4,22 5,87 7,81 6,48	2,01,02,01,02,02,04,04,02,04,0	1,8 1,8 3,6 2,7 0,0 0,0 2,7 1,8 2,7 0,9	4,56,76,76,74,53,33,32,27,84,5	0,0 10,0 2,0 5,0 2,0	3,9 11,7 1,9 3,9 1,9	2,0     3       3,9     5       2,0     1       4,9     2       2,0     2	3,92,05,86,11,93,14,93,12,94,1	2,1 7,2 3,1 1,0 4,1	0,0 7,7 2,2 1,1 0,0	1,1 8,7 4,4 1,1 1,1	2,1 0,0 1,0 0,0 13,6	2,1 0,0 2,1 0,0 9,3	1,3 6,3 2,5 2,5 5,0	5,7 2,9 5,7 2,9 0,0	89 89 89 89 89 89	3,0 3,8 2,0 3,0 3,6	2,3 7,5 2,3 3,8 2,8	2,0 4,3 3,0 1,3 4,8
Q99K48 Q61937 P60335 Q9D051 Q61171	Nono Npm1 Pcbp1 Pdhb Prdx2	Non-POU domain-containing octamer-binding protein Nucleophosmin Poly(rC)-binding protein 1 Pyruvate dehydrogenase E1 component subunit beta, mitochondrial Peroxiredoxin-2	54,5 32,5 37,5 38,9 21,8	8,95 4,77 7,09 6,87 5,41	3,04,07,17,01,01,02,02,03,03,0	4,5 0,9 5,4 5,4 0,9 1,8 1,8 1,8 3,6 2,7	2,22,25,64,52,22,22,22,22,22,2	9,0 8,0 2,0 2,0 0,0	1,9 7,8 1,9 1,9 1,9	4,9 5 7,8 7 2,0 1 2,0 1 2,9 5	5,8       7,1         7,8       7,1         1,9       2,0         1,9       0,0         3,9       3,1	8,3 6,2 2,1 0,0 3,1	1,1 0,0 1,1 1,1 3,3	2,2 0,0 2,2 1,1 3,3	9,4 2,1 0,0 3,1 4,2	7,2 2,1 0,0 2,1 4,1	0,0 1,3 2,5 6,3 0,0	0,0 1,4 2,9 4,3 1,4	89 89 89 89 89	2,8 5,8 1,5 2,0 2,8	6,2 7,5 2,0 1,3 2,5	3,3 1,1 1,4 3,0 2,7
P51150 Q99JI6 P63028 Q99JY9 P47738	Rab7a Rap1b Tpt1 Actr3 Aldh2	Ras-related protein Rab-7a Ras-related protein Rap-1b Translationally-controlled tumor protein Actin-related protein 3 Aldehyde dehydrogenase, mitochondrial	23,5 20,8 19,5 47,3 56.5	6,7 5,78 4,86 5,88 7.62	1,0         2,0           4,0         3,0           4,0         2,0           5,0         1,0           2.0         0,0	0,0 1,8 1,8 1,8 3,6 3,6 0,9 1,8 0.9 0.0	6,7     4,5       0,0     0,0       4,5     4,5       4,5     4,5       3,3     1,1	7,0 2,0 6,0 4,0 2,0	6,8 2,9 3,9 7,8 2.9	8,8 7 2,0 1 2,9 2 3,9 5	7,8     7,1       1,9     2,0       2,9     5,1       5,8     8,2       3,9     4,1	8,3 2,1 3,1 9,3 4,1	5,5 5,5 0,0 14,3 11.0	4,4 6,5 1,1 10,9 7.6	1,0 1,0 3,1 0,0 2.1	0,0 1,0 4,1 0,0 1.0	5,0 5,0 2,5 12,6 12.6	7,1 4,3 0,0 14,3 15,7	89 89 89 89 89 89	2,7 1,8 3,7 2,9 1,2	7,6 2,2 4,0 6,5 3.8	3,8 3,9 1,8 8,7 8,3
Q9DB20 A0A0G2JG10 Q9D8N0 P10493 P60867	Atp5po Dhx15 Eef1g Nid1 Rps20	ATP synthase subunit O, mitochondrial Pre-mRNA-splicing factor ATP-dependent RNA helicase DHX15 Elongation factor 1-gamma Nidogen-1 40S ribosomal protein S20	23,3 68,5 50 136,5 13,4	9,99 6,8 6,74 5,44 9,94	1,0       1,0         2,0       3,0         5,0       3,0         2,0       2,0         3,0       3,0	4,5 2,7 4,5 2,7 4,5 4,5 1,8 0,9 2,7 1,8	2,2       3,3         1,1       2,2         3,3       4,5         2,2       2,2         2,2       3,3	2,0 3,0 7,0 0,0 4,0	1,9 3,9 4,9 0,0 3,9	4,9 3 2,9 1 4,9 1 3,9 2 2,9 2	3,9     1,0       1,9     3,1       1,9     2,0       2,9     3,1       2,9     2,0	0,0 2,1 3,1 2,1 2,1	3,3 2,2 3,3 1,1 1,1	3,3 0,0 2,2 1,1 0,0	0,0 1,0 2,1 2,1 1,0	1,0 2,1 4,1 3,1 0,0	5,0 2,5 0,0 1,3 1,3	1,4 0,0 0,0 2,9 1,4	89 89 89 89 89 89	2,5 2,6 4,1 1,9 2,7	2,3 2,8 4,0 2,0 3,0	2,3 1,3 1,9 1,9 0,8
O88456 Q9JIF7 P24369 P62192 P62830	Capns1 Copb1 Ppib Psmc1 Rpl23	Calpain small subunit 1 Coatomer subunit beta Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase B 26S proteasome regulatory subunit 4 60S ribosomal protein L23	28,4 107 23,7 49,2 14,9	5,63 6 9,55 6,21 10,51	2,0 3,0 4,0 5,0 3,0 3,0 3,0 2,0 1,0 2,0	3,6 2,7 4,5 0,9 1,8 1,8 1,8 1,8 1,8 1,8	2,23,30,03,37,85,60,02,22,22,2	4,0 3,0 4,0 3,0 2,0	1,9 2,9 4,9 3,9 1,9	1,0 0 2,0 1 6,8 5 2,0 1 2,0 1	0,0 0,0 1,9 3,1 5,8 5,1 1,0 2,0 1,9 2,0	2,1 2,1 5,2 2,1 2,1	2,2 4,4 3,3 1,1 2,2	2,2 4,4 3,3 1,1 2,2	2,1 2,1 0,0 1,0 0,0	4,1 0,0 0,0 1,0 0,0	2,5 2,5 5,0 2,5 2,5	1,4 2,9 8,6 0,0 1,4	89 89 89 89 89	2,8 3,0 3,8 1,8 1,8	1,5 2,5 5,3 2,3 2,0	2,4 2,7 3,4 1,1 1,4
Q923D2 A0A494BBA8 Q61599 P80315 A0A0A6YVP0	Blvrb Fau Arhgdib Cct4 Ighg2b	Flavin reductase (NADPH) 40S ribosomal protein S30 Rho GDP-dissociation inhibitor 2 T-complex protein 1 subunit delta Immunoglobulin heavy constant gamma 2B (Fragment)	22,2 10,9 22,8 58 44,3	7,01 11,56 5,11 8,02 6,52	1,01,01,01,02,01,05,04,02,01,0	1,8 1,8 0,9 0,9 1,8 0,9 7,2 3,6 0,0 0,0	2,22,22,22,20,00,02,21,11,10,0	1,0 2,0 2,0 3,0 3,0	1,0 1,0 1,9 1,9 4,9	0,0 0 2,0 1 0,0 1 2,0 1 5,9 4	0,01,01,92,01,02,01,90,04,94,1	2,1 2,1 1,0 4,1	2,2 1,1 4,4 2,2 11,0	2,2 1,1 3,3 0,0 12,0	2,1 0,0 2,1 2,1 3,1	2,1 0,0 2,1 3,1 4,1	2,5 2,5 2,5 1,3 11,4	2,9 1,4 5,7 0,0 11,4	89 89 83 83 83	1,7 1,4 1,0 3,9 0,7	0,8 1,8 1,5 1,6 4,5	2,3 1,0 3,3 1,4 8,8
Q3U0V1 A0A2R8VHF9 P14685 Q9CQM8 P63325	Khsrp Myh11 Psmd3 Rpl21 Rps10	Far upstream element-binding protein 2 Myosin-11 26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 3 60S ribosomal protein L21 40S ribosomal protein S10	76,7 223,2 60,7 18,6 18,9	7,33 5,5 8,44 10,49 10,15	3,0       4,0         2,0       2,0         2,0       5,0         6,1       6,0         2,0       1,0	2,7 3,6 3,6 4,5 0,0 1,8 2,7 0,9 1,8 3,6	2,2       2,2         0,0       2,2         1,1       2,2         0,0       0,0         2,2       0,0	2,0 5,0 4,0 3,0 8,0	1,9 3,9 3,9 2,9 5,8	2,0 1 5,9 6 2,0 1 2,9 2 2,0 3	1,90,06,85,11,92,02,91,03,94,1	0,0 4,1 2,1 1,0 3,1	2,2 7,7 3,3 2,2 2,2	2,2 7,6 3,3 1,1 2,2	3,1 3,1 0,0 5,2 0,0	4,1 3,1 2,1 4,1 0,0	2,5 0,0 2,5 1,3 2,5	0,0 0,0 0,0 0,0 2,9	83 83 83 83 83 83	3,0 2,4 2,0 2,6 1,8	1,3 5,1 2,6 2,3 4,5	2,4 3,6 1,9 2,3 1,6
Q9CZX8 Q8VIJ6 P62315 P05202 P13020	Rps19 Sfpq Snrpd1 Got2 Gsn	40S ribosomal protein S19 Splicing factor, proline- and glutamine-rich Small nuclear ribonucleoprotein Sm D1 Aspartate aminotransferase, mitochondrial Gelsolin	16,1 75,4 13,3 47,4 85,9	10,4 9,44 11,56 9 6,18	3,03,05,05,07,16,00,01,03,03,0	6,3 3,6 3,6 1,8 2,7 3,6 5,4 3,6 7,2 7,2	3,31,11,12,20,00,03,34,56,76,7	4,0 7,0 5,0 2,0 4,0	1,0 8,8 4,9 1,9 3,9	3,9 5 4,9 5 3,9 2 2,0 1 6,8 7	3,92,05,81,02,95,11,90,07,80,0	3,1 2,1 6,2 1,0 1,0	1,1 0,0 4,4 2,2 1,1	0,0 3,3 4,4 2,2 1,1	2,1 6,3 4,2 2,1 2,1	2,1 4,1 4,1 0,0 2,1	0,0 0,0 1,3 2,5 0,0	0,0 0,0 0,0 2,9 0,0	83 83 83 83 83 83	3,4 3,1 3,2 3,0 5,6	3,0 4,9 4,7 1,5 3,9	0,9 2,3 3,1 2,0 1,1
P62334 P97372 P62751 P47911 A2AVI7	Psmc6 Psme2 Rpl23a Rpl6 Rrbp1	26S proteasome regulatory subunit 10B Proteasome activator complex subunit 2 60S ribosomal protein L23a 60S ribosomal protein L6 Ribosome-binding protein 1	44,1 27 17,7 33,5 158,3	7,49 5,76 10,45 10,7 9,19	1,0         3,0           5,0         5,0           2,0         2,0           7,1         7,0           2,0         2,0	5,4 1,8 2,7 3,6 1,8 1,8 3,6 3,6 1.8 1.8	1,1       1,1         1,1       3,3         2,2       2,2         5,6       2,2         2,2       2,2	3,0 10,0 2,0 5,0 2,0	2,9 4,9 1,9 6,8 1.0	2,0 3 2,9 0 2,0 1 11,7 9 0,0 1	3,9     1,0       0,0     1,0       1,9     2,0       9,7     8,2       1,0     4,1	0,0 0,0 2,1 10,3 2,1	2,2 4,4 0,0 0,0 4,4	1,1 5,4 0,0 1,1 2,2	0,0 2,1 2,1 2,1 0,0	1,0 5,2 2,1 3,1 0.0	0,0 6,3 1,3 0,0 5.0	1,4 0,0 0,0 0,0 1,4	83 83 83 83 83 83	2,2 3,5 2,0 4,8 2.0	2,1 3,1 2,0 8,6 1,7	1,0 3,9 0,9 1,0 2,2
A0A338P786 Q9CQQ7 P80318 P12970	Ube2l3 Atp5pb Cct3 Rpl7a	Ubiquitin-conjugating enzyme E2 L3 (Fragment) ATP synthase F(0) complex subunit B1, mitochondrial T-complex protein 1 subunit gamma 60S ribosomal protein L7a	138,5 16,9 28,9 60,6 30	9,19 8,38 9,06 6,7 10,56	2,0 2,0 1,0 1,0 6,1 4,0 4,0 5,0 6,1 5,0	1,8 1,8 2,7 2,7 3,6 3,6 9,9 8,1 3,6 2,7	2,2     2,2       0,0     0,0       0,0     0,0       3,3     2,2       4,5     4,5	2,0 2,0 1,0 5,0 3,0	1,0 2,9 1,9 5,8 3,9	0,0     1       2,0     1       2,9     3       6,8     5       3,9     3	1,0     4,1       1,9     2,0       3,9     4,1       5,8     3,1       3,9     2,0       6,8     4,1	2,1 2,1 4,1 0,0 2,1	4,4 2,2 4,4 1,1 0,0	2,2 2,2 4,4 2,2 0,0	0,0 1,0 2,1 7,3 2,1	0,0 2,1 6,2 1,0	1,3 2,5 0,0 0,0	1,4 1,4 0,0 0,0 2,9	83 83 83 83 83	2,0 1,2 2,9 5,4 4,4	1,7 2,2 3,0 4,4 3,1	2,2 1,4 2,6 2,8 1,0
P62702 P62754 Q9QZE5 F8WHP8	Rps2 Rps4x Rps6 Copg1 Atp5j2	405 ribosomal protein 52 405 ribosomal protein 54, X isoform 405 ribosomal protein 56 Coatomer subunit gamma-1 ATP synthase membrane subunit f Cutoplasmic tPNA 2 thiolation protein 2 (Fragment)	29,6 28,7 97,5 9	10,24 10,15 10,84 5,35 9,88 8 10	3,0       4,0         2,0       2,0         3,0       2,0         2,0       1,0         2,0       0,0         1,0       2,0	0,0       2,7         3,6       1,8         2,7       0,0         1,8       1,8         1,8       0,9         0,0       2,7	3,3       4,5         4,5       2,2         0,0       1,1         2,2       2,2         2,2       1,1	2,0 3,0 2,0 2,0 1,0	2,9 1,9 1,9 1,9	3,9     2       2,9     1       2,0     2       3,9     3       1,0     1	4,9     3,1       1,9     2,0       2,9     0,0       3,9     0,0       1,0     1,0	4,1 2,1 0,0 0,0	1,1 1,1 0,0 1,1 1,1	1,1 0,0 1,1 2,2 2,2	0,0 0,0 2,1 1,0	0,0 1,0 2,1 0,0	1,3 1,3 3,8 2,5	1,4 4,3 1,4 2,9 5,7	83 83 83 78 78	2,9 2,4 1,3 1,5	3,5 2,3 1,5 2,0	1,1 0,8 2,3 2,1
P63037 P11679 P14069 A2BE93 P27048	Dnaja1 Krt8 S100a6 Set Sprph	DnaJ homolog subfamily A member 1 Keratin, type II cytoskeletal 8 Protein S100-A6 Protein SET (Fragment)	27,5 44,8 54,5 10 24,9 23.6	7,08 5,82 5,48 5,55	1,0       2,0         4,0       2,0         47,5       42,1         2,0       3,0         2,0       2,0         2,0       2,0	4,5 1,8 41,3 40,3 4 2,7 1,8 2,7 1,8 0,9 1,8	2,2       1,1         0,0       0,0         49,1       45,7         1,1       2,2         2,2       2,2         0,0       0,0	3,0 20,0 4,0 2,0	1,0 28,2 3,9 1,9	1,0 1 42,1 4 2,9 3 2,9 1	1,0     1,0       1,0     1,0       10,8     24,5       3,9     7,1       1,9     2,0       0,0     1,0	0,0 22,7 3,1 2,1	2,2 0,0 0,0 0,0 0,0	2,2 0,0 0,0 0,0 0,0	2,1 34,4 6,3 2,1 2 1	5,2 33,0 4,1 1,0	1,3 0,0 0,0 0,0 2,5	0,0 0,0 0,0 0,0	78 78 78 78 78 78 78	2,1 44,3 2,1 2,2 1 1	1,2 29,7 4,2 2,2	2,1 11,2 1,7 0,5
P11983 A0A0A6YXW8 P97384 Q61753 P61161	Tcp1 Ak1 Anxa11 Phgdh Actr2	T-complex protein 1 subunit alpha Nucleoside-diphosphate kinase (Fragment) Annexin A11 D-3-phosphoglycerate dehydrogenase Actin-related protein 2	60,4 10,6 54 56,5 44 7	6,16 8,63 7,66 6,54 6 74	5,0       6,0         1,0       2,0         0,0       0,0         6,1       8,0         0,0       0,0	4,5 1,8 2,7 4,5 3,6 1,8 5,4 8,1	4,5     4,5       1,1     0,0       2,2     1,1       5,6     8,9       2,2     2,2	4,0 4,0 2,0 3,0 2 0	5,8 2,9 1,0 4,9 2 9	4,9 5 2,0 0 2,0 1 3,9 4	5,8     4,1       0,0     4,1       1,0     1,0       4,9     2,0       1,9     1,0	2,1 3,1 0,0 3,1	0,0 2,2 2,2 0,0 4 4	0,0 1,1 2,2 0,0 3 3	5,2 4,2 3,1 6,3	7,2 3,1 4,1 7,2	0,0 0,0 2,5 0,0 3,8	0,0 0,0 0,0 0,0 0,0	78 78 78 78 78 78 78	4,4 1,9 1,5 7,0 1 2	4,5 2,7 1,2 3,6	2,1 1,8 2,4 2,2 2,9
A0A1B0GS13 F6ZEW4 Q8R180 Q80X90 Q61316	Bax Cse1l Ero1a Flnb Hspa4	Apoptosis regulator BAX (Fragment) Exportin-2 (Fragment) ERO1-like protein alpha Filamin-B Heat shock 70 kDa protein 4	12,6 74,4 54,1 277,7 94.1	4,94 6,18 6,54 5,71 5,24	2,0 2,0 1,0 5,0 6,1 4,0 4,0 5,0 2,0 2,0	2,7 3,6 0,9 0,9 5,4 5,4 5,4 4,5 1.8 1.8	2,2 1,1 6,7 3,3 4,5 4,5 5,6 4,5 2,2 2,2	2,0 6,0 2,0 2,0 3,0	1,9 1,9 1,9 2,9 1.0	1,0 1 2,9 1 7,8 6 2,0 1	1,0     2,0       1,9     0,0       6,8     3,1       1,9     2,0       1,9     2,0	1,0 2,1 3,1 2,1 2,1	0,0 0,0 0,0 0,0 0,0	0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 2,2	1,0 2,1 3,1 8,3 0.0	2,1 1,0 2,1 10,3 0.0	0,0 0,0 0,0 0,0 0,0	0,0 8,6 0,0 0,0 1.4	78 78 78 78 78 78	2,3 3,0 5,0 4,8 2.0	1,5 2,5 4,1 2,2 2,0	0,5 1,9 0,9 3,1 0,6
P09055 P05784 P08905 Q9CQ65 Q6GT24	ltgb1 Krt18 Lyz2 Mtap Prdx6	Integrin beta-1 Keratin, type I cytoskeletal 18 Lysozyme C-2 S-methyl-5'-thioadenosine phosphorylase Peroxiredoxin-6	88,2 47,5 16,7 31 24,8	5,94 5,33 8,81 7,14 6,37	3,0 4,0 63,6 60,1 2,0 1,0 5,0 3,0 0.0 0.0	2,7 3,6 57,5 53,8 4 0,0 0,0 4,5 3,6 1.8 4.5	4,5       3,3         44,7       41,3         4,5       4,5         2,2       2,2         0,0       0,0	3,0 30,0 1,0 3,0 2,0	3,9 29,2 1,9 4,9 2.9	2,9 2 33,3 3 3,9 3 2,9 3 1.0 1	2,9     2,0       33,1     17,3       3,9     0,0       3,9     2,0       1,9     3,1	2,1 15,5 0,0 2,1 2,1	0,0 0,0 2,2 0,0 5,5	0,0 0,0 2,2 0,0 4,4	3,1 51,1 1,0 2,1 1.0	4,1 43,3 1,0 4,1 1.0	0,0 0,0 1,3 0,0 3.8	0,0 0,0 2,9 0,0 1.4	78 78 78 78 78 78	3,5 53,5 2,0 3,4 1.0	2,8 26,4 1,8 3,1 2.2	1,2 15,7 1,8 1,0 2.9
P62855 Q9WTM5 P10639 A2BGG7 Q9EQP2	Rps26 Ruvbl2 Txn Ybx1 Ehd4	40S ribosomal protein S26 RuvB-like 2 Thioredoxin Y-box-binding protein 1 (Fragment) EH domain-containing protein 4	13 51,1 11,7 24,7 61,4	11 5,64 4,92 10,1 6,76	7,1       7,0         2,0       3,0         0,0       2,0         5,0       5,0         0,0       0,0	3,6 3,6 3,6 3,6 1,8 1,8 5,4 4,5 2,7 1,8	5,6       5,6         4,5       3,3         2,2       2,2         4,5       2,2         0,0       1,1	4,0 3,0 2,0 4,0 2,0	5,8 5,8 1,9 2,9 1,9	5,9 5 2,9 2 2,0 1 3,9 1 2,0 0	5,81,02,92,01,02,01,92,00,02,0	2,1 2,1 3,1 2,1 1,0	0,0 0,0 2,2 0,0 1,1	0,0 0,0 2,2 0,0 2,2	2,1 2,1 0,0 2,1 1,0	3,1 5,2 0,0 3,1 1,0	0,0 0,0 0,0 0,0 7,6	0,0 0,0 1,4 0,0 1,4	78 78 78 78 78 78	5,4 3,3 1,7 4,4 0,9	4,1 3,1 2,0 2,8 1,5	0,9 1,2 1,0 0,9 2,4
Q9CZN7 P80316 Q01149 Q8C845 A3KG36	Shmt2 Cct5 Col1a2 Efhd2 G6pdx	Serine hydroxymethyltransferase, mitochondrial T-complex protein 1 subunit epsilon Collagen alpha-2(I) chain EF-hand domain-containing protein D2 Glucose-6-phosphate 1-dehydrogenase (Fragment)	55,7 59,6 129,5 26,8 45,2	8,47 6,02 9,19 5,14 6,27	3,05,06,17,00,00,01,01,00,01,0	1,8 1,8 6,3 5,4 0,9 1,8 0,9 0,9 0,9 0,9	6,76,70,00,02,20,00,00,01,10,0	2,0 5,0 0,0 0,0 0,0	1,9 6,8 0,0 1,9 1,0	3,9 2 5,9 6 4,9 3 1,0 1 2,9 3	4,92,06,86,13,914,31,91,03,93,1	2,1 4,1 14,4 3,1 3,1	0,0 1,1 17,6 3,3 5,5	0,0 0,0 17,4 6,5 2,2	1,0 6,3 3,1 0,0 0,0	0,0 9,3 3,1 0,0 0,0	0,0 0,0 12,6 3,8 5,0	1,4 0,0 4,3 5,7 4,3	78 72 72 72 72 72	4,2 4,1 0,8 0,6 0,7	2,8 5,8 6,2 1,5 2,3	0,4 2,8 9,7 3,2 2,8
Q80XR6 P14733 H7BX95 P18760 Q91X72	Hnrnpab Lmnb1 Srsf1 Cfl1 Hpx	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein A/B Lamin-B1 Serine/arginine-rich splicing factor 1 Cofilin, non-muscle isoform Hemopexin	33,8 66,7 28,3 19,7 51,3	5,83 5,16 10,08 8,59 7,8	2,02,07,18,02,02,01,02,00,00,0	0,0 0,0 9,0 5,4 0,0 0,9 1,8 0,9 2,7 1,8	2,21,15,64,51,10,00,00,05,65,6	4,0 1,0 2,0 0,0 0,0	4,9 1,9 1,9 1,9 1,0	2,9 1 0,0 0 2,9 1 2,0 1 1,0 0	1,92,00,01,01,91,01,00,00,02,0	2,1 0,0 2,1 1,0 0,0	0,0 7,7 2,2 1,1 9,9	2,2 7,6 2,2 2,2 12,0	0,0 1,0 0,0 1,0 1,0	0,0 0,0 2,1 2,1 1,0	2,5 0,0 0,0 2,5 7,6	1,4 2,9 0,0 0,0 15,7	72 72 72 72 72 72	1,2 6,6 1,0 1,0 2,6	3,0 0,7 2,0 1,0 0,7	1,0 3,2 1,1 1,5 7,9
Q8K310 A0A087WR38 P29341 A0A1B0GSG5 Q9D8L3	Matr3 Ndufa10 Pabpc1 Rnh1 Ssr4	Matrin-3 NADH dehydrogenase [ubiquinone] 1 alpha subcomplex subunit 10, mitochondrial (Fragment) Polyadenylate-binding protein 1 Ribonuclease inhibitor Signal sequence receptor subunit delta	94,6 10,1 70,6 53,9 19	9,52 4,75 9,5 5,01 5,78	7,1       7,0         2,0       2,0         4,0       7,0         2,0       2,0         0,0       0,0	4,5 5,4 1,8 1,8 0,0 0,9 2,7 4,5 1,8 1,8	0,0         0,0           0,0         0,0           3,3         3,3           3,3         2,2           1,1         1,1	3,0 2,0 3,0 2,0 2,0	5,8 1,9 7,8 1,9 0,0	0,0       1         2,0       1         7,8       5         2,0       1         2,0       1         2,0       1         2,0       1	1,90,01,92,05,82,01,90,01,92,0	2,1 2,1 2,1 2,1 2,1	3,3 2,2 1,1 1,1 2,2	2,2 2,2 0,0 1,1 1,1	10,4 0,0 1,0 0,0 0,0	8,3 2,1 0,0 0,0 0,0	1,3 0,0 0,0 0,0 2,5	0,0 0,0 0,0 0,0 2,9	72 72 72 72 72 72	4,0 1,3 3,1 2,8 1,0	2,1 2,0 4,8 1,7 1,7	4,2 1,1 0,4 0,4 1,4
Q3TBA3 Q9D1D4 Q00519 A0A7N9VR94 A0A338P7H5	Tap1 Tmed10 Xdh Ahnak2 Ahsg	Antigen peptide transporter 1 Transmembrane emp24 domain-containing protein 10 Xanthine dehydrogenase/oxidase AHNAK nucleoprotein 2 Alpha-2-HS-glycoprotein	78,8 24,9 146,5 368,2 32,2	8,79 6,7 7,56 5,88 6,95	2,0         2,0           0,0         0,0           0,0         0,0           5,0         4,0           2,0         2,0	1,8 0,9 1,8 1,8 0,9 0,0 7,2 4,5 1,8 1,8	0,0         0,0           2,2         1,1           2,2         2,2           5,6         7,8           1,1         2,2	1,0 1,0 2,0 5,0 2,0	1,9 1,0 2,9 5,8 1,9	1,0       1         2,0       1         2,0       1         3,9       2         0,0       0	1,0     0,0       1,9     0,0       1,9     2,0       2,9     3,1       0,0     0,0	0,0 1,0 2,1 2,1 0,0	2,2 1,1 2,2 0,0 1,1	2,2 0,0 2,2 0,0 0,0	0,0 2,1 0,0 0,0 2,1	1,0 2,1 0,0 2,1 2,1	2,5 1,3 3,8 0,0 1,3	1,4 0,0 2,9 0,0 2,9	72 72 72 72 72 72	1,1 1,2 0,9 5,7 1,8	0,8 1,2 2,2 3,8 0,7	1,6 1,1 1,8 0,3 1,6
Q02788 Q8BMF4 Q8R0W0 P43276 A0A668KLA9	Col6a2 Dlat Eppk1 H1-5 Ppp2r2b	Collagen alpha-2(VI) chain Dihydrolipoyllysine-residue acetyltransferase component of pyruvate dehydrogenase complex, mitochondrial Epiplakin Histone H1.5 Serine/threonine-protein phosphatase 2A 55 kDa regulatory subunit B	110,3 67,9 724,2 22,6 58,2	6,42 8,57 6,07 10,92 6,7	0,0         0,0           0,0         0,0           2,0         2,0           2,0         2,0           3,0         1,0	0,0 0,9 1,8 0,9 0,9 2,7 4,5 3,6 1,8 0,9	0,0         0,0           0,0         0,0           3,3         0,0           4,5         4,5           0,0         0,0	4,0 0,0 2,0 0,0 2,0	3,9 1,9 4,9 1,9 1,9	4,9 1 3,9 2 2,9 3 2,9 2 2,0 1	1,9     10,2       2,9     1,0       3,9     4,1       2,9     0,0       1,9     2,0	10,3 3,1 3,1 1,0 0,0	11,0 2,2 0,0 0,0 2,2	8,7 1,1 0,0 0,0 1,1	3,1 1,0 2,1 1,0 1,0	2,1 1,0 2,1 1,0 2,1	6,3 3,8 0,0 0,0 0,0	8,6 2,9 0,0 4,3 0,0	72 72 72 72 72 72	0,1 0,4 1,8 3,5 1,1	5,9 2,1 3,5 1,5 1,6	6,6 2,0 0,7 1,1 1,1
P62843 A0A1L1SQA8 D6RGM8 P29788 P01901	Rps15 Rps25 Tm9sf1 Vtn H2-K1	40S ribosomal protein S15 40S ribosomal protein S25 Transmembrane 9 superfamily member Vitronectin H-2 class I histocompatibility antigen, K-B alpha chain	17 10,3 47,3 54,8 41,3	10,39 9,99 6,74 5,88 6,39	11,1       8,0         1,0       1,0         1,0       1,0         3,0       3,0         0,0       2,0	8,1 2,7 1,8 1,8 0,0 0,9 19,8 18,8 1 0,0 0,9	0,0         0,0           4,5         4,5           2,2         2,2           12,3         17,9           0,0         1,1	6,0 0,0 1,0 4,0 5,0	8,8 1,0 1,0 3,9 4,9	0,0 3 3,9 3 1,0 0 6,8 7 2,9 3	1,0     3,1       3,9     1,0       0,0     3,1       7,8     1,0       3,9     0,0       1,0     1,0	4,1 0,0 0,0 0,0 1,0	3,3 0,0 1,1 0,0 1,1	4,4 0,0 1,1 0,0 1,1	6,3 2,1 1,0 11,5 2,1	3,1 2,1 3,1 9,3 0,0	0,0 0,0 0,0 0,0 3,8	0,0 2,9 0,0 0,0 4,3	72 72 72 72 72 72 72	5,0 2,4 1,2 12,5 0,7	3,8 1,6 1,0 3,9 3,0	2,8 1,2 1,1 3,5 2,1
I7HLV2 A0A452J8A5 Q91VA7 E9Q1S3 A0A1C7C1	Rpl10 Eci1 Idh3b Sec23a Pls3	60S ribosomal protein L10 (Fragment) Enoyl-CoA delta isomerase 1, mitochondrial Isocitrate dehydrogenase [NAD] subunit, mitochondrial Protein transport protein SEC23 Plastin-3 (Fragment)	23,1 32 42,2 82,9 70 C	5,49 10,01 8,98 8,6 7,46 5,60	,         2,0           1,0         1,0           0,0         0,0           1,0         1,0           0,0         0,0           0,0         0,0           0,0         0,0	-,, 2,7 3,6 2,7 0,0 0,0 1,8 1,8 1,8 0,9 1.8	4,52,22,22,22,20,01,13,32,22,2-	3,U 2,0 1,0 0,0 2,0	2,9 1,0 1,0 1,0 1,9 1 9	2,0 1 2,0 1 2,0 1 2,0 0 1,0 1 0.0	1,01,91,01,92,00,00,01,92,01,0	1,0 1,0 1,0 0,0 2,1	0,0 0,0 2,2 1,1 0,0 7 7	5,0 0,0 2,2 2,2 1,1 7 <i>c</i>	0,0 0,0 1,0 0,0	0,0 2,1 1,0 0,0 0 0	0,0 2,5 1,3 5,0 8 2	-,+ 1,4 2,9 1,4 2,9 5 7	72 72 72 72 72 72 67	-,/ 2,1 0,7 1,1 1,4 1 2	,5 1,5 1,5 0,5 1,8 1.2	0,2 2,0 1,3 1,5 5,0
.127CYV0 P84091 D3Z7J8 Q7M6Y3 Q91VW3 P518 <sup>21</sup>	Ap2m1 Ccdc61 Picalm Sh3bgrl3 Slc25a5	AP-2 complex subunit mu Centrosomal protein CCDC61 (Fragment) Phosphatidylinositol-binding clathrin assembly protein SH3 domain-binding glutamic acid-rich-like protein 3 ADP/ATP translocase 2	5,6 49,6 20,6 71,5 10,5 32 0	5,02 9,54 5,59 7,91 5,14 9 72	0,0           1,0         1,0           0,0         0,0           0,0         0,0           2,0         2,0           0,0	,0,90,00,01,81,80,91,81,81,80,00	2,2 2,2 0,0 0,0 0,0 2,2 2,2 2,2 2,2	0,0 0,0 2,0 4,0 2 0	2,9 0,0 2,9 1,0 1,9 1 9	1,0     1       3,9     1       2,0     1       0,0     0       3,9     1	3,1         1,0       1,0         1,0       0,0         1,9       4,1         0,0       0,0         1,0       0,0	1,0 2,1 2,1 4,1 0,0	,,/ 2,2 12,1 4,4 2,2 1 1	2,2 7,6 3,3 2,2 3 2	0,0 2,1 0,0 2,1 0,0	2,0 1,0 2,1 0,0 2,1 0,0	0,0 7,6 5,0 0,0 1.3	,, 5,7 4,3 5,7 0,0 2,9	67 67 67 67 67 67	0,9 0,6 0,4 2,0 0.7	0,8 1,6 2,5 1,0 2,5	1,9 6,0 3,1 1,4 1,4
P61164 Q60847 Q80X19 Q9CZD3	Actr1a Col12a1 Col14a1 Gars1	Alpha-centractin Collagen alpha-1(XII) chain Collagen alpha-1(XIV) chain GlycinetRNA ligase	42,6 340 192,9 81,8	5,75 6,64 5,64 5,1 6,65	0,0         0,0           0,0         0,0           0,0         0,0           0,0         0,0           0,0         0,0           0,0         0,0           0,0         0,0           0,0         0,0	0,0 0,0 1,8 1,8 0,0 0,0 0,0 0,0 0,9 0,9 4,5 0,9	2,2       2,2         1,1       1,1         0,0       0,0         2,2       3,3         0,0       0,0	2,0 0,0 10,0 4,0 3,0 2,0	1,0 12,7 1,9 1,9	0,0     0       10,8     8       2,9     1       2,0     1	1,0     2,0       0,0     2,0       8,8     0,0       1,9     4,1       1,9     3,1       1,0     3,1	2,1 0,0 5,2 3,1	2,2 9,9 22,0 0,0	2,2 8,7 22,8 0,0	0,0 5,2 2,1 0,0	1,0 2,1 2,1 0,0	2,5 10,1 13,9 2,5	2,9 10,0 17,1 4,3	67 67 67 67 67	0,7 1,3 0,4 0,0 1,2 1,7	2,5 0,8 7,0 3,3 2,5	1,4 1,8 7,7 13,3 1,1
P16110 P51885 Q76MZ3 A0A0G2JGD2 Q3TW96	Lgals3 Lum Ppp2r1a S100a4 Uap1l1	Galectin-3 Lumican Serine/threonine-protein phosphatase 2A 65 kDa regulatory subunit A alpha isoform Protein S100-A4 (Fragment) UDP-N-acetylhexosamine pyrophosphorylase-like protein 1	,+ 27,5 38,2 65,3 9,1 56.6	, 8,38 6,43 5,11 5,21 5,42	3,0 6,1 10,0 0,0 0,0 0,0 1,0 1,0 0,0 0,0 ^	3,6 1,8 0,0 0,0 1,8 3,6 0,9 1,8 4,5 4 5	0,0           6,7         10,0           0,0         0,0           1,1         1,1           4,5         4,5           1,1         0	7,0 2,0 6,0 2,0 2 0	5,8 1,9 4,9 2,9 2,9	4,9 3 2,0 1 0,0 4 3,9 2 0,0	3,1         3,9       0,0         1,9       16,3         4,9       2,0         2,9       3,1         0,0       2	-,0 0,0 15,5 4,1 2,1 3 1	0,0 17,6 0,0 0,0 2 2	0,0 17,4 0,0 0,0 1.1	5,2 2,1 2,1 0,0 2.1	8,3 1,0 2,1 2,1 3,1	0,0 13,9 0,0 0,0 1,3	0,0 12,9 0,0 0,0 1,4	67 67 67 67 67 67	6,4 0,0 1,4 2,1 1,7	3,6 6,6 3,6 2,8 1,3	2,2 10,8 0,7 0,3 1,9
Q8R5J9 Q8R429 Q6ZWX6 Q62470 F8WIV2	Arl6ip5 Atp2a1 Eif2s1 Itga3 Serpinb6a	PRA1 family protein 3 Sarcoplasmic/endoplasmic reticulum calcium ATPase 1 Eukaryotic translation initiation factor 2 subunit 1 Integrin alpha-3 Serine (or cysteine) peptidase inhibitor, clade B, member 6a	,5 21,5 109,4 36,1 116,7 44.7	9,61 5,22 5,08 6,57 6,38	0,0           1,0         2,0           0,0         1,0           0,0         2,0           1,0         2,0           2,0         2,0	+,5 3,6 5,4 1,8 1,8 2,7 2,7 2,7 2,7 7,2 1 °	0,0       1,1     2,2       0,0     1,1       5,6     3,3       2,2     4,5       2,2     2,2	3,0 0,0 1,0 1,0 1.0	2,9 0,0 1,9 1,0 0,0	2,0 1 1,0 1 1,0 1 6,8 5 0,0	0,0           1,9         0,0           1,9         16,3           1,0         0,0           5,8         0,0           1,0         1	5,1 1,0 14,4 1,0 0,0 3 1	2,2 1,1 0,0 0,0 0.0	0,0 1,1 0,0 0,0 0,0	0,0 9,4 1,0 2,1 1,0	0,0 8,3 2,1 3,1 1,0	0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0	0,0 0,0 0,0 0,0 0,0	67 67 67 67 67	2,6 1,0 2,7 2,5 2,9	1,8 5,6 1,0 2,4 1,0	0,4 3,3 0,5 0,9 0,3
Q8JZQ9 Q9CQ60 Q9CR57 P63276 A0A1B0G570	Eif3b Pgls Rpl14 Rps17 Psma1	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit B 6-phosphogluconolactonase 60S ribosomal protein L14 40S ribosomal protein S17 Proteasome subunit alpha type-1	91,3 27,2 23,5 15,5 26,5	5,02 5,85 11,02 9,85 6,54	2,0 4,0 4,0 4,0 5,0 3,0 2,0 3,0 1,0 0,0 2 0	2,7 2,7 3,6 1,8 1,8 1,8 1,8 0,0 0,0 0.0	2,2 1,1 0,0 2,2 2,2 1,1 1,1 0,0 1,1 1 1	2,0 3,0 2,0 2,0 2,0	1,9 1,9 1,0 1,9 1,9	2,0 1 0,0 0 2,0 1 2,0 2 1,0	1,0 1,9 0,0 0,0 1,0 1,0 0,0 2,9 2,0 1,9 2 0	0,0 0,0 0,0 3,1 2 1	0,0 2,2 0,0 0,0 0,0	0,0 0,0 0,0 1,1 2,2	2,1 3,1 2,1 2,1 0,0	4,1 3,1 1,0 0,0 1,0	0,0 2,5 0,0 0,0 2,5	0,0 0,0 0,0 0,0 0,0	67 67 67 67 67	2,8 2,8 2,0 1,2 0,7	1,3 1,0 1,0 2,3 1,8	1,0 1,8 0,5 0,5 1,0
Q9JKR6 Q99LX0 Q99PV0 Q9CWJ9 E9PUD2	Hyou1 Park7 Prpf8 Atic Dnm1l	Hypoxia up-regulated protein 1 Parkinson disease protein 7 homolog Pre-mRNA-processing-splicing factor 8 Bifunctional purine biosynthesis protein ATIC Dynamin-1-like protein	111,1 20 273,4 64,2 79,5	5,19 6,77 8,84 6,76 7,49	2,0 3,0 0,0 3,0 3,0 4,0 4,0 3,0 1,0 2,0 3 0	0,0 0,0 0,0 0,0 3,6 3,6 0,0 0,9 3,6 1 <sup>g</sup>	1,1       0,0     0,0       0,0     0,0       0,0     0,0       1,1     1,1       0,0     1 1	4,0 1,0 0,0 2,0 4,0	3,9 1,9 1,9 2,9 1,9	2,9 2 2,0 1 2,0 1 0,0 1 0,0 1	2,0 2,9 2,0 1,9 1,0 1,0 0,0 1,0 0,0	5,2 0,0 0,0 1,0 0.0	2,2 0,0 2,2 0,0 0,0	3,3 0,0 2,2 0,0 0,0	0,0 5,2 4,2 1,0 3,1	0,0 7,2 2,1 0,0 2,1	6,3 2,5 0,0 2,5 1,3	1,4 2,9 0,0 0,0 0,0	61 61 61 61 61	0,5 1,0 2,5 1,2 1,9	3,5 1,3 0,8 1,2 1,2	2,2 3,0 1,8 0,6 1,1
Q54521 Q55VG5 P50516 J3QPS8 Q9R0P3	apd2 Ap1b1 Atp6v1a Eif5a Esd E++ 1	AP complex subunit beta V-type proton ATPase catalytic subunit A Eukaryotic translation initiation factor 5A-1 S-formylglutathione hydrolase	80,9 101,1 68,3 8,4 31,3	6,61 5,22 5,58 4,41 7,12	2,0 2,0 1,0 0,0 1,0 0,0 1,0 0,0 2,0 2,0	U,0       0,0         1,8       0,9         0,9       0,9         1,8       2,7         3,6       4,5	2,2       1,1         0,0       0,0         0,0       0,0         1,1       3,3         0,0       0,0         1,1       1,1	0,0 2,0 1,0 3,0 0,0	0,0 2,9 1,0 2,9 1,0	3,9 3 0,0 1 0,0 0 2,0 0 3,9 2	0,0       1,9     3,1       0,0     0,0       0,0     2,0       2,9     0,0	1,0 1,0 0,0 3,1 1,0	0,0 7,7 2,2 0,0 0,0	0,0 1,1 4,4 0,0 1,1	2,1 0,0 4,2 0,0 3,1	2,1 0,0 3,1 0,0 3,1	2,5 1,3 2,5 0,0 0,0	2,9 0,0 2,9 1,4 0,0	61 61 61 61 61	1,2 0,6 0,5 1,7 2,0	1,5 1,8 0,3 2,2 1,5	1,5 1,7 3,2 0,2 1,2
P14483 Q64433 Q8BSH9 O88685	H2-Ab1 Hspe1 Nap111 Psmc3	H-2 class II histocompatibility antigen, A beta chain 10 kDa heat shock protein, mitochondrial Nucleosome assembly protein 1-like 1 26S proteasome regulatory subunit 6A 26S proteasome non ATPace regulation in the state	∠1,1 30,1 11 44,6 49,5	5,88 7,24 8,35 4,56 5,19	u, u     0,0       3,0     0,0       4,0     4,0       3,0     4,0       0,0     0,0	0,9 0,0 0,0 0,0 3,6 1,8 0,9 0,0 1,8 1,8	1,1     2,2       0,0     0,0       3,3     2,2       0,0     1,1       1,1     2,2	0,0 2,0 4,0 4,0 2,0	0,0 2,9 3,9 1,9	2,0 1 2,0 1 3,9 5 2,9 2 2,0 5	2,0 2,0 1,9 0,0 5,8 0,0 4,9 4,1 3,9 0,0	0,0 0,0 0,0 3,1 2,1	1,1 7,7 1,1 2,2 2,2	0,0 6,5 0,0 0,0 1,1	1,0 5,2 0,0 0,0 0,0	1,0 3,1 0,0 0,0 0,0	1,3 3,8 0,0 0,0 0,0	5,7 4,3 0,0 0,0 0,0	61 61 61 61 61	U,7 0,5 3,2 1,5 1,2	0,8 1,5 2,8 3,8 2,0	5,1 0,2 0,4 0,5
P97371 P34022 P62242 P45376 Q97105	Psme1 Ranbp1 Rps8 Akr1b1 Clic1	Proteasome activator complex subunit 1 Ran-specific GTPase-activating protein 40S ribosomal protein S8 Aldo-keto reductase family 1 member B1 Chloride intracellular channel protein 1	20,1 28,7 23,6 24,2 35,7 27	5,17 5,97 5,22 10,32 7,18 5 1	, J0,03,02,00,01,04,05,00,00,01.0		1,11,12,22,20,02,22,21,12,2	1,0 1,0 2,0 3,0 2,0 2,0	1,9 1,9 1,9 1,9 1,9 2 0	,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,	2,0 0,0 0,0 0,0 2,0 1,9 3,1 1,0 0,0 3,9	2,1 0,0 1,0 1,0 1,0	0,0 0,0 0,0 3,3 0,0	5,0 1,1 0,0 0,0 3,3 1 1	0,0 0,0 0,0 0,0 0,0	2,0 0,0 1,0 0,0 0,0 0,0	2,0 1,3 1,3 0,0 2,5 2 5	1,4 0,0 0,0 4,3 0 0	51 61 61 61 61 61	1,8 1,5 2,6 0,6 1 3	,5 0,5 1,2 2,5 1,3 2.5	0,6 0,4 0,0 2,2 0,6
Q9R111 Q4U2R1 A0A0A6YXW6 O55222 Q61001	Gda Herc2 Igha Ilk Lama5	Guanine deaminase E3 ubiquitin-protein ligase HERC2 Immunoglobulin heavy constant alpha (Fragment) Integrin-linked protein kinase Laminin subunit alpha-5	51 527,1 42 51,3 403 °	5,53 6,27 4,94 8,07 6 72	1,00,00,00,00,00,00,00,02,03,0-	,     0,0       0,0     0,0       0,9     0,9       0,9     2,7       1,8     1,8       0,0     0	3,3 2,2 2,2 2,2 2,2 2,2 2,2 0,0 0,0 0,0 ^	2,0 0,0 0,0 2,0 3,0	-,9 1,9 2,9 1,9 1,9 1,9 1,9	,     3       0,0     1       0,0     0       0,0     0       0,0     0       0,0     0       0,0     0       2,0     0	2,0 1,9 2,0 0,0 1,0 0,0 2,0 0,0 0,0 1,9	0,0 2,1 1,0 3,1 0,0	2,0 2,2 2,2 8,8 2,2 0,0	2,2 1,1 8,7 2,2 0 0	0,0 0,0 0,0 2,1 4 7	2,0 2,1 0,0 0,0 2,1 4 1	2,5 3,8 8,8 2,5 0.0	2,9 1,4 11,4 2,9 0.0	61 61 61 61 61 61	0,7 1,0 1,3 0,9 0.8	1,3 0,8 1,2 0,7 2,2	2,0 1,4 6,3 2,3 1,4
Q61990 Q9R1P3 Q8BH59 P46978 P26883	Pcbp2 Psmb2 Slc25a12 Stt3a Fkbp1a	Poly(rC)-binding protein 2 Proteasome subunit beta type-2 Calcium-binding mitochondrial carrier protein Aralar1 Dolichyl-diphosphooligosaccharideprotein glycosyltransferase subunit STT3A Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase FKBP1A	5,8 38,2 22,9 74,5 80,5 11 °	-,,3 7,77 7,02 8,25 8,1 8 16	1,01,00,00,02,00,00,00,01,0	0,9 3,6 3,6 0,9 0,9 2,7 0,0 0,9 1,8	U,0           2,2         2,2           0,0         0,0           1,1         1,1           1,1         2,2           1,1         2,2	2,0 1,0 2,0 0,0 2 0	1,0 0,0 1,0 1,9 1.9	2,0 0 2,0 1 2,0 2 2,0 1 2,0 1	2,0 0,0 2,0 1,0 1,0 2,9 0,0 1,9 1,0 1,9 ~	2,1 2,1 0,0 0,0 2,1 2,1	0,0 2,2 0,0 2,2 0,0	0,0 1,1 0,0 1,1 0.0	0,0 0,0 3,1 0,0 0 0	0,0 2,1 4,1 0,0 0.0	0,0 2,5 0,0 0,0 0,0	1,4 1,4 0,0 2,9 0,0	61 61 61 61 61 61	,5 2,1 0,3 1,3 0,7 1.3	1,5 0,8 1,3 1,5 2,0	0,2 1,6 1,2 1,0 0,0
_3083 G3UXT7 A2A863 A0A498WGD8 Q06890 Q97050	Fus Itgb4 Txnl1 Clu Gbn2	RNA-binding protein FUS (Fragment) Integrin beta-4 Thioredoxin-like protein 1 Clusterin Guanylate-binding protein 2	-1,9 14 201,5 32,7 51,6 66 <sup>–</sup>	o,16 8,97 5,88 5,07 5,67	,     0,0       4,0     3,0       2,0     0,0       1,0     1,0       0,0     0,0	1,8 1,8 0,9 0,9 0,0 5,4 5,4 0,0	, 12,22,22,20,00,01,12,24,55,60,00	2,0 1,0 2,0 1,0 2,0 2,0	1,9 1,9 1,0 1,9 1,9	_,0 1 2,0 1 1,0 1 2,0 1 3,9 3 0 0	2,0 1,0 0,0 1,0 2,0 1,0 1,0 3,9 0,0 1,0	2,1 1,0 2,1 0,0	0,0 0,0 0,0 0,0 0,0	0,0 0,0 0,0 0,0 0,0	0,0 0,0 2,1 0,0 3,1	0,0 0,0 2,1 0,0 3,1 1 0	0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 2 5	0,0 0,0 1,4 0,0 4 2	61 61 61 56	2,4 0,6 0,9 3,5 0 4	1,2 1,5 1,3 2,0 1 3	0,0 0,7 0,2 1,0 2.8
Q9DCX2 A2AFQ2 Q60597 P42208 Q78PY7	Atp5pd Hsd17b10 Ogdh Septin2 Snd1	ATP synthase subunit d, mitochondrial 3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase type-2 2-oxoglutarate dehydrogenase, mitochondrial Septin-2 Staphylococcal nuclease domain-containing protein 1	,, 18,7 28,4 116,4 41,5 102	5,69 8,76 6,83 6,55 7,43	1,0 2,0 2,0 4,0 1,0 2,0 2,0 2,0 2,0	0,0 0,9 2,7 2,7 0,0 2,7 0,0 0,0 0,0 0,0	1,1 0,0 0,0 1,1 2,2 0,0 0,0 0,0 0,0 1,1 0.0	0,0 0,0 0,0 1,0 2.0	1,9 0,0 1,0 2,9 1,9	2,0 1 0,0 0 2,0 0 3,9 2 0,0	0,0           1,9         0,0           0,0         0,0           0,0         0,0           2,9         4,1           0,0         2,5	0,0 1,0 0,0 4,1 0,0	1,1 1,1 3,3 0,0 1.1	0,0 3,3 4,4 0,0 0,0	0,0 2,1 1,0 2,1 2,1	1,0 3,1 1,0 2,1 2,1	0,0 0,0 0,0 0,0 1,3	2,9 0,0 2,9 0,0 0,0	56 56 56 56 56 56	0,7 2,5 0,8 0,7 0,9	1,1 0,0 0,5 3,2 1,0	0,8 1,6 2,1 0,7 1,1
Q99KI0 P17427 P28653 Q9D1A2 P49290	Aco2 Ap2a2 Bgn Cndp2 Epx	Aconitate hydratase, mitochondrial AP-2 complex subunit alpha-2 Biglycan Cytosolic non-specific dipeptidase Eosinophil peroxidase	85,4 104 41,6 52,7 81 2	,,43 7,93 6,93 7,27 5,66 10 25	,         2,0           0,0         3,0           0,0         0,0           0,0         0,0           2,0         3,0           2,0         3,0           0,0	.,       0,0         0,9       0,0         0,0       0,0         0,0       0,0         0,0       0,0         0,0       0,0         3.6       ^	0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 6,7	2,U 1,0 1,0 2,0 10,0 8 0	-, <i>-</i> 0,0 1,0 1,9 6,8 6 8	1,0     1       2,0     1       2,0     1       0,0     0       0,0     0	2,0 1,9 0,0 1,9 3,1 1,0 5,1 0,0 0,0 0,0	0,0 0,0 3,1 4,1 0,0	1,1 1,1 2,2 7,7 19,8	3,0 1,1 2,2 8,7 18,5 0 0	2,1 2,1 1,0 0,0 1,0 3 1	2,1 1,0 0,0 4,1 0 0	2,3 0,0 0,0 5,0 18,9 1 3	1,4 0,0 5,7 21,4 2.9	56 56 56 56 56	0,7 0,0 0,0 0,8 3 2	,,,7 2,0 2,7 2,8 2,6	1,3 1,1 4,5 14,0 1,2
A0A0G2JEB3 P21614 Q9D0F3 Q9Z183 G3X97?	Fdps Gc Lman1 Padi4 Sec24c	Farnesyl pyrophosphate synthase (Fragment) Vitamin D-binding protein Protein ERGIC-53 Protein-arginine deiminase type-4 Sec24-related gene family, member C (S. cerevisiae)	25,9 53,6 57,8 74,4 118 ۲	,35 7,21 5,5 6,34 7,15 6 8 4	0,0           5,0         5,0           6,1         8,0           1,0         0,0           3,0         2,0           1,0         -	,     3,6       0,9     0,0       10,8     4,5       0,0     1,8       1,8     2,7       1,8     2,7	5,6 0,0 0,0 0,0 0,0 1,1 1,1 0,0 0,0 0,0 ^	6,0 0,0 2,0 3,0 1 0	5,8 0,0 0,0 3,9 1,9	4,9     5       0,0     2       2,0     1       5,9     2       0,0     2	0,0 5,8 4,1 4,9 1,0 1,9 0,0 4,9 0,0 0,0 -	1,0 4,1 0,0 0,0 0,0	0,0 0,0 5,5 0,0 0,0 2 2	0,0 6,5 0,0 0,0 2 2	0,0 7,3 2,1 3,1 2 1	2,0 1,0 9,3 1,0 3,1 1,0	0,0 0,0 1,3 0,0 0.0	0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0	56 56 56 56 56 56	1,8 4,9 0,8 1,6 1.4	5,1 1,0 1,0 2,9 0,5	0,2 4,8 0,7 1,0 1,2
A0A0N4SV32 P28654 O08749 Q8BH64 P49312	Serbp1 Dcn Dld Ehd2 Hnrnpa1	Plasminogen activator inhibitor 1 RNA-binding protein Decorin Dihydrolipoyl dehydrogenase, mitochondrial EH domain-containing protein 2 Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein A1	5,5 39,6 39,8 54,2 61,1 34,2	9,66 8,68 7,9 6,51 9,22	2,0 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 4,0	1,8       1,8         0,0       0,0         0,0       0,0         0,0       0,0         0,0       0,0         0,0       0,0         0,0       0,0         0,0       0,0	0,0         0,0           0,0         0,0           2,2         1,1           0,0         1,1           0,0         2,2	2,0 2,0 0,0 4,0 5 0	,,9 1,9 1,9 1,9 1,0 2,9	2,0 2 3,9 3 1,0 0 0,0 1 2,9	0,0           2,9         3,1           3,9         7,1           0,0         0,0           1,9         3,1           1,9         -	2,1 7,2 1,0 2,1	2,2 3,3 3,3 3,3 3,3 0 0	1,1 4,4 3,3 6,5 0.0	0,0 0,0 0,0 0,0 0,0	0,0 0,0 1,0 0,0 0,0	0,0 5,0 3,8 3,8 0,0	0,0 5,7 4,3 4,3 0,0	56 56 56 56 56	0,6 0,0 0,6 0,2 2,0	2,3 4,4 0,7 2,0 2,5	0,5 3,1 2,6 3,0 0,0
P70670 Q8R1F1 P12382 E9Q447 A0A0N4SV00	Naca Niban2 Pfkl Sptan1 Cct7	Nascent polypeptide-associated complex subunit alpha, muscle-specific form Protein Niban 2 ATP-dependent 6-phosphofructokinase, liver type Spectrin alpha chain, non-erythrocytic 1 T-complex protein 1 subunit eta	,_ 220,4 84,8 85,3 285,2 55	,3 9,35 5,94 7,17 5,34 7.8°	0,0           3,0         2,0           2,0         2,0           3,0         1,0           0,0         0,0           1,0         1	0,0 0,0 0,9 1,8 3,6 4,5 0,0 0,0 2,7 1 0	0,0       2,2     2,2       0,0     0,0       2,2     0,0       1,1     0,0       4,5     2,5	4,0 2,0 2,0 0,0 0 0	3,9 1,9 0,0 1,0 1,9	1,0 5 2,0 1 4,9 5 1,0 0 1,0	1,0 3,9 1,0 1,9 2,0 5,8 0,0 0,0 7,1 1,9 1	2,1 2,1 0,0 5,2	0,0 0,0 0,0 2,2 0.0	0,0 0,0 0,0 1,1 0.0	0,0 0,0 3,1 0,0 0.0	0,0 0,0 2,1 1,0 0,0	0,0 0,0 0,0 1,3 0,0	0,0 0,0 0,0 4,3 0,0	56 56 56 56 56 56	1,6 1,1 2,4 0,2 2,2	2,6 2,0 2,1 2,4 1,0	0,0 0,0 0,9 1,6 0,0
	Ftl2 Hnrnph1 Hspa2 Krt6b Nefh	Ferritin light chain 2 Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein H Heat shock-related 70 kDa protein 2 Keratin, type II cytoskeletal 6B Neurofilament heavy polypeptide	20,8 51,2 69,6 59,5 116.9	6,89 6,8 5,67 8,15 5,81	1,0 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0	2,0 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0	2,2 4,5 6,7 6,7 3,3 17,9 17,9 2,2 2,2 2,2 4 5	8,0 6,0 18,0 1,0 3.0	6,8 5,8 20,4 1,9 1,9	4,9 2 3,9 1 18,6 1 2,0 2 3,9	1,0 4,9 7,1 1,9 4,1 7,5 16,3 2,9 11,2 2,9 2,5	7,2 4,1 16,5 11,3 3 1	0,0 0,0 0,0 0,0 0,0	0,0 0,0 0,0 0,0 0,0	0,0 0,0 0,0 0,0 0,0	0,0 0,0 0,0 0,0 0,0	10,1 5,0 15,1 2,5 2,5	8,6 5,7 15,7 2,9 1,4	56 56 56 56 56	1,9 1,7 6,0 0,7 1,1	6,5 4,3 17,9 5,1 2,8	3,1 1,8 5,1 0,9 0,7
_ +0 O70456 A2AQ07 P32921 Q3U9G9 Q61074	Sfn Tubb1 Wars1 Lbr Ppm1ø	14-3-3 protein sigma Tubulin beta-1 chain TryptophantRNA ligase, cytoplasmic Delta(14)-sterol reductase LBR Protein phosphatase 1G	20,9 27,7 50,4 54,3 71,4 58 7	2,01 4,78 5,07 6,89 9,36 4 20	0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 1,0	0,0     0,0       0,0     0,0       0,0     0,0       0,9     0,9       0,0     0,0       0,0     0,0	4,5 6,7 5,6 17,9 13,4 0,0 0,0 2,2 2,2 1,1 ~	5,0 13,0 1,0 2,0	-, <i>-</i> 5,8 13,6 1,0 1,9 1 °	3,9 3 12,7 1 0,0 1 2,0 1 2,0	2,0 3,9 11,2 .5,6 16,3 1,0 0,0 1,9 2,0 1,9	3,1 10,3 15,5 1,0 2,1	0,0 0,0 1,1 0,0	0,0 0,0 1,1 0,0 0,0	0,0 0,0 1,0 0,0	0,0 0,0 1,0 0,0 0,0	6,3 8,8 0,0 1,3 0.0	5,7 17,1 0,0 4,3 1.4	56 56 56 56 56	2,0 5,2 0,3 0,7 0.5	6,7 14,4 0,7 2,0 2,0	2,0 4,3 0,7 0,9 0,2
P01872 Q9Z1R9 Q8VDN2 E9QPX1 G5E8F1	Ighm Prss1 Atp1a1 Col18a1 Itgam	Immunoglobulin heavy constant mu Protease, serine 1 (trypsin 1) Sodium/potassium-transporting ATPase subunit alpha-1 Collagen alpha-1(XVIII) chain Integrin alpha-M	2,7 49,9 26,1 112,9 182,2 127 <sup>-</sup>	.,39 7,01 4,94 5,45 5,71 7 25	1,0           0,0         0,0           2,0         0,0           0,0         0,0           2,0         0,0           2,0         0,0           0,0         2,0	0,9     1,8       0,0     0,0       1,8     1,8       1,8     1,8       0,0     0	U,0           1,1         0,0           0,0         0,0           0,0         0,0           2,2         4,5           0,0         2,2	2,0 0,0 2,0 2,0 0,0 0,0	-,0 0,0 1,0 1,0 0,0 0,0	0,0 0 2,0 1 0,0 1 1,0 1 2,9	2,0 0,0 0,0 1,9 2,0 1,0 0,0 1,0 0,0 3,9 -	2,1 2,1 0,0 0,0 2,1	3,3 1,1 2,2 0,0 6 6	3,3 2,2 3,3 0,0 6.5	1,0 0,0 0,0 4,2 0 0	2,1 0,0 0,0 6,2 0.0	2,5 0,0 1,3 0,0 8.8	4,3 0,0 1,4 0,0 11.4	56 50 50 50 50	0,6 0,3 0,6 2,1 0.4	0,3 1,8 0,7 0,3 1,7	2,7 0,5 1,4 1,7 5,6
P62715 Q921M7 P46412 G3UVV4 P97252	Ppp2cb Cyrib Gpx3 Hk1 S100=12	Serine/threonine-protein phosphatase 2A catalytic subunit beta isoform CYFIP-related Rac1 interactor B Glutathione peroxidase 3 Hexokinase Protein S100-A13	-27,5 35,6 36,8 25,4 101,8 11 ^	7,25 5,43 6,06 8,22 6,67	0,0           2,0         0,0           0,0         0,0           0,0         0,0           1,0         2,0	0,0 0,0 1,8 1,8 0,0 0,0 0,0 0,0 4,5 7,2 1 8	2,2           0,0         0,0           0,0         0,0           0,0         0,0           7,8         5,6           2.2         2.2	0,0 2,0 2,0 0,0 0,0	0,0 1,9 2,9 1,0 0,0 1 0	-,3 3 2,9 1 0,0 0 2,0 1 0,0 0 1 0	1,0       1,9     0,0       0,0     2,0       1,9     2,0       0,0     0,0       1,0     1,0	2,1 0,0 2,1 3,1 0,0	o,6 0,0 3,3 2,2 0,0	0,5 0,0 4,4 2,2 0,0	0,0 2,1 1,0 0,0 2,1	0,0 2,1 0,0 0,0 1,0	0,0 5,0 2,5 1,3	-1,4 0,0 5,7 4,3 0,0	50 50 50 50 50	0,4 0,9 0,0 0,0 4,7 1 °	-,' 1,5 1,5 1,7 0,0 0 5	,0 0,7 3,2 1,9 0,7 0.0
P27005 P10852 Q5SWU9 Q9D3D9 E9ONN1	S100a8 Slc3a2 Acaca Atp5f1d Dhx9	Protein S100-A8 4F2 cell-surface antigen heavy chain Acetyl-CoA carboxylase 1 ATP synthase subunit delta, mitochondrial DEAH box protein 9	10,3 58,3 265,1 17,6 14°	5,13 5,68 5,91 6,39 5,08 6,92	.,       1,0         7,1       8,0         0,0       4,0         0,0       0,0         0,0       1,0         0,0       1,0         0.0       0.0	1,3       1,8         2,7       0,0         0,0       0,9         0,0       0,0         2,7       1,8         0,0       1	,-2,20,00,00,00,01,10,02,22,22,22,2	0,0 0,0 1,0 0,0 2,0	1,0 0,0 2,9 0,0 0,0 1 0	2,9 2 2,0 1 2,0 1 2,0 1 2,0 1 4,9	0,0 2,9 0,0 1,9 1,0 1,0 3,1 1,9 0,0 2,9	0,0 0,0 1,0 0,0 0,0	0,0 1,1 0,0 2,2 0,0	0,0 1,1 0,0 3,3 0,0	0,0 16,7 1,0 0,0 2,1	3,0 12,4 1,0 0,0 2,1 0 0	0,0 0,0 2,5 0,0	0,0 0,0 2,9 0,0	50 50 50 50 50	3,0 0,8 0,2 1,7 0 0	1,0 1,5 1,2 0,7 2.3	5,2 0,3 1,8 0,7 0,0
Q5F2C3 P99026 A2AFI3 Q8BMD8 E9PYH2	Meikin Psmb4 Rbmx Slc25a24 Acot7	Meiosis-specific kinetochore protein Proteasome subunit beta type-4 RNA-binding motif protein, X chromosome Calcium-binding mitochondrial carrier protein SCaMC-1 Cytosolic acyl coenzyme A thioester hydrolase	.э,ь 47,4 29,1 32,7 52,9 42 °	5,83 5,96 5,64 9,88 7,43 8,60	,         0,0           0,0         2,0           0,0         0,0           1,0         1,0           2,0         0,0           0,0	1,8         0,9       0,9         0,9       0,0         0,0       0,9         0,0       0,9         0,9       0,0         0,9       0,0         0,9       0,0         0,9       0,0	1,10,00,00,00,01,12,20,00,02,2-	2,0 0,0 1,0 2,0 1,0	1,0 1,0 1,0 1,0 1,0	,     2       0,0     1       0,0     0       2,0     1       1,0     1       2,9     1	2,0 1,0 0,0 0,0 0,0 1,0 0,0 1,0 2,0 2,9	1,0 0,0 0,0 1,0	0,0 1,1 2,2 0,0 0,0	5,0 1,1 2,2 0,0 0,0 0,0	0,0 1,0 1,0 0,0 0,0	5,0 1,0 1,0 0,0 1,0 0 0	0,0 1,3 0,0 0,0 0,0	0,0 1,4 0,0 0,0 0,0	50 50 50 50 50	0,6 0,1 1,0 0,5 1 0	,,, 0,3 0,3 1,0 1,2 1,8	0,7 1,5 0,0 0,2 0,0
Q9JLI0 P06728 E9PWK1 H7BX99 A0A0G21FT5	Akr1c12 Apoa4 Ephx1 F2 Prkacb	Aldo-keto reductase a Apolipoprotein A-IV Epoxide hydrolase Prothrombin cAMP-dependent protein kinase catalytic subunit beta (Fragment)	,8 37 45 50,9 70,2 12 7	5,08 6,64 5,47 8,15 6,43 9 1 7	, , , , 0,0           0,0         1,0           0,0         0,0           0,0         1,0           0,0         1,0           0,0         0,0           0,0         0,0           0,0         0,0           0,0         0,0	0,0 0,9 0,0 0,0 0,9 0,0 0,9 0,9 0,0 0,0 0,0 0,0	2,2 2,2 2,2 1,1 0,0 2,2 1,1 2,2 2,2 0,0 ^	2,0 2,0 0,0 4,0 1 0	2,0 1,9 2,9 1,0 3,9 1.0	2,0     1       0,0     1       2,0     1       2,0     1       2,0     1       2,0     1       2,0     1       2,0     1	2,0 1,9 1,0 1,0 1,0 1,9 0,0 1,9 0,0 1,0 ~	2,1 2,1 2,1 0,0 2,1 2 1	0,0 0,0 1,1 0,0 0,0 2 2	0,0 1,1 0,0 0,0 0,0	0,0 0,0 2,1 0,0 0 0	0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 0.0	0,0 0,0 0,0 1,3 2.5	0,0 0,0 0,0 1,4 2,9	50 50 50 50 50 50	_,0 0,9 0,3 1,0 0,7 0.0	1,8 1,5 0,8 2,3 1,5	0,0 0,4 0,3 0,4 1,3
Q61838 E9Q8F0 P17809 Q9D2G2 A0A1W2P77	Pzp Rbm39 Slc2a1 Dlst Mthfd1	Pregnancy zone protein RNA-binding protein 39 Solute carrier family 2, facilitated glucose transporter member 1 Dihydrolipoyllysine-residue succinyltransferase component of 2-oxoglutarate dehydrogenase complex, mitochondrial C-1-tetrahydrofolate synthase, cytoplasmic	-,' 165,7 47 53,9 49 82	-,17 6,68 10,52 8,87 8,95 7,22	0,0 0,0 0,0 1,0 0,0 1,0 0,0 0,0 0,0	0,0       3,6     3,6       0,0     0,0       1,8     1,8       2,7     0,9       0,9     0,0	U,0           0,0         0,0           1,1         0,0           0,0         0,0           2,2         2,2           1,1         2 1	1,0 2,0 0,0 0,0 0 0	1,0 1,9 0,0 1,0 1.9	1,0 0 1,0 1 2,9 1 1,0 0 2,9	2,0 0,0 1,0 1,9 2,0 1,9 2,0 0,0 0,0 1,9 0.0	2,1 0,0 2,1 1,0 0,0	-,2 2,2 0,0 0,0 0,0 0,0	2,2 0,0 0,0 1,1 0.0	0,0 0,0 2,1 1,0 1.0	0,0 0,0 1,0 2,1 1,0	6,3 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0	0,0 2,9 0,0 0,0 0,0	50 50 50 50 50 50	1,2 0,4 0,8 1,3 0,9	0,7 1,8 1,3 0,3 1,1	1,8 0,5 0,5 0,7 0,3
Q9D6Z1 A0A494BA97 P60122 P48962 Q3TBT3	Nop56 Ostf1 Ruvbl1 Slc25a4 Sting1	Nucleolar protein 56 Osteoclast-stimulating factor 1 RuvB-like 1 ADP/ATP translocase 1 Stimulator of interferon genes protein	64,4 23,4 50,2 32,9 42,8	9,44 8,07 6,42 9,72 7,42	0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 1,0 0,0 0,0 0,0 0,0	0,9 0,0 0,9 0,9 1,8 0,0 0,0 0,9 1,8 1.8	0,0 0,0 0,0 0,0 1,1 2,2 4,5 0,0 2,2 1.1	1,0 2,0 1,0 1,0 0,0	1,9 1,0 0,0 0,0 1,9	2,0 1 0,0 1 1,0 2 3,9 1 1,0 7	3,0       1,9     1,0       1,0     0,0       2,9     1,0       1,9     2,0       1,9     0,0	1,0 2,1 1,0 4,1 0,0	0,0 0,0 0,0 2,2 0,0	0,0 2,2 0,0 2,2 0,0	1,0 0,0 0,0 0,0 1,0	0,0 0,0 0,0 0,0 1,0	0,0 1,3 0,0 0,0 0,0	1,4 1,4 0,0 0,0 0,0	50 50 50 50 50	0,1 0,3 1,0 0,9 1,2	1,5 1,0 1,2 2,2 0,8	0,4 0,8 0,0 0,7 0,3
P51437 B7ZNL2 Q05144 Q91VR5 A6ZI46	Camp Nap1l4 Rac2 Ddx1 Aldoart1	Cathelicidin antimicrobial peptide Nap1l4 protein Ras-related C3 botulinum toxin substrate 2 ATP-dependent RNA helicase DDX1 Fructose-bisphosphate aldolase	19,4 43,9 21,4 82,4 45,3	8,68 4,68 7,61 7,21 7,05	0,0           4,0         4,0           1,0         2,0           0,0         0,0           1,0         0,0           6,1         7 1	1,8 2,7 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 11,7 12 5	1,1 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0	0,0 4,0 1,0 3,0 0.0	0,0 1,0 1,9 1,9 0,0	3,9 3 2,0 2 2,9 1 0,0 0 0,0	0,0           3,9         0,0           2,9         2,0           1,0         0,0           0,0         1,0           0,0         1,0	0,0 2,1 0,0 1,0 0 0	0,0 0,0 2,2 2,2 2.2	0,0 0,0 3,3 1,1 2,2	4,2 0,0 0,0 2,1 3,1	4,1 0,0 0,0 0,0 4,1	0,0 0,0 2,5 0,0 0,0	0,0 0,0 5,7 0,0 0,0	44 44 44 44 44	2,1 0,5 0,0 0,2 6,2	1,3 2,3 1,1 1,2 0,0	1,4 0,0 2,3 0,9 1,9
E9Q1X8 Q6ZQ38 P02104 P16627 Q6IFZ6	Cacna2d1 Cand1 Hbb-y Hspa1l Krt77	Voltage-dependent calcium channel subunit alpha-2/delta-1 Cullin-associated NEDD8-dissociated protein 1 Hemoglobin subunit epsilon-Y2 Heat shock 70 kDa protein 1-like Keratin, type II cytoskeletal 1b	123,1 136,2 16,1 70,6 61,3	5,17 5,78 8,18 6,24 8,02	4,0     5,0       0,0     0,0       17,2     12,0       7,1     7,0       1,0     0 ° °	4,5 3,6 2,7 1,8 37,7 54,7 7,2 7,2 2,7 2 7	0,0         0,0           0,0         1,1           0,0         0,0           0,0         0,0           1,1         1	0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0	0,0 0,0 0,0 0,0 0,0	0,0 0 0,0 0 0,0 0 0,0 0 0,0 0	0,0         0,0           0,0         0,0           0,0         0,0           0,0         0,0           0,0         0,0           0,0         0,0           0,0         0,0	0,0 3,1 0,0 0,0 43 3	6,6 3,3 7,7 8,8 1,1	3,3 2,2 6,5 6,5 0,0	6,3 0,0 7,3 6,3 0,0	2,1 0,0 7,2 7,2 0,0	0,0 1,3 0,0 0,0 0,0	0,0 1,4 0,0 0,0 0,0	44 44 44 44 44	2,9 0,9 20,3 4,7 1,4	0,0 0,5 0,0 0,0 14,7	3,0 1,4 4,8 4,8 0,2
E9QN70 Q6ZWQ9 Q9D0F9 E9Q509 A0A1B0GSF0	Lamb1 Myl12a Pgm1 Pklr Rpl13a	Laminin subunit beta-1 Myosin, light chain 12A, regulatory, non-sarcomeric Phosphoglucomutase-1 Pyruvate kinase 60S ribosomal protein L13a	202,3 19,9 63,7 58,8 15,5	- 5,01 4,81 6,57 6,92 10,48	0,0       0,0         5,0       6,0         2,0       2,0         2,0       3,0         1,0       2 °	-,' 0,9 0,9 6,3 7,2 2,7 0,0 1,8 1,8 0,0 0 0	1,1         0,0       0,0         0,0       0,0         2,2       2,2         0,0       0,0         2,2       1	1,0 0,0 0,0 0,0 2,0	1,0 0,0 0,0 0,0 1,9	0,0 0 0,0 0 0,0 0 0,0 0 1,0 0	+4,8 0,0 1,0 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 1,9 0 0	0,0 0,0 0,0 0,0 0,0	4,4 6,6 2,2 2,2 0,0	4,4 4,4 0,0 3,3 0,0	1,0 7,3 2,1 3,1 0,0	0,0 7,2 2,1 4,1 0,0	0,0 0,0 0,0 0,0 0,0	0,0 0,0 0,0 0,0 0,0	44 44 44 44 44	0,3 4,1 1,9 1,4 1,1	0,5 0,0 0,0 0,0 1,1	1,6 4,2 1,1 2,1 0,0
E9PWS2 Q62261 Q9Z1Q9 O54962 Q9WUM4	Serpinf1 Sptbn1 Vars1 Banf1 Coro1c	Pigment epithelium-derived factor Spectrin beta chain, non-erythrocytic 1 ValinetRNA ligase Barrier-to-autointegration factor Coronin-1C	15,8 274,1 140,1 10,1 53,1	5,77 5,58 7,77 6,09 7,08	2,0 0,0 0,0 12,1 13,0 1,0 1,0 1,0 1 0	0,9 0,9 0,9 1,8 13,5 13,4 0,9 0,0 0,0 0.0	1,1       0,0         1,1       0,0         0,0       0,0         0,0       1,1         2,2       0.0	1,0 0,0 0,0 1,0 2,0	0,0 0,0 0,0 0,0 1,0	0,0 0 1,0 0 0,0 0 2,0 1 0,0 7	0,0     0,0       0,0     2,0       0,0     0,0       1,9     0,0       1,0     2 0	0,0 0,0 0,0 0,0 2,1	4,4 2,2 2,2 0,0 0,0	4,4 3,3 2,2 0,0 0,0	2,1 0,0 10,4 0,0 0,0	2,1 0,0 9,3 0,0 0,0	2,5 0,0 0,0 1,3 0,0	0,0 2,9 0,0 0,0 0,0	44 44 44 44 44	0,3 0,6 8,7 0,7 0,7	0,2 0,5 0,0 0,8 1,3	2,6 1,4 4,0 0,2 0,0
Q1 MB8 E9PWE8 Q9WUK2 P14152 A0A286YDF5	Cyrip1 Dpysl3 Eif4h Mdh1 Myof Rbobin	Dihydropyrimidinase-related protein Eukaryotic translation initiation factor 4H Malate dehydrogenase, cytoplasmic Myoferlin GTPase Rhebl 1 (Fragment)	145,1 73,8 27,3 36,5 234,4	6,95 6,46 7,23 6,58 6,14	J,U     0,0       2,0     5,0       2,0     0,0       1,0     1,0       1,0     0,0	U,U     0,0       0,9     0,0       0,9     0,9       0,0     0,0       3,6     2,7	1,1     0,0       2,2     1,1       0,0     0,0       0,0     0,0       1,1     2,2       0,2     0,2	0,0 1,0 3,0 0,0 0,0	0,0 1,0 0,0 0,0 0,0	1,0 1 0,0 1 2,0 0 2,0 1	1,0     1,0       1,0     0,0       1,9     0,0       0,0     0,0       1,9     1,0       1,0     1,0	1,0 0,0 0,0 0,0 0,0	2,2 0,0 1,1 2,2 0,0	0,0 0,0 1,1 2,2 0,0	0,0 0,0 2,1 0,0	U,0 0,0 1,0 2,1 0,0	5,0 0,0 0,0 0,0 0,0	4,3 0,0 0,0 1,4 0,0	44 44 44 44 44	U,2 1,9 0,6 0,3 1,8	u,/ 0,5 0,8 0,3 0,8 1 2	2,9 0,0 0,5 1,7 0,0 2,0
AUA2R8VHE7 P35979 Q6ZWZ4 P62849 F2Z471 P50247	Rpl12 Rpl36 Rps24 Vdac1 Aboy	60S ribosomal protein L12 60S ribosomal protein L36 40S ribosomal protein S24 Voltage-dependent anion-selective channel protein 1 Adenosylhomocysteinase	16,9 17,8 12,2 15,4 28,1	7,66 9,42 11,59 10,78 7,36	J,U     0,0       1,0     1,0       2,0     0,0       1,0     1,0       0,0     1,0       0,0     1,0       2,0     0	0,0     0,0       1,8     2,7       1,8     2,7       0,0     0,0       1,8     1,8       0,0     0	0,0     0,0       0,0     1,1       2,2     2,2       0,0     0,0       2,2     2,2       0,0     0,0       2,2     2,2       0,0     0,0	1,0 2,0 0,0 1,0 0,0	2,9 0,0 3,9 2,9 0,0	1,0 1 2,0 1 0,0 0 3,9 3 2,0 1	1,0     0,0       1,0     0,0       0,0     2,0       3,9     3,1       1,9     0,0       0,0	1,0 0,0 2,1 4,1 0,0	0,0 0,0 0,0 0,0 0,0	7,6 0,0 0,0 0,0 0,0	U,0 O,0 O,0 1,0	U,0 0,0 0,0 0,0 0,0	1,3 0,0 0,0 0,0 0,0	∠,9 0,0 0,0 0,0 0,0	44 44 44 44 44	U,0 1,3 1,8 0,3 1,5	1,2 0,8 1,3 3,2 0,7 0,5	2,0 0,0 0,0 0,0 0,2 0,2
. 50247 P61750 P16015 Q9DBP5 Q922U2 O8PCTT	Arf4 Ca3 Cmpk1 Krt5 Krt75	ADP-ribosylation factor 4 Carbonic anhydrase 3 UMP-CMP kinase Keratin, type II cytoskeletal 5 Keratin, type II cytoskeletal 75	++/,7 20,4 29,3 22,2 61,7	o,54 7,14 7,37 5,83 7,75	2,U 3,0 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 3,0	0,0 0,9 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 3 e	0,0     2,2       0,0     0,0       0,0     0,0       1,1     1,1       2,2     1,1       0,0     0	1,0 2,0 0,0 1,0	1,0 1,9 0,0 0,0 0,0	1,0 0 2,0 1 0,0 0 1,0 1 0,0 1	0,0           1,9         3,1           0,0         10,2           1,0         0,0           1,9         40,8           0,0         0	0,0 2,1 10,3 0,0 40,2	0,0 0,0 16,5 2,2 0,0	1,1 0,0 15,2 1,1 0,0	U,0 0,0 2,1 0,0 0,0	0,0 0,0 2,1 0,0 0,0 1 C	0,0 2,5 13,9 2,5 2,5	0,0 2,9 18,6 2,9 2,9	44 44 44 44 44	1,4 0,0 0,0 0,4 0,6 1 7	0,5 2,2 3,4 0,3 14,0 0,0	0,9 11,4 1,4 0,9 1 2
Цови Q5SV64 Q9WTI7 F6QYF8 Q921M3 B1Δ\/L1 <sup></sup>	Myh10 Myo1c Npepps Sf3b3 Tbc1d2	Myosin-10 Unconventional myosin-Ic Aminopeptidase (Fragment) Splicing factor 3B subunit 3 TBC1 domain family member 2A	ידי,7 232,3 121,9 98,5 135,5 104 -	8,31 5,54 9,35 5,88 5,26	J,U       1,0         1,O       1,0         0,O       1,0         0,O       0,0         2,O       2,0         0,O       0.0	3,0       2,7         7,2       4,5         0,9       0,0         0,9       0,0         1,8       1,8         0,0       0	.,         0,0           0,0         0,0           0,0         0,0           1,1         2,2           0,0         0,0           2.2	0,0 0,0 2,0 2,0 2,0	0,0 0,0 1,0 1,9 1,0 1 0	0,0 ( 0,0 ( 0,0 ( 0,0 ( 0,0 ( 1 0	, -         0,0           0,0         0,0           0,0         0,0           0,0         0,0           0,0         0,0           0,0         0,0           1,0         0	0,0 0,0 0,0 0,0 0,0	2,2 5,5 2,2 0,0 0,0	2,2 3,3 2,2 0,0 0,0	2,1 2,1 0,0 2,1 2,1	1,0 1,0 1,0 2,1 2,1	0,0 0,0 2,5 1,3 0,0 1 2	0,0 0,0 1,4 0,0 0,0	44 44 44 44 44	1,/ 2,3 0,3 0,7 1,3 0 /	0,0 0,2 0,7 0,5 1.0	2,0 1,6 0,9 0,7 0.4
P35441 Q6P5E4 G3UY93 G3UWN5 P21192	Thbs1 Uggt1 Vars Apoe II5ra	Thrombospondin-1 UDP-glucose:glycoprotein glucosyltransferase 1 ValyI-tRNA synthetase (Fragment) Apolipoprotein E (Fragment) Interleukin-5 receptor subunit alpha	4,2 129,6 176,3 141,3 26,4 47	0,43 4,96 5,62 7,75 6,15 7,0		2,3       0,0         4,5       3,6         1,8       0,9         0,0       0,0         1,8       2,7         0,9	,-         0,0           2,2         3,3           0,0         0,0           14,5         14,5           2,2         2,2           1.1         1	2,0 0,0 1,0 11,0 0,0	1,0 0,0 1,9 5,8 0,0	2,0 1 2,0 1 0,0 0 5,9 1 0,0 0 2 9	0,0 1,9 0,0 0,0 0,0 .0,7 4,1 0,0 0,0 0,0	1,0 0,0 0,0 3,1 0,0	0,0 0,0 0,0 2,2	0,0 0,0 0,0 2,2	2,1 1,0 0,0 0,0	0,0 1,0 1,0 0,0 0,0	2,3 0,0 0,0 0,0 2,5 2 5	2,4 0,0 0,0 0,0 2,9 1 4	+4 44 44 44 44	3,4 2,3 0,8 4,8 1,5 0 7	-,0 0,7 0,5 6,8 0,0 0.7	0,5 0,3 0,0 1,6 0.7
A0A1C7CYU3 P62821 P62900 A0A0R4J0I1	Nucb1 Rab1A Rpl31 Serpina3k	Nucleobindin-1 Ras-related protein Rab-1A 60S ribosomal protein L31 Serine protease inhibitor A3K	53 22,7 14,5 46,6	, ,ŏ4 5,07 6,21 10,54 5,16	,         0,0           0,0         0,0           0,0         0,0           0,0         1,0           0,0         0.0	0,9 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 0,0 1,8 4 5	1,1         0,0       0,0         0,0       1,1         0,0       0,0         1,1       2,2	1,0 1,0 2,0 2,0 0.0	3,0 1,0 1,9 1,9 0,0	,     0,0     0       2,0     1       2,0     1       0,0     1	0,0 0,0 2,0 1,9 0,0 1,9 2,0 1,0 10	U,O 2,1 2,1 2,1 0,0	3,0 2,2 0,0 0,0 0,0	0,0 1,1 0,0 0,0 0.0	0,0 0,0 0,0 0,0 0,0	0,0 0,0 0,0 0,0 0,0	_,5 2,5 2,5 2,5 5,0	-,+ 2,9 2,9 0,0 1,4	44 44 44 44 44	0,0 0,2 0,2 1 6	1,0 1,7 2,0 0.3	1,4 0,9 0,4 1,1

Bari E, et al. J Immunother Cancer 2023; 11:e005916. doi: 10.1136/jitc-2022-005916

Data file S2. Proteins identified by analyzing MB49 Bladder cancer model untreated (CTR, n=3 biol. rep x 2 tech. rep), treated with SNFs-OVA, n=3 biol. rep x 2 tech. rep) and treated with SNFs-CpG (SNFs-CpG, n=3 biol. rep x 2 tech. rep). Peptide spectrum matches (PSMs) per sample an

placed on this supplemental material which has been supplied by the author(s)

Data file S3. Differentially expressed proteins (DEPs) identified by LDA (Prob<0.05) by comparing PSMs from B16/F10 melanoma model untreated (CTR, n=6), treated with SNFs-OVA (SNFs-OVA, n=6), treated (SNFs-OVA-CpG, n=6). Average and normalized (%) PSMs are shown. Pairwise comparisons (CTR vs SFNs-OVA; CTR vs SFNs-OVA-CpG) by DAve index are reported; positive DAve values SFNs treatments), while negative DAve values (in blue) indicate proteins up-regulated following SFNs treatments (down-regulated in CTR).

ID UNIPROT	Gene name	Annotations Description	MW [kDa]	calc. pl	LDA F Ratio Prot	b>F	CTR	AV. PSIVIS (B16/F10) SFNs-OVA	SFNs-CpG	MA MODEL) G SFNs-OVA-CpG	CTR vs SFNs-OVA C	Dave index	X CTR vs SFNs-OVA-CpG	
Q99KI0 P68134	Aco2 Acta1	Aconitate hydratase, mitochondrial Actin, alpha skeletal muscle	47,9 85,4 42	7,93 5,39	4 2,5E 5 8,0E 19 5,0E	E-02 E-03 E-06	4,7 42,6	0,0 0,7 64,1	0,7 1,3 71,9	0,0 1,6 65,5	1,50 - <b>0,40</b>	1,16 - <b>0,51</b>	1,00 -0,42	
V9GXQ2 P63268	Actb Actg2	Predicted gene 17087 Actin, gamma-enteric smooth muscle	41,7 41,9	7,37 5,48	11 1,9E 15 2,8E	E-04 E-05	78,4 38,4	101,0 58,8	105,8 62,4	99,6 61,4	-0,25 -0,42	-0,30 -0,48	-0,24 -0,46	
Q8R5C5 Q641P0	Actr1b Actr3b	Beta-centractin Actin-related protein 3B	42,3 47,5	6,4 6,02	3 3,7E 8 1,1E	E-02 E-03	0,6 0,0	1,9 1,6	1,0 2,1	1,3 1,2	-1,04 -2,00	-0,47 -2,00	-0,71 -2,00	
Q640N1 P50247	Aebp1 Ahcy	Adipocyte enhancer-binding protein 1 Adenosylhomocysteinase	128,3 47,7	5,08 6,54	4 2,9E 3 4,1E	-02 -02	2,1 0,0	0,0 0,7	0,0 0,6	0,5 1,2	2,00 - <b>2,00</b>	2,00 -2,00	1,19 -2,00	
A0A338P7H5 P07724	Ahsg Alb	Alpha-2-HS-glycoprotein Albumin	32,2 68,6	6,95 6,07	6 6,3E 23 1,2E	E-03 E-06	1,4 60,7	1,3 34,3	0,3 34,6	0,0 23,0	0,56	1,25 0,55	2,00 0,90	
Q92110 P47738	Aldh18a1 Aldh2 Apk1	Aldehyde dehydrogenase, mitochondrial	87,2 56,5 202.4	7,55 7,62	6 6,2E 6 4,3E	E-03 E-03	2,1 4,2 1 7	0,6 6,1	0,5 9,9	1,1 7,9	1,12 -0,35 2,00	1,26 -0,80	0,66 -0,60 2,00	
Q9CQM6 P07356	Ankrd61 Anxa2	Ankyrin repeat domain-containing protein 61 Annexin A2	46,6 38,7	8,85 7,69	5 9,6E	E-03	0,6 4,3	0,0 6,3	0,0 7,3	0,0 3,3	2,00 2,00 - <b>0,38</b>	2,00 2,00 - <b>0,52</b>	2,00 2,00 0,26	
P59999 E9QNX7	Arpc4 Atp4a	Actin-related protein 2/3 complex subunit 4 Sodium/potassium-transporting ATPase subunit alpha	19,7 114	8,43 5,81	5 1,3E 3 4,1E	E-02 E-02	1,8 0,0	1,2 0,5	4,2 0,5	3,5 0,0	0,42 - <b>2,00</b>	-0,79 -2,00	-0,62	
Q9DCX2 P62814	Atp5pd Atp6v1b2	ATP synthase subunit d, mitochondrial V-type proton ATPase subunit B, brain isoform	18,7 56,5	5,69 5,81	5 7,2E 5 8,5E	E-03 E-03	4,0 3,4	1,4 0,2	1,8 1,6	1,3 1,6	0,94 1,81	0,76 0,71	1,02 0,74	
Q923D2 Q64152	Blvrb Btf3	Flavin reductase (NADPH) Transcription factor BTF3	22,2 22	7,01 9,52	16 1,5E 5 1,3E	E-05 E-02	2,1 1,6	0,0 0,4	0,3 0,0	0,5 1,3	2,00 1,28	1,46 2,00	1,28 0,22	
P01027 P00920	C3 Ca2	Complement C3 Carbonic anhydrase 2	186,4 29	6,73 7,01	13 5,8E 5 1,4E	E-05 E-02	18,0 1,5	2,6 0,0	5,5 0,0	1,3 0,0	1,49 2,00	1,07 2,00	1,74 2,00	
P47754 P47754 P80314	Capza1 Capza2 Cct2	F-actin-capping protein subunit alpha-1 F-actin-capping protein subunit alpha-2 T-complex protein 1 subunit beta	32,9 32,9 57 4	5,55 5,85 6 4	3 4,1E 4 3,2E 8 1 4F	E-02 E-02 E-03	0,2 0,2 13 3	1,2 1,2 8.0	1,5 1,8 6.8	1,4 1,7 6 9	-1,41 -1,41 0.50	-1,52 -1,59 0.66	-1,51 -1,59 0.64	
P80318 P80315	Cct3 Cct4	T-complex protein 1 subunit gamma T-complex protein 1 subunit delta	60,6 58	6,7 8,02	8 9,7E 6 3,1E	E-04 E-03	5,1 7,8	4,4 1,2	2,5 1,1	2,9 1,3	1,47	0,69 1,49	0,56 1,43	
P80316 Q61390	Cct5 Cct6b	T-complex protein 1 subunit epsilon T-complex protein 1 subunit zeta-2	59,6 58,1	6,02 7,36	17 8,2E 9 6,0E	E-06 E-04	10,6 2,1	2,5 0,0	4,1 0,0	4,1 0,0	1,25 2,00	0,89 2,00	0,89 2,00	
P97377 P23953	Cdk2 Ces1c	Cyclin-dependent kinase 2 Carboxylesterase 1C	39 61	8,54 5,06	3 4,9E 11 1,5E	E-02 E-04	0,3 8,4	2,2 2,6	1,8 2,5	1,7 2,2	- <b>1,52</b> 1,05	- <b>1,42</b> 1,09	-1,40 1,18	
O35744 Q8BMK4	Chil3 Ckap4	Chitinase-like protein 3 Cytoskeleton-associated protein 4	44,4 63,7	5,69 5,64	6 4,2E 9 6,5E	E-03 E-04	0,0 0,0	0,0 0,0	1,2 1,1	0,3 0,3		-2,00 -2,00	-2,00 -2,00	
Q04447 Q68FD5	Ckb Cltc	Creatine kinase B-type Clathrin heavy chain 1 Clustorin	42,7 191,4 51.6	5,67 5,69 5,67	9 6,6E 32 8,7E	E-04 E-08	20,1 9,3	24,8 21,0	17,4 17,0 1 5	18,3 17,3	-0,21 -0,77	-0,59	-0,60	
P11087 F906A6	Col1a1 Col6a6	Collagen alpha-1(I) chain Collagen alpha-6(VI) chain	137,9 246,3	5,87 5,85 6,9	3 4,6E	E-02 E-03	2,8 2,0	9,2 0.0	8,9 0.2	6,9 0.0	<b>-1,06</b> 2,00	-2,00 -1,04 1.69	-0,83 2.00	
Q8VBV7 O89053	Cops8 Coro1a	COP9 signalosome complex subunit 8 Coronin-1A	23,2 51	5,2 6,48	5 6,5E 10 2,7E	E-03 E-04	1,1 0,0	0,0 0,2	0,0 3,3	0,2 1,5	2,00 - <b>2,00</b>	2,00 - <b>2,00</b>	1,45 -2,00	
P19783 Q8CJ40	Cox4i1 Crocc	Cytochrome c oxidase subunit 4 isoform 1, mitochondrial Rootletin	19,5 226,8	9,23 5,55	4 1,7E 8 8,1E	E-02 E-04	1,5 0,2	0,0 0,0	0,7 1,0	0,6 0,0	2,00 2,00	0,76 - <b>1,31</b>	0,78 2,00	
P97315 Q9JLM8	Csrp1 Dclk1	Cysteine and glycine-rich protein 1 Serine/threonine-protein kinase DCLK1	20,6 84,1	8,57 8,87	4 2,0E 4 1,6E	E-02 E-02	0,0 0,0	0,5 0,5	0,5 1,3	1,5 0,5	-2,00 -2,00	-2,00 -2,00	-2,00 -2,00	
P28654 G3UZN1	Dcn Ddt	Decorin D-dopachrome decarboxylase	39,8 8,2	8,68 7,34	7 2,5E 4 1,8E	E-03 E-02	0,5 0,0	2,3 0,3	2,5 1,0	2,5 1,1	-1,35 -2,00	-1,39 -2,00	-1,39 -2,00	
Q501J6 Q9Z1N5	Ddx17 Ddx39b	Probable ATP-dependent RNA helicase DDX17 Spliceosome RNA helicase Ddx39b	72,4 49	8,59 5,67	5 1,2E 8 9,1E	E-02 E-04	3,1 0,8	2,9 2,9	2,7 2,1	4,5 2,5	-1,13	0,16 - <mark>0,90</mark>	-0,37 -1,04	
Q62167 Q62095	Ddx3x Ddx3y	ATP-dependent RNA helicase DDX3X ATP-dependent RNA helicase DDX3Y	73,1 73,4	7,18 7,53	10 3,5E 4 3,1E	E-04 E-02	4,6 3,4	7,7 4,9	4,6 2,7	9,0 6,1	-0,50 -0,35	0,25	-0,64 -0,55	
E9P2Q1 Q99LT0 E90557	Dax60 Dpy30 Dsp	Protein dpy-30 homolog	197,5 11,2 332 7	7,55 4,88 6.8	3 3,6E 3 3,7E	E-02 E-02	1,3 0,0 2,2	1,3 1,1	0,3 0,2	2,8 0,5	-2,00	1,17 -2,00 2,00	-0,75 -2,00	
P10126	Eef1a1 Fif2s1	Elongation factor 1-alpha 1 Fukaryotic translation initiation factor 2 subunit 1	50,1 36.1	9,01 5.08	3 3,7E 8 1 3F	E-04 E-02	2,2 21,8 0.0	0,2 34,3 0 3	24,8 1 3	0,0 22,7 1 9	-0,44	-2.00	-2.00	
Q8JZQ9 P60229	Eif3b Fif3e	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit E Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit E	91,3 52,2	5,08 5,02 6.04	5 8,8E	E-03 E-04	2,0 1,4	0,3 0,8 0,2	1,3 1,8 0.0	0,9	0,86	2.00	0,71	
Q8BGD9 P70372	Eif4b Elavl1	Eukaryotic translation initiation factor 4B ELAV-like protein 1	68,8 36,1	5,67 9,04	4 1,5E 5 8,9E	E-02 E-03	0,2 0,2	1,8 1,6	1,3 1,9	2,2 2,0	-1,69 -1,66	-1,58 -1,71	-1,74 -1,73	
Q99K41 P17182	Emilin1 Eno1	EMILIN-1 Alpha-enolase	107,5 47,1	5,3 6,8	4 1,8E 4 2,9E	E-02 E-02	1,0 49,0	0,0 43,3	0,0 31,9	0,0 42,2	2,00	2,00 0,42	2,00 0,15	
P21550 P10404	Eno3 env	Beta-enolase MLV-related proviral Env polyprotein	47 69,6	7,18 7,96	4 3,1E 4 2,1E	E-02 E-02	11,0 2,0	9,0 3,5	4,1 3,5	7,9 2,8	0,20 - <b>0,55</b>	0,92 - <b>0,53</b>	0,33 -0,33	
Q8R180 P26040	Ero1a Ezr	ERO1-like protein alpha Ezrin	54,1 69,4	6,54 6,1	4 1,6E 17 9,4E	E-02 E-06	1,6 1,6	0,5 3,7	0,0 6,2	0,6 5,8	1,13 -0,78	2,00 - <b>1,18</b>	0,94 -1,13	
Q61554	Fasn Fbn1 Fab	Fatty acid synthase Fibrillin-1	272,3 312,1	6,58 4,92 7,08	5 8,7E 4 2,5E	E-03 E-02	17,4 0,0	26,3 0,0	19,9 0,7	21,7 0,0	-0,41	-2,00	-0,22	
201068 Q8VCM7 A0A0A6VW/52	- 57 Fgg Flg	Fibrinogen gamma chain Filaggrin	34,7 49,4 27 2	י,טא 5,86 <u>1</u> 0 סי	+ 2,3E 4 2,1E 7 2.15	-02 -03	9,1 14,9 6 2	1,1 5,2 0 5	∠2,1 16,5 ∩ ∩	3,3 4,7 0,0	1,57 0,96 1.71	-v,o5 2.00	0,54 1,04 2.00	
Q8BTM8 A0A087W556	Flna Fn1	Filamin-A Fibronectin	281 249.4	,92 6,04 5,82	2,1E 10 3,0E 4 2.2E	E-04 E-02	10,2 19.7	5,5 1,9 5.4	2,8 25 3	5,5 1,5 6.0	1,37 1,14	1,13 - <b>0,25</b>	1,50 1,07	
A3KG36 Q8BHN3	G6pdx Ganab	Glucose-6-phosphate 1-dehydrogenase (Fragment) Neutral alpha-glucosidase AB	45,2 106,8	6,27 6,06	4 2,2E 4 2.9F	E-02 E-02	0,0 0,0	0,0 1,1	0,9 2,6	1,4 2,6	-2,00	-2,00 -2,00	-2,00 -2,00	
V9GX06 P21614	Gapdh Gc	Predicted gene 11214 (Fragment) Vitamin D-binding protein	19,9 53,6	7,42 5,5	7 2,6E 5 1,1E	E-03 E-02	7,0 13,2	16,1 3,3	17,2 4,4	19,5 1,6	- <b>0,79</b> 1,21	<b>-0,85</b> 0,99	-0,94 1,57	
A0A1D5RLD8 E9PZF0	Gm10358 Gm20390	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase Nucleoside diphosphate kinase	35,8 30,2	8,25 8,72	16 1,4E 4 2,0E	E-05 E-02	53,2 1,8	85,3 6,4	79,1 4,1	72,9 5,0	-0,46 -1,13	-0,39 -0,79	-0,31 -0,94	
E9PY39 P05201	Gm20431 Got1	Predicted gene 20431 Aspartate aminotransferase, cytoplasmic	42,1 46,2	6,76 7,14	6 6,0E 3 3,5E	-03 -02	0,0 1,1	0,6 4,1	0,8 4,7	1,6 5,3	-2,00 -1,17	-2,00 -1,26	-2,00 -1,33	
P13020 K3W4S6	Gsn Gyg	Gelsolin Glycogenin Historia H1 0	85,9 41,9	6,18 6,02	6 3,1E 4 1,8E	03 02	4,1 1,1	2,2 0,2	1,0 0,0	0,9 0,2	0,61 1,45	1,22 2,00	1,28 1,45	
P10922 P43277	н1-0 H1-3	HISTORE H1.0 Histore H1.3 Histore H1.4	20,8 22,1	10,9 11,03	4 3,1E 8 1,0E	E-02	0,7 4,6	0,7 11,2	0,0 8,6	0,0 7,2	-0,83	2,00 -0,60	<b>2,00</b> -0,44	
P43274 Q3THW5 Q61425	п1-4 H2az2 Hadb	Histone H2A.V	22 13,5	11,11 10,58	3 4,9E 6 3,9E		4,8 9,5	9,9 13,3	7,2 14,5	7,0 15,3	-0,69 -0,33	-0,40 -0,42	-0,38 -0,47	
Q01425 Q9QUP5 Q91\/P9	Hapln1 Hapl-21	Hyaluronan and proteoglycan link protein 1 Alpha globin 1	34,4 40,5 15 1	8,65 7,8	δ         1,2E           81         2,4E           11         2.55	-03 -11 -04	บ,0 2,3 87 F	0,3 25 4	1,8 0,0	1,4 0,0	-2,00 1,53 1 10	-2,00 2,00 1 19	-2,00 2,00 1 21	
P02089 A8DUK4	Hbb-b2 Hbb-bs	Hemoglobin subunit beta-2 Beta-globin	15,1 15,9 15,7	8,05 7.69	8 1,2E	E-03 E-05	18,6 201.5	7,0 26.8	7,6 28.9	9,3 30,9	0,90	0,84	0,67	
P70349 A0A384DV79	Hint1 Hmga1	Histidine triad nucleotide-binding protein 1 High mobility group protein HMG-I/HMG-Y	13,8 12	6,87 10,43	5 8,2E 10 3,2E	E-03 E-04	0,4 1,7	2,2 0,0	1,1 0,0	0,7 0,0	- <b>1,34</b> 2,00	-0,88 2,00	-0,51 2,00	
P63158 Q9Z2X1	Hmgb1 Hnrnpf	High mobility group protein B1 Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein F	24,9 45,7	5,74 5,49	5 6,5E 3 3,8E	E-03 E-02	0,0 1,0	1,5 3,2	0,3 3,4	0,0 2,9	-2,00 -1,09	-2,00 -1,13	-1,00	
Q8C2Q7 P61979	Hnrnph1 Hnrnpk	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein H Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein K	51,2 50,9	6,8 5,54	4 2,8E 5 1,0E	E-02 E-02	0,6 6,5	3,0 10,4	2,6 8,0	2,7 9,1	-1,32 -0,46	-1,25 -0,21	-1,27 -0,33	
P07901 P11499	Hsp90aa1 Hsp90ab1	Heat shock protein HSP 90-alpha Heat shock protein HSP 90-beta	84,7 83,2	5,01 5,03	10 3,7E 7 1,9E	E-04 E-03	18,1 32,2	32,6 44,9	23,7 35,3	28,4 38,0	-0,58 -0,33	-0,27	-0,44 -0,17	
P08113 P63017	Hsp90b1 Hspa8	Endoplasmin Heat shock cognate 71 kDa protein	92,4 70,8	4,82 5,52	7 1,6E 4 2,9E	E-03 E-02	15,0 31,5	20,1 42,4	13,2 39,0	15,6 42,7	-0,29 -0,30	-0,21	-0,30	
P03975 Q91VA7	lap Idh3b	lgE-binding protein Isocitrate dehydrogenase [NAD] subunit, mitochondrial	62,7 42,2	9,31 8,6	4 1,6E 5 1,3E	E-02 E-02	14,5 1,5	17,4 0,0	9,2 0,3	12,2 0,5	<b>-0,18</b> 2,00	0,45 1,25	0,18 1,03	
A0A0A6YXW6 A0A0A6YVP0	lgha Ighg2b	Immunoglobulin heavy constant alpha (Fragment) Immunoglobulin heavy constant gamma 2B (Fragment)	42 44,3	4,94 6,52	11 1,7E 8 7,9E	E-04 E-04	3,5 10,7	1,0 5,1	0,0 3,2	0,0 2,2	1,13 0,72	2,00 1,07	2,00 1,32	
A0A0A6YY53 P01872	lghg2c Ighm	Immunoglobulin heavy constant gamma 2C (Fragment) Immunoglobulin heavy constant mu	36,5 49,9	8,02 7,01	9 6,3E 35 3,8E	E-04 E-08	8,3 8,0	1,3 1,3	0,3 1,3	0,0 0,0	1,45 1,44	1,84 1,43	2,00 2,00	
A0A075B5Y4 A0A0B4J1I9	lghv1-81 Igkv4-55	Immunoglobulin heavy variable 1-81 (Fragment) Immunoglobulin kappa variable 4-55 (Fragment)	13 12,7	8,79 6,48	7 1,5E 6 5,7E	E-03 E-03	1,3 3,3	0,0 1,0	0,0 0,8	0,0 0,0	2,00 1,07	2,00 1,24	2,00 2,00	
Q9JKF1 P01592	lqgap1 Jchain	Ras GTPase-activating-like protein IQGAP1 Immunoglobulin J chain	188,6 18 81 7	6,48 4,89	3 3,7E 9 7,4E	E-02 E-04	2,5 1,5	3,6 0,0	7,1 0,0	5,7 0,0	-0,36 2,00	-0,94 2,00	-0,76 2,00	
P04104	Jup Krt1 Krt10	Keratin, type II cytoskeletal 1	81,7 65,6 57	6,14 8,15 5.07	4 3,3E 9 6,3E 8 9 2E	E-02 E-04	0,6 6,0 7 1	7,0	0,0 1,0 2,0	0,0 0,4 3.4	-0,50 -0,15 -0.28	2,00 1,43 1,12	2,00 1,73 0,71	
Q61781 Q61414	Krt10 Krt14 Krt15	Keratin, type I cytoskeletal 10 Keratin, type I cytoskeletal 14 Keratin, type I cytoskeletal 15	52,8 49.1	5,17 4,86	23 1,2E 7 2.6E	E-04 E-06 E-03	31,6 11.0	13,8 9.1	3,9 2.0	5,4 5,3 4.6	0,78	1,56	1,43 0.83	
Q9Z2K1 Q9QWL7	Krt16 Krt17	Keratin, type I cytoskeletal 16 Keratin, type I cytoskeletal 17	51,6 48.1	5,2 5.06	12 1,0E 15 2.1E	E-04 E-05	14,9 16.8	5,8 9,7	0,5 2.7	3,1 3.8	0,88 0.54	1,87 1.45	1,31 1,26	
Q6IFX2 Q922U2	Krt42 Krt5	Keratin, type I cytoskeletal 42 Keratin, type II cytoskeletal 5	50,1 61,7	5,16 7,75	9 4,6E 4 1,9E	E-04 E-02	8,9 19,6	5,8 18,4	1,5 5,3	2,7 4,7	0,42	1,42 1,14	1,07 1,23	
P50446 Q3UV11	Krt6a Krt6b	Keratin, type II cytoskeletal 6A Keratin, type II cytoskeletal 6B	59,3 59,5	7,94 8,15	7 2,4E 7 2,6E	E-03 E-03	23,9 24,2	12,2 12,2	1,8 1,8	2,5 2,5	0,65 0,66	1,72 1,72	1,62 1,62	
Q9R0H5 Q6NXH9	Krt71 Krt73	Keratin, type II cytoskeletal 71 Keratin, type II cytoskeletal 73	57,3 58,9	6,99 8,09	7 2,4E 5 6,7E	E-03 E-03	2,9 1,2	3,0 2,8	1,2 0,2	0,3 0,3	-0,81	0,85 1,51	1,62 1,19	
Q6IFZ6 Q61233	Krt77 Lcp1	Keratin, type II cytoskeletal 1b Plastin-2	61,3 70,1	8,02 5,33	4 2,8E 5 9,0E	E-02 E-03	15,3 0,4	13,1 0,0	5,0 3,3	6,9 4,4	0,16 2,00	1,01 - <b>1,56</b>	0,76 -1,66	
A0A1B0GSX0 Q9CRB1	Ldha Lgals7	L-lactate dehydrogenase Galectin	39,7 15,2	8,35 6,89	18 7,9E 8 9,3E	E-06 E-04	17,2 7,0	25,0 5,1	14,7 2,0	13,2 0,5	<b>-0,37</b> 0,32	0,16 1,11	0,26 1,74	
P48678 P51885	Lmna Lum	Prelamin-A/C Lumican	74,2 38,2	6,98 6,43	4 2,6E 8 1,4E	E-02 E-03	9,9 0,0	10,2 0,5	6,0 1,4	8,8 1,2	-2,00	0,49 - <b>2,00</b>	-2,00	
P26645 Q80UM7	Marcks Mogs	Myristoylated alanine-rich C-kinase substrate Mannosyl-oligosaccharide glucosidase	29,6 91,8	4,34 9	4 1,6E 4 2,6E	E-02 E-02	0,0 1,3	0,3 0,6	0,6 0,0	0,0 0,2	<mark>-2,00</mark> 0,68	- <b>2,00</b> 2,00	1,53	
P26041 P00405	Msn Mtco2	Moesin Cytochrome c oxidase subunit 2	67,7 26	6,6 4,73	5 7,3E 6 6,4E	E-03 E-03	6,0 4,7	8,9 6,4	11,9 7,3	13,0 8,6	-0,39 -0,31	-0,67 -0,44	-0,75 -0,59	
A0A0N4SW94 A0A2R8VHF9	Myadm Myh11 Nor111	Myeloid-associated differentiation marker (Fragment) Myosin-11	8,6 223,2	8,38 5,5	10 3,2E 4 2,5E	E-04 E-02	1,7 2,4	0,0 0,3	0,0 2,5	0,0 1,6	2,00	2,00	2,00 0,39	
E9PWG6	Ncapg Ndufa4	Non-SMC condensin I complex, subunit G	44,8 112,8 9 3	4,56 5,55 9 52	3 4,5E	E-02 E-04	0,2	2,8 0,2 1,2	0,8 0,0 1 1	2,4 0,6 1 9	-0,74	2,00	-1,22	
O08692	Ngp Nono	Neutrophilic granule protein Non-POU domain-containing octamer-binding protein	19,3 54,5	5,31 8,95	4 2,2E	E-02	0,0 3,0	0,0	4,0	1,9 1,8 9.0	-0.64	-2,00	-2,00	
P29341 P60335	Pabpc1 Pcbp1	Polyadenylate-binding protein 1 Poly(rC)-binding protein 1	70,6 37,5	9,5 7,09	4 2,7E 6 3,8E	E-02 E-03	1,5 0,4	3,6 2,7	3,7 0,8	4,2 2,0	-0,81 -1,44	-0,85 -0,61	-0,95 -1,29	
P17918 A0A0R4J0Z1	Pcna Pdia4	Proliferating cell nuclear antigen Protein disulfide-isomerase A4	28,8 72,3	4,77 5,22	3 3,8E 5 8,4E	E-02 E-03	0,2 2,1	0,2 0,0	1,1 0,7	0,9 0,2	2,00	<b>-1,53</b> 1,04	-1,43 1,73	
P12382 P62962	Pfkl Pfn1	ATP-dependent 6-phosphofructokinase, liver type Profilin-1	85,3 14,9	7,17 8,28	6 6,2E 10 3,9E	E-03 E-04	1,0 2,9	3,2 7,4	3,0 6,7	1,1 8,3	-1,02 -0,89	-0,96 -0,81	-0,97	
Q9DBJ1 Q9D0F9	Pgam1 Pgm1	Phosphoglycerate mutase 1 Phosphoglucomutase-1	28,8 61,4	7,18 6,57	4 2,8E 7 2,2E	E-02 E-03	6,1 3,0	12,3 0,5	14,9 0,5	15,8 1,2	<b>-0,67</b> 1,44	<b>-0,84</b> 1,45	-0,88 0,88	
P67778 O35129	Phb Phb2	Prohibitin Prohibitin-2	29,8 33,3	5,76 9,83	4 1,6E 3 4,7E	E-02 E-02	9,5 12,4	5,6 15,4	5,3 10,2	4,7 12,3	0,51 - <b>0,21</b>	0,57 0,19	0,68	
Q9QXS1 P20918	Plec Plg	Plectin Plasminogen	533,9 90,7	5,96 6,6	7 1,8E 5 1,1E	E-03 E-02	3,3 3,9	0,6 0,5	1,2 1,7	1,0 0,3	1,37 1,53	0,94 0,80	1,11 1,70	
Q9DBG5 P62137	Plin3 Ppp1ca	Perilipin-3 Serine/threonine-protein phosphatase PP1-alpha catalytic subunit	47,2 37,5	5,62 6,33	4 2,6E 3 4,2E	E-02 E-02	0,0 0,0	0,0 0,8	0,5 0,0	1,5 0,0	-2,00	-2,00	-2,00	
F6RV17 061171	Ppp2r2d Prdx2	Serine/threonine-protein phosphatase 2A 55 kDa regulatory subunit B Peroxiredoxin-2	33,4 21.8	6,65 5.41	6 3,5E 3 4.0E	E-03 E-02	0,2 4,7	1,3 2.9	1,5 1,5 4.5	0,3 3.0	<b>-1,59</b> 0.48	-1,63	-0,71 0.45	
P99029 Q99PV0	Prdx5 Prpf8	Peroxiredoxin-5, mitochondrial Pre-mRNA-processing-splicing factor 8	,3 21,9 273.4	8,85 8,84	7 2,1E 9 6 5F	-03 -04	0,0 0,0	-,- 0,0 0,5	2,2 2,1	2,0 1,2 0.9	-2,00	-2,00 -2,00	-2,00 -2,00	
Q9Z1R9 Q3U6K9	Prss1 Psat1	Protease, serine 1 (trypsin 1) Phosphoserine aminotransferase	26,1 40,2	4,94 7,65	4 3,0E 4 1,9E	E-02 E-02	1,4 0,0	3,8 1,1	2,2 0,0	1,5 0,6	-0,91 -2,00	-0,41	-2,00	
O35955 Q9R1P3	Psmb10 Psmb2	Proteasome subunit beta type-10 Proteasome subunit beta type-2	29 22,9	6,87 7,02	8 9,9E 6 5,5E	-04 -03	0,0 0,0	0,0 0,8	0,0 0,0	0,8 0,2	-2,00		-2,00 -2,00	
P99026 P70195	Psmb4 Psmb7	Proteasome subunit beta type-4 Proteasome subunit beta type-7	29,1 29,9	5,64 7,99	4 2,8E 6 4,7E	E-02 E-03	1,2 2,8	0,2 0,3	0,0 0,0	0,2 0,6	1,57 1,60	2,00 2,00	1,57 1,27	
P14685 Q61838	Psmd3 Pzp	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 3 Pregnancy zone protein	49,5 60,7 165 7	3,19 8,44 6 6°	5 4,4E 5 8,4E 20 3 35	- 02 -03 -06	0,0 0,4 11 1	0,9 1,5 4 2	0,5 1,5 4 2	0,0 1,9 1 4	-2,00 -1,22 0.91	-2,00 -1,22 0.91	-1,38 1.54	
P61027 P51150	Rab10 Rab7a	Ras-related protein Rab-10 Ras-related protein Rab-7a	22,5 23.5	8,38 6,7	7 1,7E 5 1 3F	E-03 E-02	0,2 0,9	0,8 2,6	4,2 2,0 4.7	-,+ 1,2 5.6	-1,15 -0,98	-1,60 -1,36	-1,40 -1,46	
P68040 P34022	Rack1 Ranbp1	Receptor of activated protein C kinase 1 Ran-specific GTPase-activating protein	35,1 23,6	7,69 5,22	6 3,3E 6 5,6E	E-03 E-03	3,6 0,0	6,0 1,5	6,1 0,5	7,7 1,3	-0,51 -2,00	-0,52 -2,00	-0,74 -2,00	
Q99JI6 O89086	Rap1b Rbm3	Ras-related protein Rap-1b RNA-binding protein 3	20,8 16,6	5,78 7,5	9 5,9E 12 8,4E	E-04 E-05	0,5 1,7	1,3 3,9	2,3 5,2	1,8 5,4	-0,97 -0,80	-1,35 -1,04	-1,18 -1,06	
Q9CXW4 P35979	Rpl11 Rpl12	60S ribosomal protein L11 60S ribosomal protein L12	20,2 17,8	9,6 9,42	5 1,0E 4 1,9E	-02 -02	2,3 0,2	3,0 2,5	2,0 1,3	1,9 1,6	-0,28 -1,70	0,15 - <b>1,47</b>	0,18 -1,56	
Q6ZWZ4 P47911	Rpl36 Rpl6	60S ribosomal protein L36 60S ribosomal protein L6	12,2 33,5	11,59 10,7	4 2,0E 9 6,9E	E-02 E-04	0,0 2,5	1,0 9,9	0,2 9,5	0,2 6,9	-2,00 -1,19	-2,00 -1,16	-2,00 -0,93	
P14869 P63325	אועה Rplp0 Rns10	60S acidic ribosomal protein P0 40S ribosomal protein S10	28 34,2 18 0	11,03 6,25 10.15	0         5,2E           3         4,2E           9         6,65	-03 -02 -04	3,5 1,2 1 2	1,6 3,7 4 2	1,8 3,1	2,2 3,8	0,/5 - <b>1,02</b> -1 12	0,63 -0,90 -0.69	0,46 -1,06 -0.94	
P63325 P62264 P62843	Rps10 Rps14 Rps15	405 ribosomal protein S10 405 ribosomal protein S14 405 ribosomal protein S15	18,9 16,3 17	10,15 10,05	9 6,1E 6 3,3E	E-04 E-03	1,2 1,2 1 8	4,3 4,1	2,4 2,7 3.6	3,3 3,1 5,6	-1,13 -1,11	-0,69	-0,94 -0,89 -1.01	
P14131 Q9CZX8	Rps16 Rps19	40S ribosomal protein S16 40S ribosomal protein S19	16,4 19.4	_0,09 10,21 10.45	21 1,9E 4 3.2E	E-06 E-02	3,5 1,9	2,5 8,7 4.6	5,6 7,4 2.9	6,7 2,9	-0,85 -0,84	-0,71 -0,44	-0,63 -0,42	
P25444 P62267	Rps23	40S ribosomal protein S2 40S ribosomal protein S2	31,2 15,8	10,24 10,49	6 4,5E 4 3,1E	E-03 E-02	0,8 0,7	5,2 2,1	4,4 0,5	4,0 0,6	-1,50 -0,95	- <b>1,42</b> 0,38	-1,37 0,15	
A0A1L1SQA8 Q6ZWN5	Rps25 Rps9	40S ribosomal protein S25 40S ribosomal protein S9	10,3 22,6	9,99 10,65	5 6,6E 4 2.0F	E-03 E-02	0,3 1,5	3,9 4,4	2,6 3,8	3,8 4,9	-1,71 -0,96	-1,58 -0,84	-1,70 -1,05	
P14206 A2AVJ7	Rpsa Rrbp1	40S ribosomal protein SA Ribosome-binding protein 1	32,8 158,3	4,87 9,19	14 4,3E 9 6,0E	E-05 E-04	5,9 2,1	12,7 0,0	9,7 0,0	7,8 0,0	<b>-0,74</b> 2,00	<b>-0,49</b> 2,00	-0,28 2,00	
Q99P72 P27005	Rtn4 S100a8	Reticulon-4 Protein S100-A8	126,5 10,3	4,54 5,68	3 4,4E 6 4,6E	-02 -03	0,0 0,0	0,0 0,0	0,8 1,3	0,3 0,6		-2,00 -2,00	-2,00 -2,00	
P31725 Q60710	S100a9 Samhd1	Protein S100-A9 Deoxynucleoside triphosphate triphosphohydrolase SAMHD1	13 75,8	7,17 7,93	6 4,0E 4 3,0E	-03 -02	1,3 0,0	2,7 0,0	7,5 1,6	5,8 1,2	-0,67	-1,40 -2,00	-1,25 -2,00	
Q8K2B3 E9Q1S3	Sdha Sec23a	Succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit, mitochondrial Protein transport protein SEC23	72,5 82,9	7,37 7,46	7 2,2E 4 2,2E	-03 -02	0,6 0,0	1,9 0,0	2,0 1,0	2,2 0,8	-1,05	-1,06 -2,00	-1,14 -2,00	
PU7758 P22599	Serpina1a Serpina1b	Alpha-1-antitrypsin 1-1 Alpha-1-antitrypsin 1-2 Alpha-1-antitrypsin 1-4	46 45,9	5,72 5,54	7 2,2E 8 9,2E 7		7,0 6,2	5,3 4,0	3,6 2,1	2,5 1,9	0,29 0,45	0,65 0,99	0,97 1,08	
Q00897 P07759 P32261	Serpina1d Serpina3k Serpina1	Serine protease inhibitor A3K Antithrombin-III	46 46,9 52	5,44 5,16 6.46	/ 1,7E 5 9,6E	-03 -03 -05	э,/ 17,8 1 б	3,1 2,3	1,9 1,7	1,9 0,0	0,58 1,54 2.00	0,98 1,66 2.00	1,02 2,00 2,00	
E9PWS2	Serpinc1 Serpinf1 Sfn	Pigment epithelium-derived factor 14-3-3 protein sigma	52 15,8 27 7	о,46 5,77 <u>4</u> 70	1,5E 5 7,0E 4 255	-03 -02	1,0 2,9 2 0	0,0 0,2 5 a	ט,ט 0,0 ס,ר	0,0 0,9 5.0	2,00 1,78 -0.68	2,00 2,00	2,00 1,09 -0 53	
P04919 P62320	Slc4a1 Snrpd3	Band 3 anion transport protein Small nuclear ribonucleoprotein Sm D3	27,7 103,1 13 ۹	-+,78 5,45 10,32	2,5E 9 4,4E 7 2,25	-04 -03	2,9 2,3 1.2	э,э 0,0 2 9	2,7 0,0 3,7	,0 0,0 २ २	2,00 - <b>0.8</b> 0	2,00 - <b>0.94</b>	-0,95 2,00 -0.91	
P62307 P08228	Snrpf Sod1	Small nuclear ribonucleoprotein F Superoxide dismutase [Cu-Zn]	9,7 15,9	4,67 6.51	, 2,3E 3 4,2E 3 4.0F	E-02	-,2 0,8 5.1	2,9 0,0 2.8	3,4 0,2 2 5	3,5 0,0 3,2	2,00 0.59	1,38 0.69	2,00 0.46	
Q62261 H7BX95	Sptbn1 Srsf1	Spectrin beta chain, non-erythrocytic 1 Serine/arginine-rich splicing factor 1	274,1 28,3	5,58 10,08	11 1,7E 8 1.2F	-04 -03	2,3 0,0	0,6 0,3	0,7 2,2	0,2 2,2	1,16 -2,00	1,09 -2,00	<b>1,73</b> -2,00	
P84104 Q8BL97	Srsf3 Srsf7	Serine/arginine-rich splicing factor 3 Serine/arginine-rich splicing factor 7	19,3 30,8	11,65 11,9	9 5,3E 9 6,0E	E-04 E-04	1,8 0,4	3,1 2,5	,_ 3,6 2,2	4,7 3,5	-0,54 -1,51	-0,67 -1,44	-0,88 -1,63	
E9Q1V0 P54116	St13 Stom	Hsc70-interacting protein (Fragment) Stomatin	14,2 31,4	4,51 6,93	6 5,4E 10 3,2E	E-03 E-04	0,0 0,8	0,8 0,0	0,0 0,0	0,2 0,0	<b>-2,00</b> 2,00	2,00	-2,00 2,00	
P11983 Q921I1	Tcp1 Tf	T-complex protein 1 subunit alpha Serotransferrin	60,4 76,7	6,16 7,18	4 2,7E 6 5,8E	-02 -03	4,7 16,1	2,0 9,7	2,6 11,4	2,4 5,6	0,79 0,50	0,59 0,34	0,65 0,96	
P35441 A0A0R4IZYO	Thbs1 Thop1 T	Thrombospondin-1 Thimet oligopeptidase	129,6 78	4,96 5,99	4 2,4E 4 2,0E	-02 -02	1,9 0,8	0,0 0,0	0,7 0,0	0,0 0,0	2,00 2,00	0,95 2,00	2,00 2,00	
гъV084 Q9CPQ3	Tomm22	Mitochondrial import receptor subunit TOM22 homolog	14,4 15,5	5,06 4,34	10 3,2E 4 2,6E 7		0,8 0,0	0,0 0,0	0,0 1,0	0,0 0,9	2,00	2,00 -2,00	<b>2,00</b> -2,00	
917751 P17751 P63028	Tpi1 Tpt1	Triosephosphate isomerase Translationally-controlled tumor protein	ט,2 26,7 19 ר	то,17 7,3 д ос	<ul> <li>2,1E</li> <li>4 2,8E</li> <li>4 1.25</li> </ul>	-02	12,6 0.6	0,0 19,6 2 1	0,0 18,6 2 7	0,0 17,8	2,00 -0,43 -1 34	∠,∪∪ -0,39 -1.29	∠,00 -0,34 -1 15	
. 03028 P07309 A2A007	Ttr Tubh1	Transthyretin Tubulin beta-1 chain	19,5 15,8 50 4	4,86 6,16 5,07	+ 1,8E 7 2,5E 5 1 45	-03 -02	0,0 1,6 5,7	3,1 1,2 11 4	2,/ 0,2 12 2	2,2 0,0 13 1	-1,34 0,29 -0.66	-1,65 -0,72	-1,10 2,00 -0.78	
Q7TMM9 P68372	Tubb2a Tubb4b	Tubulin beta-2A chain Tubulin beta-4B chain	50,4 49,9 49 8	5,07 4,89 4,89	4 3,0E 7 2 7	-02 -03	25,7 28,8	11,4 37,4 48.8	12,2 41,5 <u>51 1</u>	13,1 41,2 49 7	-0,37 -0.51	-0,47 -0.56	-0,46 -0.53	
P99024 Q922F4	Tubb5 Tubb6	Tubulin beta-5 chain Tubulin beta-6 chain	49,6 50,1	4,89 4,89	4 2,1E 6 4.1F	-02 -03	37,1 11,5	51,0 19,8	55,9 23,3	54,7 21,4	-0,32 -0,53	-0,41 -0,68	-0,38 -0,60	
Q8BFR5 Q3TW96	Tufm Uap1l1	Elongation factor Tu, mitochondrial UDP-N-acetylhexosamine pyrophosphorylase-like protein 1	49,5 56,6	7,56 5,43	9 4,4E 12 1,2E	E-04 E-04	2,1 1,4	0,2 7,7	0,8 5,3	0,3 5,9	1,74 - <b>1,39</b>	0,90 <b>-1,18</b>	1,46 -1,24	
Q9DB77 P61759	Uqcrc2 Vbp1	Cytochrome b-c1 complex subunit 2, mitochondrial Prefoldin subunit 3	48,2 22,4	9,25 6,28	5 7,5E 5 9,7E	E-03 E-03	1,5 0,0	0,3 0,5	0,2 0,0	0,0 0,0	1,26 -2,00	1,59	2,00	
Q64727 P20152	Vcl Vim Vtr	vinculin Vimentin Vitropectin	116,6 53,7	6 5,12	7 2,2E 5 1,2E		9,3 87,2	0,0 76,4	1,6 98,3	0,8 106,3	2,00	1,40	1,67 -0,20	
r 29788 Q <del>3U3T8</del> Q9C0\/8	vui Wdr62 Ywhad	WD repeat-containing protein 62 14-3-3 protein beta/alpha	54,8 	5,88 <del>5,48</del> 4 وم	4 3,1E 5 1,1E 5 1.05	-02 -02 -02	2,3 0,6 3.6	0,2 0,0 & 7	4,0 	0,7 0,0 g 1	1,/3 2,00 -0.82	-0,55 2,00 -0.66	1,08 <mark>2,00</mark> -0.76	
P62259 P61982	Ywhae Ywhae	14-3-3 protein epsilon 14-3-3 protein gamma	29,2 28,3	-,05 4,74 4.89	18 7,4E 7 2.65	-06 -03	5,0 5,0 2.7	3,7 15,2 7.3	,,2 13,0 5 9	0,1 19,4 8.1	Bari E <b>L <u>a</u>1</b> al. J Immu -0,91	unothe <b>i0@m</b> cer 202 -0,73	3; 11:e005 <b>9168</b> doi: 10.1136/j - <b>0.99</b>	itc-2022-005916
P68510 P68254	Ywhah Ywhaq	14-3-3 protein eta 14-3-3 protein theta	28,2 27,8	4,89 4,78	7 2,3E 4 2,9E	E-03 E-02	3,2 2,7	7,2 6,0	4,8 5,5	6,9 6,5	-0,77 -0,75	-0,40 -0,67	-0,74 -0,82	

Data file S4. Differentially expressed proteins (DEPs) identified by LDA (Prob<0.05) by comparing PSMs from MB49 Bladder cancer model untreated (CTR, n=6), treated with SNFs-OVA (SNFs-OVA, n=6) and treated with SNFs-CpG (SNFs-CpG, n=6). Average PSMs are shown. Pairwise comparisons (CTR vs SFNs-OVA; CTR vs SFNs-CpG) by DAve index are reported; positive DAve values (in red) indicate proteins up-regulated in CTR (down-regulated in SFNs treatments), while negative DAve values (in blue) indicate proteins up-regulated following SFNs treatments (down-regulated in CTR).

ID UNIPROT Q9D8W5	Gene name Psmd12	Annotations Description 26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 12	<b>MW [kDa]</b> 52,9	calc. pl	LC F Ratio	DA <b>Prob&gt;F</b> 4,2E-13	Av. PSMs (M CTR 0	B49 BLADDEF SFNs-OVA 2	CANCER M SFNs-CpG 0	Dav CTR vs SFNs-OVA -2,00	ve index A CTR vs SFNs-CpG	
A0A0N4SW94 P17426 O35955	Myadm Ap2a1 Psmb10	Myeloid-associated differentiation marker (Fragment) AP-2 complex subunit alpha-1 Proteasome subunit beta type-10	8,6 107,6 29	8,38 7,03 6,87	65 62 45	1,7E-10 2,8E-10 4,5E-09	2 0 3,5	0 1,7 1,5	0,2 0 6,9	2,00 -2,00 0,80	1,64	
P46935 E9Q9E1 P17751	Nedd4 Eif4g1 Tpi1	E3 ubiquitin-protein ligase NEDD4 Eukaryotic translation initiation factor 4 gamma 1 Triosenbosnbate isomerase	102,6 175,2 26 7	5,26 5,38 7 3	44 25 22	5,0E-09 6,6E-07 1 5E-06	0 0,2 8,6	1,5 2,8 11 3	0 0,2 3	-2,00 -1,73 -0.27	0.97	
P17751 P50516 G5E8J2	Tp11 Atp6v1a Ank1	V-type proton ATPase catalytic subunit A Ankyrin-1	26,7 68,3 202,4	7,3 5,58 6,65	22 20 19	1,5E-06 2,6E-06 4,9E-06	8,6 0,5 2	0,3 0,2	3 3,2 0	-0,27 0,50 1,64	0,97 -1,46 2,00	
P14869 P63268 P20918	Rplp0 Actg2 Plg	60S acidic ribosomal protein PO Actin, gamma-enteric smooth muscle Plasminogen	34,2 41,9 90 7	6,25 5,48	16 15 14	1,8E-05 2,0E-05 3 4E-05	2,4 72,4 4 9	5,7 64 1.6	2,3 113,5 1.8	-0,81	-0,44	
P01872 A0A0A6YVP0	lghm Ighg2b	Immunoglobulin heavy constant mu Immunoglobulin heavy constant gamma 2B (Fragment)	49,9 44,3	7,01 6,52	14 14	3,7E-05 3,7E-05 3,7E-05	0,6 0,7	0,4 4,5	2,8 8,8	0,40 -1,46	-1,29 -1,71	
Q61074 Q8K297 P68134	Ppm1g Colgalt1 Acta1	Protein phosphatase 1G Procollagen galactosyltransferase 1 Actin, alpha skeletal muscle	58,7 71 42	4,39 7,28 5,39	13 13 13	6,4E-05 6,5E-05 6,9E-05	0,5 0 79,5	2 1,5 71,8	0,2 0 121	-1,20 -2,00	0,86 -0,41	
Q9R1P1 G3UVV4 B77NL2	Psmb3 Hk1 Nap14	Proteasome subunit beta type-3 Hexokinase	22,9 101,8	6,55 6,67	13 12	7,1E-05 9,4E-05	0 4,7	1,5 0	0 0,7	-2,00 2,00	1,48	
P50518 Q62167	Atp6v1e1 Ddx3x	V-type proton ATPase subunit E 1 ATP-dependent RNA helicase DDX3X	43,9 26,1 73,1	4,68 9,23 7,18	12 12 12	9,5E-05 1,0E-04 1,3E-04	0,5 0,2 6,8	2,3 0 8,8	0 1,5 5,1	-1,29 2,00 -0,26	-1,53 0,29	
P26883 P97352 P16045	Fkbp1a S100a13 Lgals1	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase FKBP1A Protein S100-A13 Galectin-1	11,9 11,2 14,9	8,16 6,13 5,49	11 11 11	1,4E-04 1,9E-04 2,0E-04	1,3 1,8 2,7	2 0,5 1,8	0 0 0,2	-0,42 1,13 0,40	2,00 2,00 1,72	
P62849 Q64522 P60710	Rps24 H2ac21 Acth	40S ribosomal protein S24 Histone H2A type 2-B Actin. extenlasmic 1	15,4 14 41 7	10,78 10,89	11 10	2,1E-04 2,5E-04	0,3 24 130.2	3,2 35,9 110	0 22,4 179.4	-1,66 -0,40	2,00	
P54116 Q9D6Z1	Stom Nop56	Stomatin Nucleolar protein 56	31,4 64,4	6,93 9,44	10 10	3,2E-04 3,7E-04	0,6 0,2	0	0 0,4	2,00 -1,53	<b>2,00</b> -0,67	
P99029 A0A140T8N1 P62900	Prdx5 Igkv1-88 Rpl31	Thioredoxin-dependent peroxiredoxin Immunoglobulin kappa chain variable 1-88 (Fragment) 60S ribosomal protein L31	21,9 13,2 14,5	9,25 8,02 10,54	10 10 10	3,8E-04 3,9E-04 4,1E-04	4,4 0 0,2	5,5 0 2	14,2 1,6 0,4	-0,22 -1,64	-1,05 -2,00 -0,67	
P70696 A0A7N9VR94	H2bc1 Ahnak2	Histone H2B type 1-A AHNAK nucleoprotein 2 Translocator protoin	14,2 368,2	10,29 5,88	9	4,4E-04 4,6E-04	17,6 5,7	5,7 3,8	19,8 0,4	1,02 0,40	1,74	
P09411 Q9CZN7	Pgk1 Shmt2	Phosphoglycerate kinase 1 Serine hydroxymethyltransferase, mitochondrial	44,5 55,7	7,9 8,47	9 9	4,0E-04 5,0E-04 5,2E-04	22,3 4,2	16,3 2,8	9,9 0,4	0,31 0,40	0,77 1,65	
Q8BFZ3 G3UZI2 Q8R1F1	Actbl2 Syncrip Niban2	Beta-actin-like protein 2 Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein Q Protein Niban 2	42 58,7 84,8	5,49 7,56 5,94	9 9 9	5,3E-04 6,1E-04 6,4E-04	78 4,9 1,1	63,3 7,1 2	107,8 1,6 0	0,21 -0,37 -0,58	-0,32 1,02 2,00	
Q08943 P47911	Ssrp1 Rpl6	FACT complex subunit SSRP1 60S ribosomal protein L6	80,8 33,5	6,76 10,7	9 9	6,4E-04 6,5E-04	0 4,9	1,5 8,6	0,2 1,1	-2,00 -0,55	-2,00 1,27	
Q64475 Q91XL1	H2bc3 Lrg1	Histone H2B type 1-B Leucine-rich HEV glycoprotein	13,9 37,4	7,69 10,32 6,61	8	7,2E-04 8,8E-04 8,9E-04	5,8 50,8 1,8	7,4 39,4 0	58,1 0,2	0,25 2,00	1,60	
D3Z2M0 Q9CZU6 Q9EPB4	Ctu2 Cs Pycard	Cytoplasmic tRNA 2-thiolation protein 2 (Fragment) Citrate synthase, mitochondrial Apoptosis-associated speck-like protein containing a CARD	27,3 51,7 21,4	8,19 8,57 5,43	8 8 8	9,6E-04 9,9E-04 1,1E-03	1,5 1,6 0	1 4 0,2	0,8 1,7 4,6	0,40 -0,86 -2,00	0,61 -2,00	
Q80X19 Q64525	Col14a1 Hist2h2bb	Collagen alpha-1(XIV) chain Histone H2B type 2-B 26S protocome non ATPace regulatory subunit 2	192,9 13,9	5,1 10,32	8 8	1,1E-03 1,2E-03	0 53,3	3,3 39,4	13,3 58,3	-2,00 0,30	-2,00	
Q8VDM4 P14483 Q542I8	Psmd2 H2-Ab1 Itgb2	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 2 H-2 class II histocompatibility antigen, A beta chain Integrin beta	100,1 30,1 84,8	5,17 7,24 7,05	8 8 8	1,2E-03 1,3E-03 1,3E-03	1 0,5 1,5	2 1,5 2,5	0,2 5,1 5,1	-0,67 -1,00 -0,50	1,33 -1,64 -1,09	
A0A384DV79 Q923D2 P17182	Hmga1 Blvrb Eno1	High mobility group protein HMG-I/HMG-Y Flavin reductase (NADPH) Alpha-enolase	10,5 22,2 47.1	10,43 7,01 6.8	8 8 8	1,4E-03 1,4E-03 1.5E-03	1,3 1,7 43.5	0 0,9 29.2	0 2,3 26.4	2,00 0,62 0.39	2,00 -0,30 0.49	
A6ZI44 E9QLG3	Aldoa Mga	Fructose-bisphosphate aldolase MAX gene-associated protein	45,1 332,9	7,91 7,58	7 7	1,5E-03 1,6E-03	17,9 0	11,6 1,8	8,5 0,2	0,43 -2,00	<b>0,71</b> -2,00	
Q9JL26 F6WR04 A0A0R4J2B2	HIC2 Ctss Kctd12	Cathepsin S BTB/POZ domain-containing protein KCTD12	38,6 35,9	6,35 7,15 5,81	7 7 7	1,6E-03 1,7E-03 1,8E-03	0	0 0,2	0 3,2 5,7	-2,00	-2,00 -2,00	
A0A0A6YY53 Q14AA6 Q99K94	lghg2c 1700009N14Rik Stat1	Immunoglobulin heavy constant gamma 2C (Fragment) GTP-binding nuclear protein Ran Signal transducer and activator of transcription	36,5 24,3 87.1	8,02 7,97 6.02	7 7 7	1,8E-03 1,9E-03 1.9E-03	0 0 0	0 1,3 0.8	4,5 0 7.7	-2,00 -2.00	-2,00	
A0A498WGD8 P14733	Txnl1 Lmnb1	Thioredoxin-like protein 1 Lamin-B1	32,7 66,7	5,07 5,16	7	2,1E-03 2,2E-03	0,9 6,6	1,4 0,7	0,2 3,2	-0,43 1,62	1,27 0,69	
Q9WTI7 Q61937	Myo1c Npm1	Unconventional myosin-Ic Nucleophosmin	121,9 32,5	9,35 4,77	7 7 7	2,2E-03 2,2E-03 2,2E-03	0,3 5,8	0,2 7,5	2,2 1,6 1,2	0,40 -0,26	-1,37 1,31	
A0A0N4SV32 A0A1B0GS13 Q8R0W0	Serbp1 Bax Eppk1	Plasminogen activator inhibitor 1 RNA-binding protein Apoptosis regulator BAX (Fragment) Epiplakin	39,6 12,6 724,2	9,66 4,94 6,07	7 7 7	2,3E-03 2,5E-03 2,5E-03	0,6 2,3 1,8	2,3 1,5 3,5	0,6 0,5 0,7	-1,17 0,42 -0,64	1,29 0,88	
P25444 I7HLV2 P99026	Rps2 Rpl10 Psmb4	40S ribosomal protein S2 60S ribosomal protein L10 (Fragment) Proteasome subunit beta type-4	31,2 23,1 29 1	10,24 10,01 5.64	7 7 7	2,6E-03 2,7E-03 2 8E-03	2,5 2,1 0.2	5,6 1,5 0 3	0,8 0,2 1 5	-0,77 0,33 -0,40	1,03 1,65	
Q9D1A2 Q8BSH9	Cndp2 Nap1l1	Cytosolic non-specific dipeptidase Nucleosome assembly protein 1-like 1	52,7 44,6	5,66 4,56	7 7	2,8E-03 2,8E-03	0,8 1,5	2,8 3,8	14 0,4	-1,11 -0,87	-1,78 1,16	
Q9DBJ1 Q8BG07 Q9Z1R9	Pgam1 Pld4 Prss1	Phosphoglycerate mutase 1 5'-3' exonuclease PLD4 Protease, serine 1 (trypsin 1)	28,8 56,1 26,1	7,18 7,31 4,94	7 7 7	2,8E-03 2,9E-03 2,9E-03	8,9 0 0,3	8 0 1,8	3,9 2,5 0,6	-1,43	0,78 -2,00 -0,67	
P19324 Q62433 O09131	Serpinh1 Ndrg1 Gsto1	Serpin H1 Protein NDRG1 Glutathione S-transferase omega-1	46,5 43 27,5	8,82 6,1 7,36	6 6 6	3,3E-03 3,4E-03 3,6E-03	3,3 1,3 2,4	17,6 0 0,2	15,4 0,4 0	-1,37 2,00 1,69	-1,29 1,06 2,00	
P97351 E9PWS2	Rps3a Serpinf1	40S ribosomal protein S3a Pigment epithelium-derived factor	29,9 15,8	9,73 5,77	6	3,7E-03 3,7E-03	1 0,3	0 0,2	0 2,6	2,00 0,40	<b>2,00</b> -1,59	
P58252 P62855	Eef2 Rps26	Elongation factor 2 40S ribosomal protein S26	95,3 13	5,33 6,83 11	6	3,8E-03 3,8E-03 3,8E-03	2,9 15,2 5,4	3,3 18,7 4,1	9,9 0,9	-0,21 0,27	0,42 1,43	
E9Q5L2 P54071 P14131	ltih4 Idh2 Rps16	Inter alpha-trypsin inhibitor, heavy chain 4 Isocitrate dehydrogenase [NADP], mitochondrial 40S ribosomal protein S16	102,8 50,9 16,4	6,37 8,69 10,21	6 6 6	3,9E-03 3,9E-03 4,0E-03	1,5 0 4,6	0 1,2 8	0 0 5,4	<b>2,00</b> -2,00 -0,54	2,00	
A0A0A0MQA5 Q9ERD7 P28654	Tuba4a Tubb3 Dcn	Tubulin alpha chain (Fragment) Tubulin beta-3 chain Decorin	52,9 50,4	5,19 4,93	6	4,3E-03 4,3E-03 4 3E 0	30,8 38	26,1 44,9	22,9 38,2	0,17 -0,17	0,29	
P28063 P51150	Psmb8 Rab7a	Proteasome subunit beta type-8 Ras-related protein Rab-7a	39,8 30,2 23,5	ة,68 6,68 6,7	ь 6 6	.,∍E-03 4,3E-03 4,5E-03	0 2,7	4,3 0 7,6	3,1 1,2 3,8	-2,00	-2,00 -2,00 -0,34	
Q921M7 E9Q8F0 A0A0G2JEB3	Cyrib Rbm39 Fdps	כזרוץ-related Rac1 interactor B RNA-binding protein 39 Farnesyl pyrophosphate synthase (Fragment)	36,8 47 25,9	6,06 10,52 7,21	6 6 6	4,6E-03 4,6E-03 4,7E-03	0 0,4 1,8	1,5 1,8 5,1	3,2 0,5 0,2	-2,00 -1,27 -0,96	-2,00 -0,22 1,60	
P62806 Q91X72 Q60710	H4c1 Hpx Sambd1	Histone H4 Hemopexin Deoxynucleoside triphosphate triphosphatedeox CANNES	11,4 51,3 75 6	, 11,36 7,8	6	4,7E-03 4,8E-03 4 9F 2	66,6 2,6	46,6 0,7	62,9 7,9	0,35	-1,01	
Q64433 P63276	Hspe1 Rps17	10 kDa heat shock protein, mitochondrial 40S ribosomal protein S17	75,8 11 15,5	7,93 8,35 9,85	ь 6 6	.,∍E-03 4,9E-03 5,1E-03	2 3,2 1,2	2,9 2,8 2,3	9,2 0,2 0,5	-0,37 -0,63	-1,29 1,76 0,82	
Q99M73 A2ANA0 Q8CGP4	Krt84 Sec23b H2ac1	κeraτιn, type II cuticular Hb4 Protein transport protein SEC23 (Fragment) Histone H2A	64,9 31,4 14	7,84 6,07 11,21	6 6 6	5,1E-03 5,1E-03 5,2E-03	0,7 0,2 51,7	2,2 1,7 36,4	0 0,4 53,4	-1,03 -1,58 0,35	2,00 -0,67	
Q61316 Q922F4 Q61599	Hspa4 Tubb6 Arhgdib	Heat shock 70 kDa protein 4 Tubulin beta-6 chain Rho GDP-dissociation inhibitor 2	94,1 50,1 22.5	5,24 4,89 5 11	6 6 6	5,2E-03 5,4E-03 5,5F-00	2 30,4 1	2 37,1 1 5	0,6 26 3.4	-0,20	1,08 0,16 -1.09	
Q4VAA2 G3UWN5	Cdv3 Apoe	Protein CDV3 Apolipoprotein E (Fragment)	22,8 29,7 26,4	6,1 6,15 -	6	,	1,2 1,5	0 0 0	0,3 1,6	2,00 2,00	1,20	
Q92111 Q61247 P62267	rf Serpinf2 Rps23	Serotransferrin Alpha-2-antiplasmin 40S ribosomal protein S23	76,7 54,9 15,8	7,18 6,3 10,49	6 6 6	ɔ,7E-03 5,8E-03 6,0E-03	11,2 1,2 0	7,2 0,3 1,2	14,6 0 0	0,43 1,20 -2,00	-0,26 2,00	
A0A0N4SV00 D3Z7J8 Q61635	Cct7 Ccdc61 Ifi47	T-complex protein 1 subunit eta Centrosomal protein CCDC61 (Fragment) GTP-binding protein	55 20,6 46 8	7,83 5,59 6 7 4	6 6 6	6,1E-03 6,2E-03 6,3E-02	2,2 0,6	1 1,7 0 2	0 6 1 2	0,75 -0,96 -2,00	<b>2,00</b> -1,64 -2,00	
E9PXX7 P14211	Txndc5 Calr	Thioredoxin domain-containing protein 5 Calreticulin Plectin	-+0,8 38,5 48	5,74 5,39 4,49	5 5 5	,	1,5 0	4,3 1,8	-,- 7,2 0,4	-0,97 -2,00	-1,31 -2,00	
Q9QXS1 Q62009 P62827	Plec Postn Ran	Plectin Periostin GTP-binding nuclear protein Ran	533,9 93,1 24,4	5,96 7,53 7,49	5 5 5	7,3E-03 7,4E-03 7,4E-03	73,7 6,4 0,2	48,2 9,1 2,5	18,5 15,9 0	0,42 -0,35 -1,70	1,20 -0,85 2,00	
Q9Z2X1 P28653	Hnrnpf Bgn Colfo2	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein F Biglycan	45,7 41,6	5,49 7,27	5	7,5E-03 7,7E-03	4,4 0	6,5 2,7	2,3 4,5	-0,39 -2,00	0,63 -2,00	
E9PWQ3 P07356 Q9EQ06	Col6a3 Anxa2 Hsd17b11	Collagen, type VI, alpha 3 Annexin A2 Estradiol 17-beta-dehydrogenase 11	353,7 38,7 32,9	6,93 7,69 8,66	5 5 5	7,8E-03 7,9E-03 8,0E-03	12,9 38,4 0	57,9 34,7 0	80,2 18,4 1,4	-1,27	-1,45 0,70 -2,00	
E9Q5F6 P05784 A2BE93	Ubc Krt18 Set	Polyubiquitin-C (Fragment) Keratin, type I cytoskeletal 18 Protein SET (Fragment)	22,6 47,5 24 9	7,4 5,33 5 55	5 5 5	8,3E-03 8,4E-03 8 4F-03	8,5 53,5 2 2	4,3 26,4 2 1	5,4 15,7 0 5	0,66 0,68	0,45 1,09 1,26	
P08207 P12970	Set S100a10 Rpl7a	Protein SET (Fragment) Protein S100-A10 60S ribosomal protein L7a	24,9 11,2 30	6,77 10,56	5 5 5	8,4E-03 8,7E-03 8,9E-03	2,2 2,4 4,4	2,1 0,2 3,1	0,5 1,1 1	1,69 0,35	1,26 0,74 1,26	
P62320 A0A0A6YXW6 Q9Z1Q9	Snrpd3 Igha Vars1	Small nuclear ribonucleoprotein Sm D3 Immunoglobulin heavy constant alpha (Fragment) ValinetRNA ligase	13,9 42 140.1	10,32 4,94 7.77	5 5 5	9,0E-03 9,2E-03 9.4E-03	1,8 1,3 8.7	4 1,2 0	1,8 6,3 4	-0,76	-1,32 0.74	
Q02788 P42208	Col6a2 Septin2	Collagen alpha-2(VI) chain Septin-2	110,1 110,3 41,5	6,42 6,55	5 5 5	9,4E-03 9,5E-03	0,2 0,7	5,9 3,2	6,6 0,7	-1,87 -1,28	-1,88	
B2RX14 A0A1W2P7Q6 P47753	Tut4 Xpot Capza1	Erminal uridylyltransferase 4 Exportin-T F-actin-capping protein subunit alpha-1	184,5 109,7 32,9	8,19 5,31 5,55	5 5 5	9,5E-03 9,5E-03 9,6E-03	0 0 1,5	0,5 0,5 2,3	0 0 3,1	-2,00 -2,00 -0,42	-0,70	
Q9DCV7 P21981 P62137	Krt7 Tgm2 Ppp1ca	Keratin, type II cytoskeletal 7 Protein-glutamine gamma-glutamyltransferase 2 Serine/threonine-protein phosphatase PP1-alpha catalytic subunit	50,7 77 37,5	5,87 5,1 6,33	5 5 5	9,7E-03 9,9E-03 1,0E-02	0,5 5,2 0,5	0 2,1 1,5	0 4,3 0	2,00 0,85 -1,00	2,00 0,19 2,00	
O70435 Q07076	Psma3 Anxa7	Proteasome subunit alpha type-3 Annexin A7	28,4 49,9	5,44 6,18	5	1,0E-02 1,0E-02 1,0E-02	0,5 0,5	0	1,1 0	2,00	-2,00 2,00	
Q587J6 P97449 Q8CGK3	L1td1 Anpep Lonp1	LINE-1 type transposase domain-containing protein 1 Aminopeptidase N Lon protease homolog, mitochondrial	88,1 109,6 105,8	5,45 5,9 6,57	5 5 5	1,0E-02 1,0E-02 1,0E-02	0,5 0 0,2	0 0 1,2	0 0,6 0	2,00 -1,43	2,00 -2,00 2,00	
O35658 P29351 P25911	C1qbp Ptpn6	Complement component 1 Q subcomponent-binding protein, mitochondrial Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 6	31 67,5	4,92 7,81	55	1,0E-02 1,1E-02	0,2	0,5 1	0,2 4,4	-0,86 -2,00	-2,00	
P09405 O35129	Ncl Phb2	Nucleolin Prohibitin-2	76,7 33,3	4,75 9,83	5	1,1E-02 1,1E-02	12,5 8,3	14,9 6,1	5,6 3,4	-0,18 0,31	0,76 0,84	
A0A087WS56 Q922B2 P97429	Fn1 Dars1 Anxa4	Fibronectin AspartatetRNA ligase, cytoplasmic Annexin A4	249,4 57,1 35,9	5,82 6,49 5,57	5 5 5	1,1E-02 1,1E-02 1,1E-02	55,5 1,9 11	25,1 0,2 6,6	20,9 0 5,2	0,75 1,62 0,50	0,91 2,00 0,72	
Q9JM76 E9Q4F4 P08030	Arpc3 Snrpe Aprt	Actin-related protein 2/3 complex subunit 3 Small nuclear ribonucleoprotein E Adenine phosphoribosyltransferase	20,5 10,9 19 7	8,59 8,48 6 79	5 5 5	1,1E-02 1,1E-02 1 2E-02	1,5 1,5 10.6	2,1 2,8 10.6	3,8 1,7 4.6	-0,33 -0,60	-0,87	
A0A1B0GSG5 Q60847	Rnh1 Col12a1	Ribonuclease inhibitor Collagen alpha-1(XII) chain	53,9 340	5,01 5,64	5	1,2E-02 1,2E-02	2,8 0,4	1,7 7,1	0,4 7,7	0,49 -1,79	<b>1,50</b> -1,80	
P57759 E9QNN1 Q9DC61	Erp29 Dhx9 Pmpca	Endoplasmic reticulum resident protein 29 DEAH box protein 9 Mitochondrial-processing peptidase subunit alpha	28,8 149,6 58,2	6,15 6,83 6,83	5 5 5	1,2E-02 1,2E-02 1,3E-02	0,2 0,9 1,4	0 2,3 0	1,4 0 0,2	2,00 -0,88 2,00	-1,50 2,00 1,50	
Q61990 Q8BTM8 P01592	Pcbp2 Flna Jchain	Poly(rC)-binding protein 2 Filamin-A Immunoglobulin J chain	38,2 281 18	7,77 6,04 4.89	5 5 5	1,3E-02 1,3E-02 1.3E-02	2,1 17,8 0	1,5 16 0	0,2 9,7 1	0,33	1,65 0,59 -2.00	
Q99JR5 P62908	Tinagl1 Rps3	Tubulointerstitial nephritis antigen-like 40S ribosomal protein S3	52,6 26,7	6,77 9,66	5 5	1,3E-02 1,3E-02	0 8,7	1,2 9,4	0 2,3	-2,00	1,16	
Q04857 A0A1C7CYU3	Col6a1 Nucb1	Collagen alpha-1(VI) chain Nucleobindin-1	108,9 108,4 53	5,36 5,07	5 5 5	1,3E-02 1,4E-02 1,4E-02	1,8 2,4 0	4,5 13,6 1	1,6 14 1,5	-0,86 -1,40 -2,00	-1,41 -2,00	
Q8VCW8 P46467 P84244	Acsf2 Vps4b H3-3a	Medium-chain acyl-CoA ligase ACSF2, mitochondrial Vacuolar protein sorting-associated protein 4B Histone H3.3	67,9 49,4 15.3	8,18 7,11 11.27	5 5 5	1,4E-02 1,4E-02 1.4E-02	0 0 22.3	0 0 8.7	1 1 18.6	0.88	-2,00 -2,00 0.18	
O55222 P56480	llk Atp5f1b	ATP synthase subunit beta, mitochondrial	51,3 56,3	8,07 5,34	5 5	1,4E-02 1,4E-02 1,4E-02	0,9 43,6	0,7 49,4	2,3 51,4	0,25	-0,16	
Q04447 P17427 A8DUK4	Ckb Ap2a2 Hbb-bs	Creatine kinase B-type AP-2 complex subunit alpha-2 Beta-globin	42,7 104 15,7	5,67 6,93 7,69	5 4 4	1,4E-02 1,4E-02 1,5E-02	0 0 113,9	0,5 2 53,3	6,8 1,1 30,2	-2,00 -2,00 0,72	-2,00 -2,00 1,16	
P21279 P70670 P36371	Gnaq Naca Tap2	Guanine nucleotide-binding protein G(q) subunit alpha Nascent polypeptide-associated complex subunit alpha, muscle-specific form Antigen peptide transporter 2	42,1 220,4 77.4	5,68 9,35 7.24	4 4 4	1,5E-02 1,5E-02 1.5E-02	0 1,6 0.6	0,3 2,7 0.7	1,4 0 0.4	-2,00 -0,51 -0,15	-2,00 2,00 0.40	
Q8CIE6 P06800	Copa Ptprc	Coatomer subunit alpha Receptor-type tyrosine-protein phosphatase C	138,3 144,7	7,65 5,94	4	1,6E-02 1,7E-02	0	0,2 0,5	0 1,6	-2,00 -2,00	-2,00	
P08113 070172	Hsp90b1 Pip4k2a	Endoplasmin Phosphatidylinositol 5-phosphate 4-kinase type-2 alpha	92,4 46,1	5,53 4,82 6,99	4 4 4	1,7E-02 1,7E-02 1,7E-02	8,4 0	9,3 0	0,2 16,8 1,2	-2,00	-2,00 -0,67 -2,00	
Q61830 P00493 A0A0G2JG10	Mrc1 Hprt1 Dhx15	Macrophage mannose receptor 1 Hypoxanthine-guanine phosphoribosyltransferase Pre-mRNA-splicing factor ATP-dependent RNA helicase DHX15	164,9 24,6 68.5	6,83 6,68 6,8	4 4 4	1,7E-02 1,8E-02 1.8E-02	0 0,3 2.6	2,5 0,2 2.8	0,4 1,3 1.3	-2,00 0,40	-2,00 -1,25 0.67	
A2BGG7 Q61753	Ybx1 Phgdh	Y-box-binding protein 1 (Fragment) D-3-phosphoglycerate dehydrogenase	24,7 56,5	10,1 6,54	4	1,8E-02 1,8E-02	4,4 7	2,8 3,6	0,9 2,3	0,44 0,64	1,32 1,01	
P11079 P42932 P48678	Cct8 Lmna	T-complex protein 1 subunit theta Prelamin-A/C	59,5 74,2	5,82 5,62 6,98	4 4 4	1,9E-02 1,9E-02 1,9E-02	8,5 19,9	5,6 13,4	3,9 6,6	0,39 0,41 0,39	0,74 1,00	
P14824 P26041 H7BX99	Anxa6 Msn F2	Annexin A6 Moesin Prothrombin	75,8 67,7 70,2	5,5 6,6 6,43	4 4 4	1,9E-02 1,9E-02 1,9E-02	4 3,5 0,7	5,5 11,2 2,3	10,8 16,7 0,5	-0,32 -1,05 -1,07	-0,92 -1,31 0,33	
Q60973 A0A0G2JGD2 G5E8E1	Rbbp7 S100a4 Itgam	Histone-binding protein RBBP7 Protein S100-A4 (Fragment) Integrin alpha-M	47,8 9,1 127 5	5,05 5,21 7 25	4 4 4	2,0E-02 2,0E-02 2.0E-02	0 2,1 0.4	0,7 2,8 1 7	0 0,4 5.6	-2,00 -0,29 -1 24	1,36 -1 73	
Q60668 P62821	Hnrnpd Rab1A	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein D0 Ras-related protein Rab-1A	38,3 22,7	7,23 7,81 6,21	4 4 4	2,0E-02 2,0E-02 2,0E-02	3 0,2	1,7 3,8 1,7	1,3 0,9	-1,24 -0,24 -1,58	-1,73 0,79 -1,27	
Q76MZ3 Q8R180 A6ZI46	Ppp2r1a Ero1a Aldoart1	Serine/threonine-protein phosphatase 2A 65 kDa regulatory subunit A alpha isoform ERO1-like protein alpha Fructose-bisphosphate aldolase	65,3 54,1 45,3	5,11 6,54 7,05	4 4 4	2,0E-02 2,1E-02 2,1E-02	1,4 5 6,2	3,7 4,1 0	0,7 0,9 1,9	-0,90 0,20 2,00	0,67 1,39 1,06	
Q05144 P08074 A0A45218A5	Rac2 Cbr2 Eci1	Ras-related C3 botulinum toxin substrate 2 Carbonyl reductase [NADPH] 2 Enovl-CoA delta isomerase 1 mitochondrial	21,4 25,9 32	7,61 9,01 8 98	4 4 4	2,1E-02 2,1E-02 2 1E-02	0 0 0 7	1,1 3,4 1 5	2,3 0 2	-2,00 -2,00 -0 73	-2,00	
Q6P069 A0A286YDA2	Sri Nolc1 Plc2	Sorcin Nucleolar and coiled-body phosphoprotein 1 Plastin-3 (Fragment)	21,6 73,4	5,59 9,35	4	2,1E-02 2,2E-02 2,25	1 0,9	0	- 0 0 5	2,00 2,00	2,00	
A0A1C7CYV0 A2AFQ2 P16015	Pis3 Hsd17b10 Ca3	Plastin-3 (Fragment) 3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase type-2 Carbonic anhydrase 3	70,6 28,4 29,3	5,62 8,76 7,37	4 4 4	2,2E-02 2,2E-02 2,2E-02	1,2 2,5 0	1,2 0 3,4	5 1,6 11,4	<b>2,00</b> - <b>2,00</b>	-1,23 0,44 -2,00	
A0A087WNX7 P08228 P62242	Srcap Sod1 Rps8	Snīz-related CREBBP activator protein Superoxide dismutase [Cu-Zn] 40S ribosomal protein S8	333,4 15,9 24,2	5,57 6,51 10,32	4 4 4	2,2E-02 2,2E-02 2,2E-02	0 5,4 2,6	0,7 3,3 2,5	0,2 5,6 0	-2,00 0,48	-2,00 2,00	
Q9JKR6 Q02013 Q8RW/T1	Hyou1 Aqp1 Acaa2	Hypoxia up-regulated protein 1 Aquaporin-1 3-ketoacyl-CoA thiolase, mitochondrial	111,1 28,8 41.0	5,19 7,43 8.00	4 4	2,3E-02 2,3E-02 2.3E-02	0,5 1	3,5 0 0 7	2,2 0 1 8	-1,50 2,00	-1,26 2,00 -2,00	
Q3UA72 055143	Arpc5 Atp2a2	Actin-related protein 2/3 complex subunit 5 Sarcoplasmic/endoplasmic reticulum calcium ATPase 2	+1,8 9,7 114,8	5,19 5,34	4	2,4E-02 2,4E-02 2,4E-02	0,2 0,2	0 3,1	0,8 0	2,00 2,00 -1,76	-1,20 2,00	
Q8K1B8 Q99JY0	Fermt3 Hadhb	Fermitin family homolog 3 Trifunctional enzyme subunit beta, mitochondrial	20,5 75,6 51,4	0,54 7,05 9,38	4 4 4	_,+c-U2 2,4E-O2 2,4E-O2	0,7 0 0	1,8 0,2 1	1 2 2,5	-0,88 -2,00 -2,00	-0,35 -2,00 -2,00	
⊦ชWIV2 Р62082 F8VQJ3	serpinb6a Rps7 Lamc1	Serme (or cysteine) peptidase inhibitor, clade B, member 6a 40S ribosomal protein S7 Laminin subunit gamma-1	44,7 22,1 177,1	6,38 10,1 5,19	4 4 4	∠,4E-02 2,5E-02 2,5E-02	2,9 6,2 0	1 9,5 0,7	0,3 5,1 1,8	0,97 -0,42 -2,00	1,63 0,19 -2,00	
Q9WUM4 P27005 4041B0GSK5	Coro1c S100a8 Bcn3	Coronin-1C Protein S100-A8 Reticulocalbin-3 (Fragment)	53,1 10,3 21 7	7,08 5,68 4 7	4 4 4	2,5E-02 2,5E-02 2 5E-02	0,7 3	1,4 1	0 5,2 2.8	-0,67 1,00	<b>2,00</b> -0,54 -2,00	
Q9D0D2 070456	Col9a1 Sfn Etl2	Col9a1 protein 14-3-3 protein sigma Ferritin light chain 2	64,7 27,7	-, / 8,69 4,78	4	2,6E-02 2,6E-02 2,6E-02	0 2,1	1 6,7	_,0 0 2	-2,00 -1,05		
P49945 P26645 P62307	FtI2 Marcks Snrpf	Ferritin light chain 2 Myristoylated alanine-rich C-kinase substrate Small nuclear ribonucleoprotein F	20,8 29,6 9,7	6,89 4,34 4,67	4 4 4	2,6E-02 2,6E-02 2,6E-02	1,9 0,8 1,2	6,5 0 0	3,1 0 0	-1,10 2,00 2,00	-0,48 2,00 2,00	
Q9EQK5 Q61598 P38647	Mvp Gdi2 Hspa9	Major vault protein Rab GDP dissociation inhibitor beta Stress-70 protein, mitochondrial	96,8 50,5 73,4	5,64 6,25 6,07	4 4 4	2,6E-02 2,6E-02 2,6E-02	2,7 5,4 8,2	5,3 9,1 9,4	2,7 10,8 4,6	-0,65 -0,51	-0,67 0,56	
P41241 P62751 054724	Csk Rpl23a Ddost	Tyrosine-protein kinase CSK 60S ribosomal protein L23a Dolichyl-diphosphooligosaccharide-protoin glucosyltyse (frame frame)	50,7 17,7	7,06 10,45	4	2,6E-02 2,7E-02 2.7E 0	0 2 3 1	0,5 2 1 7	1,9 0,9 2	-2,00	-2,00 0,76	
Q569Z5 Q9WTK8	Ddost Ddx46 Spo11	Dolichyl-diphosphooligosaccharideprotein glycosyltransferase 48 kDa subunit Probable ATP-dependent RNA helicase DDX46 Meiotic recombination protein SPO11	49 117,4 44,5	5,83 9,26 8,59	4 4 4	2,7E-02 2,7E-02 2,7E-02	3,1 0 0,7	1,7 1 0	3 0 0	0,58 -2,00 2,00	2,00	
Q9Z0E6 Q7TMM9 P61750	Gbp2 Tubb2a Arf4	Guanylate-binding protein 2 Tubulin beta-2A chain ADP-ribosylation factor 4	66,7 49,9 20.4	5,71 4,89 7, <u>1</u> 4	4 4 4	2,7E-02 2,7E-02 2,8E-02	0,4 48 0	1,3 58,1 2,2	2,8 48,9 0,9	-1,06 -0,19 -2,00	-1,50 -2,00	
P04117 Q3UV11 088560	Fabp4 Krt6b Hnrnna2h1	Fatty acid-binding protein, adipocyte Keratin, type II cytoskeletal 6B Heterogeneous nuclear ribonucleoproteins A2/81	14,6 59,5	8,4 8,15	4	2,8E-02 2,8E-02 2,9E-02	0 0,7	0,7 5,1 8 c	8,3 0,9 3 7	-2,00 -1,52	-2,00 -0,25	
E9Q7G0 Q99LC5	Numa1 Etfa	Nuclear mitotic apparatus protein 1 Electron transfer flavoprotein subunit alpha, mitochondrial	37,4 235,5 35	5,87 8,38	4 4 4	,JE-U2 2,9E-02 2,9E-02	0,4 0 0	0 0	5,7 1,1 0,8	-v,29	-2,00 -2,00	
പ്പം४FD5 Q03265 Q9D0F9	GIC Atp5f1a Pgm1	ATP synthase subunit alpha, mitochondrial Phosphoglucomutase-1	191,4 59,7 63,7	5,69 9,19 6,57	4 4 4	∠,9E-02 2,9E-02 2,9E-02	13,9 28 1,9	22,1 29,4 0	23,8 34,4 1,1	-0,46 2,00	-0,53 -0,21 0,53	
Q9JJI8 Q0P5V2 P51885	Rpl38 Sobp Lum	60S ribosomal protein L38 Sine oculis-binding protein homolog Lumican	8,2 91,7 <u>38 2</u>	10,1 7,97 6 42	4 4 4	3,0E-02 3,0E-02 3,1F-02	0 0 0	1,2 1,2 6.6	0 0 10.8	-2,00 -2,00	-2.00	
Q80UG5 P99027	Septin9 Rplp2	Septin-9 60S acidic ribosomal protein P2 GST class-ni (Fragment)	65,5 11,6	8,9 4,54	4	3,1E-02 3,1E-02 3,1 <sup></sup>	1,6 3	1 2	0 1,5	0,46 0,40	2,00 0,67	
лодч948908 E9Q616 P61979	Ahnak Hnrnpk	AHNAK nucleoprotein (desmoyokin) Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein K	18 603,9 50,9	ء,29 6,3 5,54	4 4 4	2,1⊑-02 3,2E-02 3,2E-02	0,7 9,3 10,6	0 4,3 10,9	0,2 4,7 4,2	2,00 0,74	1,11 0,66 0,86	
Р11087 Р47738 Q9CR57	col1a1 Aldh2 Rpl14	conagen alpha-1(l) chain Aldehyde dehydrogenase, mitochondrial 60S ribosomal protein L14	137,9 56,5 23,5	5,85 7,62 11,02	4 4 4	3,2E-02 3,3E-02 3,3E-02	3,9 1,2 2	10,4 3,8 1	17,7 8,3 0,5	-0,91 -1,04 0,67	-1,28 -1,49 1,20	
A0A0R3P9C8 Q3TQP6 008740	Ndufa9 Me1 Dld	NADH dehydrogenase [ubiquinone] 1 alpha subcomplex subunit 9, mitochondrial Malic enzyme Dihydrolipoyl dehydrogenase, mitochondrial	42,1 61,4 54 2	9,09 6,48 7 0	4 4 1	3,3E-02 3,3E-02 3,3F-02	0 0 0 6	0,9 0 0 7	0 4,9 2.6	-2,00 -0.15	-2,00 -1 25	
904370 904370 68JL42	Mbp Gtdc1	Myelin basic protein Glycosyltransferase-like domain-containing protein 1	54,2 27,2 44,1	7,9 9,58 7,69	4 4 4	,-⊐د,-2 3,3E-02 3,4E-02	0,6 0 0	0,7 0,7 0	2,6 1,6 0,9	-0,15 -2,00	-1,25 -2,00 -2,00	
Q7TPV4 P29788 Q91VB8	Mybbp1a Vtn Hba-a1	Myb-binding protein 1A Vitronectin Alpha globin 1	151,9 54,8 15 1	8,95 5,88 8.27	4 4 3	3,4E-02 3,4E-02 3,4E-02	1,9 12,5 76.6	0,2 3,9 25.9	0 3,5 35 <i>.7</i>	1,62 1,05 0.99	2,00 1,13 0,74	
Q7M6Y3 P02089	Picalm Hbb-b2	Phosphatidylinositol-binding clathrin assembly protein Hemoglobin subunit beta-2	13,1 71,5 15,9	3,22 7,91 8,05	3	, .∟-∪2 3,5E-02 3,5E-02	, 5,6 0,5 35,2	2,5 16	3,1 7,7	-1,33 0,75	-1,44 1,28	
ru7758 A0A0N4SVM0 O35381	serpina1a Capza2 Anp32a	F-actin-capping protein subunit alpha (Fragment) Acidic leucine-rich nuclear phosphoprotein 32 family member A	46 19,5 28,5	5,72 5,41 4,07	3 3 3	э,5E-02 3,5E-02 3,5E-02	5,5 1,8 0	4,2 2,6 0	6,2 4,2 1	<b>0,27</b> -0,36	-0,80 -2,00	
Q9QXK3 P21550 Q05816	Copg2 Eno3 Fabp5	Coatomer subunit gamma-2 Beta-enolase Fatty acid-binding protein 5	97,6 47 15 1	5,8 7,18 6.54	3 3 3	3,6E-02 3,6E-02 3,6E-02	0 8,6 0	1,3 5,2 0	0,9 7,1 1,2	-2,00 0,49	-2,00 0,19 -2,00	
P06728 Q9JKF1	Apoa4 Iqgap1	Apolipoprotein A-IV Ras GTPase-activating-like protein IQGAP1	45 188,6	5,47 6,48	3	,02 3,6E-02 3,7E-02	0,3 10	1,5 8,6	1,2 0,4 13,4	-1,33 0,15	-0,29 -0,29	
Q6TL19 P17225 Q9CVB6	Gucy2g Ptbp1 Arpc2	Guanylate cyclase 2G Polypyrimidine tract-binding protein 1 Actin-related protein 2/3 complex subunit 2	122,5 56,4 34,3	6,39 8,34 7,36	3 3 3	3,7E-02 3,7E-02 3,7E-02	0,2 3,2 0	0,2 6,3 0,2	1,4 4,2 1,3	-0,65 -2,00	-1,50 -0,27 -2,00	
P17156 Q6ZWZ4 Q9D161	Hspa2 Rpl36 Rab1h	Heat shock-related 70 kDa protein 2 60S ribosomal protein L36 Ras-related protein Rab-1B	69,6 12,2 22,2	5,67 11,59 5,72	3 3 2	3,7E-02 3,8E-02 3.8F 00	6 1,8 0	17,9 1,3 0	5,1 0 1	-1,00 0,32	0,16 2,00	
	lgsf8 Akr1c12 Asab1	Immunoglobulin superfamily member 8 (Fragment) Aldo-keto reductase a Acid ceramidase	11,5 37	8,7 6,64	3	3,8E-02 3,8E-02 3,8E-02	0 0,9	0 1,8	0,5 0	-0,67	-2,00 2,00	
2000 24 P63017 Q9D0J8	Hspa8 Ptms	Heat shock cognate 71 kDa protein Parathymosin	44,6 70,8 11,4	o,46 5,52 4,22	3 3 3	,∪2 3,8E-02 3,9E-02	40,8 1,2	41,2 0,3	1 29,8 0	1,20	-2,00 0,31 2,00	
പ്പxR5J9 P60867 P35821	Ar16ip5 Rps20 Ptpn1	TRAL TAMILY protein 3 40S ribosomal protein S20 Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 1	21,5 13,4 49,6	9,61 9,94 6,16	3 3 3	3,9E-02 4,0E-02 4,0E-02	2,6 2,7 0	1,8 3 0	0,4 0,8 0,9	0,36	1,47 1,09 -2,00	
P14152 A0A0G2JFT9 P15864	Mdh1 Prkacb H1-2	Malate dehydrogenase, cytoplasmic cAMP-dependent protein kinase catalytic subunit beta (Fragment) Histone H1.2	36,5 12,7 21 3	6,58 9,17 11	3 3 2	4,0E-02 4,0E-02 4,0F-02	0,3 0 8 3	0,3 1,5 4 1	1,7 1,3 3 3	-2,00 0.62	-1,40 -2,00 0.86	
P16627 Q01149	Hspa1l Col1a2 Rtp4	Heat shock 70 kDa protein 1-like Collagen alpha-2(I) chain Reticulor-4	-1,3 70,6 129,5	6,24 9,19	3	4,0E-02 4,1E-02 4 15	4,8 0,8	0 6,3	4,8 9,7	2,00 -1,55	-1,70	
२, ээ२ /2 P46412 Q91V41	Gpx3 Rab14	Glutathione peroxidase 3 Ras-related protein Rab-14	126,5 25,4 23,9	4,54 8,22 6,21	3 3 3	+,1E-02 4,1E-02 4,1E-02	5,7 0 0	2,8 1,7 1	4 1,9 0,5	<b>U,68</b> -2,00 -2,00	0,35 -2,00 -2,00	
Q00623 Q3TEA8 E9Q8P6	Apoa1 Hp1bp3 Unc93b1	Apolipoprotein A-I Heterochromatin protein 1-binding protein 3 Protein unc-93 homolog B1	30,6 60,8 47.8	5,73 9,7 7,6 <sup>8</sup>	3 3 3	4,1E-02 4,3E-02 4,4E-02	4,1 0 0	2,5 0 0,3	2,3 0,6 1	0,48 -2,00	<b>0,56</b> -2,00 -2,00	
Р70691 Р50580 Q99МРС	Ugt1a2 Pa2g4 Srrt	UDP-glucuronosyltransferase 1-2 Proliferation-associated protein 2G4 Serrate RNA effector molecule homolog	60,2 43,7	8,05 6,86 9,20	3 3	4,4E-02 4,5E-02 4,5E-02	1 0,8 1	0 0,3 0,2	1,6 0,2	2,00 0,91 1 23	-0,46 1,20 2,00	
P68510 P09055	Ywhah Itgb1	14-3-3 protein eta Integrin beta-1	28,2 88,2	2,38 4,89 <u>5,94</u>	3	4,5E-02 4,5E-02 4,5E-02	ء 9,5 3,5	0,2 7 2,8 	0 8,5 1,2	-,33 0,30 0,22	2,00 0,98	
പ്പ9DBC7 P82198 Q8C845	нгкаг1а Tgfbi Efhd2	CAIVIF-Gependent protein kinase type I-alpha regulatory subunit Transforming growth factor-beta-induced protein ig-h3 EF-hand domain-containing protein D2	43,2 74,6 26,8	5,35 7,06 5,14	3 3 3	4,5E-02 4,6E-02 4,7E-02	0 0 0,6	0,5 0,9 <b>B,g</b> ri E, <i>et al</i>	1,1 2,9 . J Img, <u>p</u> nother (	-2,00 -2,00 Cancer 20285 11:e0	<b>-2,00</b> <b>-2,00</b> 05916. do <u>it,</u> <b>39</b> .1136/jitc-202	)22-005916
P80314 Q8C605 A0A0P410005	Cct2 Pfkp Lrrc40	T-complex protein 1 subunit beta ATP-dependent 6-phosphofructokinase Leucine-rich repeat-containing protein 40	57,4 85,5	6,4 6,89	3 3 2	4,8E-02 4,8E-02 4,9E-02	11,7 0	12,9 0,8	6,7 0	-2,00	0,54	_ 0
E9PV24 Q3TDN2	Fga Faf2	Fibrinogen alpha chain FAS-associated factor 2	87,4 52,4	6,11 5,47	3	4,9E-02 5,0E-02	22,3 1,1	13,5 0,2	8,7 0	0,49 1,38	0,88 2,00	

\_\_\_\_\_

Data file S5. Protein hubs selected by Betweenness and Centroid centralities by processing protein-protein interaction (PPI) networks) Hectosistic Tere Bit Hubs in SFNs-OVA, SFNs-CpG and SFNs-OVA-CpG, C) Hubs in SFNs-OVA and SFNs-OVA-CpG, D) Hubs in SFNs-CpG and SFNs-OVA-CpG.

			E	Betweenne	SS			Centroid				Av.PSMs		L	DA
A)	Gene Name	CTR	SFNs-OVA	SFNs-CpG	SFNs-OVA-Cp	CTR	SFNs-OVA	SFNs-CpG	SFNs-OVA-Cp	i CTR	SFNs-OVA	SFNs-CpG	SFNs-OVA-Cp	F Ratio	Prob>F
	Akt1	12602				-269				0,2	0,0	0,0	0,0		
	Pik3r2	11732				-470				0,1	0,0	0,0	0,0		
	Ubxn7	11481				-460				0,2	0,0	0,0	0,0		
	Lipc	7749				-384				0,2	0,0	0,0	0,0		
	Mapk10	7349				-507				0,2	0,0	0,0	0,0		
	Map3k3	7058				-528				0,2	0,0	0,0	0,0		
	Lamc2	5401				-424				0,1	0,0	0,0	0,0		
	Cdh3	3980				-586				0,2	0,0	0,0	0,0		
	Tmed10	3707				-637				0,2	0,0	0,0	0,0		
	Thop1	2615				-602				0,8	0,0	0,0	0,0	4,1	2,0E-02
	Spta1	2548				-583				0,4	0,0	0,0	0,0		
	Gspt1	2252				-429				0,4	0,0	0,0	0,0		
			E	Betweenne	SS			Centroid				Av.PSMs		L	.DA
B)	Gene Name	CTR	SFNs-OVA	SFNs-CpG	SFNs-OVA-Cp0	CTR	SFNs-OVA	SFNs-CpG	SFNs-OVA-CpG	i CTR	SFNs-OVA	SFNs-CpG	SFNs-OVA-CpG	F Ratio	Prob>F
	ltgb2		23896	33042	15114		-252	-274	-313	0,0	0,2	1,0	0,9		
	Fau		13210	10568	11027		-269	-253	-297	0,0	1,0	0,8	0,8		
	Srsf1		9636	9829	6749		-386	-389	-455	0,0	0,3	2,2	2,2	7,8	1,2E-03
	Rab8b		6992	10154	12918		-407	-432	-426	0,0	0,2	0,5	0,2		
	Calr		6588	9943	9114		-502	-434	-509	0,0	0,3	1,0	0,6		
	Rab5c		5959	4700	11772		-511	-547	-513	0,0	0,1	0,3	0,5		
	Eef1b2		5883	3448	6019		-434	-497	-532	0,0	0,1	0,2	0,7		
	Fkbp1a		5242	5155	7405		-569	-538	-608	0,0	0,3	0,5	0,4		
	Eif2s1		4172	5370	3470		-406	-456	-437	0,0	0,3	1,3	1,9	7,7	1,3E-03
	Dlst		2772	4429	3073		-647	-579	-693	0,0	0,1	0,3	0,3		
	Ube2l3	2015	2395	3703	3294	-655	-703	-598	-686	0,5	1,7	1,0	1,1		
			E	Betweenne	SS			Centroid				Av.PSMs		L	.DA
C)	Gene Name	CTR	SFNs-OVA	SFNs-CpG	SFNs-OVA-CpC	CTR	SFNs-OVA	SFNs-CpG	SFNs-OVA-CpC	I CTR	SFNs-OVA	SFNs-CpG	SFNs-OVA-CpC	F Ratio	Prob>F
	Prkacb		51208		34091		-293		-302	0,0	0,1	0,0	0,5		
	Nedd8		7840		5451		-497		-474	0,0	0,1	0,0	0,3		
	Pik3r1		/182		14950		-366		-412	0,0	0,1	0,0	0,2		
	Pik3cd		6530		8912		-439		-461	0,0	0,1	0,0	0,3		
	Rock2		5534		4018		-362		-370	0,0	0,3	0,0	0,2		
	Ctnna I		4499		11688		-468		-483	0,0	0,3	0,0	0,2		
	Ell4e		0754	1006	2000		-400	700	-429	0,0	0,3	0,0	0,2		
	Aciy Emr1		2754	1020	3167		-090	-132	-741	0,0	0,4	0.0	0,3		
			2004	Potwoonno	0107		-420	Controid		0,0	0,4		0,2		
ח	Gene Name	CTR	SENs-OVA	SENs-CpG	SFNs-OVA-CpG	CTR	SENs-OVA	SENs-CpG	SENs-OVA-Cp	CTR	SENs-OVA	SENs-CpG	SENs-OVA-Co	∎ F Ratio	Prob>F
0)	Ruvbl1	0111		8990	6113			-539	-513	0,0	0,0	0,3	0,3		1100/1
	Cndp2			6253	5560			-651	-657	0,0	0,0	0,2	0,3		
	G6pdx			6083	5488			-538	-628	0,0	0,0	0,9	1,4	4,0	2,2E-02
	Capn1			5546	7453			-526	-570	0,0	0,0	0,7	0,3		
	Dnm1l	1237	1519	4429	4216	-696	-746	-640	-703	2,0	0,3	0,5	1,0		
	Hk1			4264	4290			-700	-726	0,0	0,0	0,5	0,6		
	Ppp2cb			3864	6221			-534	-574	0,0	0,0	1,5	1,6	6,8	2,4E-03
	B2m			3847	5663			-555	-586	0,0	0,0	0,8	0,3		
	Prkar1a			3776	3621			-635	-510	0,0	0,0	0,3	0,3		
	Capzb			3102	5551			-581	-592	0,0	0,0	0,3	0,3		
	ļ									•					

Bari E, et al. J Immunother Cancer 2023; 11:e005916. doi: 10.1136/jitc-2022-005916

Data file S6. Protein hubs selected by Betweenness and Centroid centralities by processing protein-protein in for MB49 bladder cancerAmbdels in CTR, B) Hubs in SFNs-OVA and SFNs-CpG, C) Hubs in SFNs-OVA, D) Hubs in

			Between	ness		Centro	bid	Av.PSMs		L	DA	
A)	Gene Name	CTR	SFNs-OVA	SFNs-CpG	i CTR	SFNs-OVA	SFNs-CpG	CTR	SFNs-OVA	SFNs-CpG	i F Ratio	Prob>F
	Hmga2	111707			18			0,50	0,00	0,00		
	Rab12	20057			-418			0,17	0,00	0,00		
	Prkcb	18983			-302			0,19	0,00	0,00		
	Bag3	12000			-414			0,15	0,00	0,00		
	Rb1	9883			-332			0,15	0,00	0,00		
	Smad2	9603			-439			0,15	0,00	0,00		
	Apob	9178			-410			0,17	0,00	0,00		
	Rock1	6764			-567			0,15	0,00	0,00		
	Pias3	6684			-736			0,19	0,00	0,00		
	Rabgef1	6620			-726			0,19	0,00	0,00		
	Ccnh	6330			-756			0,19	0.00	0.00		
	Prkca	5662			-509			0.17	0.00	0.00		
	Kdr	5509			-383			0.19	0,00	0.00		
	Gaa	5430			-718			0,10	0,00	0,00		
	Jaa Tir <i>i</i>	5300			509			0,15	0,00	0,00		
	1114 Outr	5390			-090			0,15	0,00	0,00		
	Syk	5246			-077			0,56	0,00	0,00		
	Aldn/a1	4868	1001	1055	-693		704	0,15	0,00	0,00		
	Anxa1	4565	1284	1055	-739	-909	-781	24,46	22,15	16,81		
	Copb2	4128	786		-667	-836		0,56	0,84	0,00		
	Sf3b1	4075			-490			0,15	0,00	0,00		
	Slf1	4049			-719			0,17	0,00	0,00		
	Eif2a	4024			-466			0,45	0,00	0,00		
	Derl1	3581	2324		-671	-874		0,56	0,16	0,00		
	Rpl10a	3547			-395			0,15	0,00	0,00		
	Pdia6	3531	824	197	-747	-846	-734	8,28	10,13	10,40		
	Tep1	3345			-655			0,15	0,00	0,00		
	Stat3	2875			-642			0,15	0,00	0,00		
	Sar1b	2866			-728			0,60	0,00	0,00		
	Myo6	0707			10.4			0.15	0.00	0.00	l	
	Wiyoo	2/9/			-484			0,15	0,00	0,00		
	Wyoo	2191	Between	ness	-484	Centro	bid	0,15	0,00 Av.PSI	0,00 <b>Ms</b>	L	DA
B)	Gene Name	CTR	Between SFNs-OVA	<b>ness</b> SFNs-CpG	-484 CTR	Centro SFNs-OVA	<b>bid</b> SFNs-CpG	i CTR	Av.PSI SFNs-OVA	<b>VIS</b> SFNs-CpG	<b>L</b> F Ratio	<b>DA</b> Prob>F
B)	Gene Name Prkacb	CTR	Between SFNs-OVA 51120	ness SFNs-CpG 46999	-484	Centro SFNs-OVA -213	oid SFNs-CpG -306	0,13 CTR 0,00	Av.PSI SFNs-OVA 1,50	U,00 VIS SFNs-CpG 1,26	L F Ratio	DA Prob>F 4,0E-02
B)	Gene Name Prkacb Rac2	CTR	<b>Between</b> SFNs-OVA 51120 15334	ness SFNs-CpG 46999 16542	-484	Centro SFNs-OVA -213 -312	<b>5id</b> SFNs-CpG -306 -313	0,15 i CTR 0,00 0,00	<b>Av.PSI</b> SFNs-OVA 1,50 1,14	0,00 <b>Ms</b> SFNs-CpG 1,26 2,28	<b>L</b> F Ratio 3,3 4,1	DA Prob>F 4,0E-02 2,1E-02
B)	Gene Name Prkacb Rac2 Ptpn6	CTR	<b>Between</b> SFNs-OVA 51120 15334 9382	ness SFNs-CpG 46999 16542 6040	-484	<b>Centro</b> SFNs-OVA -213 -312 -439	Did SFNs-CpG -306 -313 -487	0,13 i CTR 0,00 0,00 0,00	0,00 Av.PSI SFNs-OVA 1,50 1,14 0,98	0,00 <b>VIS</b> SFNs-CpG 1,26 2,28 4,36	L i F Ratio 3,3 4,1 4,9	DA Prob>F 4,0E-02 2,1E-02 1,1E-02
B)	Gene Name Prkacb Rac2 Ptpn6 Kat2a	CTR	<b>Between</b> SFNs-OVA 51120 15334 9382 7134	ness SFNs-CpG 46999 16542 6040 6998	i CTR	<b>Centro</b> SFNs-OVA -213 -312 -439 -452	SFNs-CpG -306 -313 -487 -482	0,13 i CTR 0,00 0,00 0,00	Av.PSI SFNs-OVA 1,50 1,14 0,98 0,17	0,00 <b>Ms</b> SFNs-CpG 1,26 2,28 4,36 0,21	L i F Ratio 3,3 4,1 4,9	DA Prob>F 4,0E-02 2,1E-02 1,1E-02
B)	Gene Name Prkacb Rac2 Ptpn6 Kat2a Calr	CTR	<b>Between</b> SFNs-OVA 51120 15334 9382 7134 7080	ness SFNs-CpG 46999 16542 6040 6998 10145	-484	<b>Centro</b> SFNs-OVA -213 -312 -439 -452 -531	Did SFNs-CpG -306 -313 -487 -482 -477	0,13 CTR 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00	0,00 Av.PSI SFNs-OVA 1,50 1,14 0,98 0,17 1,81	0,00 <b>Ms</b> SFNs-CpG 1,26 2,28 4,36 0,21 0,36	L i F Ratio 3,3 4,1 4,9 5,5	DA Prob>F 4,0E-02 2,1E-02 1,1E-02 6,6E-03
B)	Gene Name Prkacb Rac2 Ptpn6 Kat2a Calr Dnm2	CTR	<b>Between</b> SFNs-OVA 51120 15334 9382 7134 7080 6921	ness SFNs-CpG 46999 16542 6040 6998 10145 3550	CTR	<b>Centro</b> SFNs-OVA -213 -312 -439 -452 -531 -519	SFNs-CpG -306 -313 -487 -482 -477 -479	0,13 CTR 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00	0,00 Av.PSI SFNs-OVA 1,50 1,14 0,98 0,17 1,81 0,82	0,00 Ms SFNs-CpG 1,26 2,28 4,36 0,21 0,36 0,69	L i F Ratio 3,3 4,1 4,9 5,5	DA Prob>F 4,0E-02 2,1E-02 1,1E-02 6,6E-03
B)	Gene Name Prkacb Rac2 Ptpn6 Kat2a Calr Dnm2 Bab8b	CTR	<b>Between</b> SFNs-OVA 51120 15334 9382 7134 7080 6921 6197	ness SFNs-CpG 46999 16542 6040 6998 10145 3550 10095	CTR	<b>Centro</b> SFNs-OVA -213 -312 -439 -452 -531 -519 -452	SFNs-CpG -306 -313 -487 -482 -477 -479 -410	0,13 i CTR 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00	Av.PSI SFNs-OVA 1,50 1,14 0,98 0,17 1,81 0,82 0.85	0,00 Ms SFNs-CpG 1,26 2,28 4,36 0,21 0,36 0,69 1,63	L i F Ratio 3,3 4,1 4,9 5,5	DA Prob>F 4,0E-02 2,1E-02 1,1E-02 6,6E-03
B)	Gene Name Prkacb Rac2 Ptpn6 Kat2a Calr Dnm2 Rab8b Eef1b2	CTR	<b>Between</b> SFNs-OVA 51120 15334 9382 7134 7080 6921 6197 5738	ness SFNs-CpG 46999 16542 6040 6998 10145 3550 10095 3665	CTR	<b>Centro</b> SFNs-OVA -213 -312 -439 -452 -531 -519 -452 -452 -619	Did SFNs-CpG -306 -313 -487 -482 -477 -479 -410 -537	0,13 CTR 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00	Av.PSI SFNs-OVA 1,50 1,14 0,98 0,17 1,81 0,82 0,85 0,17	0,00 Ms SFNs-CpG 1,26 2,28 4,36 0,21 0,36 0,69 1,63 0,18	L i F Ratio 3,3 4,1 4,9 5,5	DA Prob>F 4,0E-02 2,1E-02 1,1E-02 6,6E-03
B)	Gene Name Prkacb Rac2 Ptpn6 Kat2a Calr Dnm2 Rab8b Eef1b2	CTR	Between SFNs-OVA 51120 15334 9382 7134 7080 6921 6197 5738 5537	ness SFNs-CpG 46999 16542 6040 6998 10145 3550 10095 3665 3278	CTR	Centro SFNs-OVA -213 -312 -439 -452 -531 -519 -452 -619 -471	Did SFNs-CpG -306 -313 -487 -482 -477 -479 -410 -537 -466	0,13 CTR 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00	Av.PSI SFNs-OVA 1,50 1,14 0,98 0,17 1,81 0,82 0,85 0,17 0,65	0,00 Ms SFNs-CpG 1,26 2,28 4,36 0,21 0,36 0,69 1,63 0,18 0,42	L 3,3 4,1 4,9 5,5	DA Prob>F 4,0E-02 2,1E-02 1,1E-02 6,6E-03
B)	Gene Name Prkacb Rac2 Ptpn6 Kat2a Calr Dnm2 Rab8b Eef1b2 Clta	CTR	Between SFNs-OVA 51120 15334 9382 7134 7080 6921 6197 5738 5537 4012	ness SFNs-CpG 46999 16542 6040 6998 10145 3550 10095 3665 3278 5001	CTR	<b>Centro</b> SFNs-OVA -213 -312 -439 -452 -531 -519 -452 -619 -471	SFNs-CpG -306 -313 -487 -482 -477 -479 -410 -537 -466 414	0,13 i CTR 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00	Av.PSI SFNs-OVA 1,50 1,14 0,98 0,17 1,81 0,82 0,85 0,17 0,65 0,40	0,00 Ms SFNs-CpG 1,26 2,28 4,36 0,21 0,36 0,69 1,63 0,18 0,42 1,86	L 3,3 4,1 4,9 5,5	DA Prob>F 4,0E-02 2,1E-02 1,1E-02 6,6E-03
B)	Gene Name Prkacb Rac2 Ptpn6 Kat2a Calr Dnm2 Rab8b Eef1b2 Cita Csk	CTR	Between SFNs-OVA 51120 15334 9382 7134 7080 6921 6197 5738 5537 4912	ness SFNs-CpG 46999 16542 6040 6998 10145 3550 10095 3665 3278 5001 4552	CTR	Centro SFNs-OVA -213 -312 -439 -452 -531 -519 -452 -619 -452 -619 -471 -463	Did SFNs-CpG -306 -313 -487 -482 -477 -482 -477 -479 -410 -537 -466 -414	0,13 CTR 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00	Av.PSI SFNs-OVA 1,50 1,14 0,98 0,17 1,81 0,82 0,85 0,17 0,65 0,17 0,65 0,49	0,00 Ms SFNs-CpG 1,26 2,28 4,36 0,21 0,36 0,69 1,63 0,18 0,42 1,86 0,17	L 3,3 4,1 4,9 5,5 3,8	DA Prob>F 4,0E-02 2,1E-02 1,1E-02 6,6E-03
B)	Gene Name Prkacb Rac2 Ptpn6 Kat2a Calr Dnm2 Rab8b Eef1b2 Clta Csk Tardbp	CTR	Between SFNs-OVA 51120 15334 9382 7134 7080 6921 6197 5738 5537 4912 3979	ness SFNs-CpG 46999 16542 6040 6998 10145 3550 10095 3665 3278 5001 4553	CTR	Centro SFNs-OVA -213 -312 -439 -452 -531 -519 -452 -619 -452 -619 -471 -463 -621	Did SFNs-CpG -306 -313 -487 -482 -477 -482 -477 -479 -410 -537 -466 -414 -653 200	0,13 CTR 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00	Av.PSI SFNs-OVA 1,50 1,14 0,98 0,17 1,81 0,82 0,85 0,17 0,65 0,17 0,65 0,49 0,82	<b>Ms</b> SFNs-CpG 1,26 2,28 4,36 0,21 0,36 0,69 1,63 0,18 0,42 1,86 0,17 0,07	L 3,3 4,1 4,9 5,5 3,8	DA Prob>F 4,0E-02 2,1E-02 1,1E-02 6,6E-03
B)	Gene Name Prkacb Rac2 Ptpn6 Kat2a Calr Dnm2 Rab8b Eef1b2 Clta Csk Tardbp Sec22b	CTR	Between SFNs-OVA 51120 15334 9382 7134 7080 6921 6197 5738 5537 4912 3979 3721	ness SFNs-CpG 46999 16542 6040 6998 10145 3550 10095 3665 3278 5001 4553 4098	CTR	Centro SFNs-OVA -213 -312 -439 -452 -531 -519 -452 -619 -452 -619 -452 -619 -452 -619 -452 -619 -452 -619 -452 -619 -452	SFNs-CpG -306 -313 -487 -482 -477 -479 -410 -537 -466 -414 -653 -639	0,13 i CTR 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00	Av.PSI SFNs-OVA 1,50 1,14 0,98 0,17 1,81 0,82 0,85 0,17 0,65 0,17 0,65 0,49 0,82 0,33	0,00 Ms SFNs-CpG 1,26 2,28 4,36 0,21 0,36 0,69 1,63 0,18 0,42 1,86 0,17 0,97 0,97	L 3,3 4,1 4,9 5,5 3,8	DA Prob>F 4,0E-02 2,1E-02 1,1E-02 6,6E-03 2,6E-02
B)	Gene Name Prkacb Rac2 Ptpn6 Kat2a Calr Dnm2 Rab8b Eef1b2 Clta Csk Tardbp Sec22b Ckb	CTR	Between SFNs-OVA 51120 15334 9382 7134 7080 6921 6197 5738 5537 4912 3979 3721 3546	<b>ness</b> SFNs-CpG 46999 16542 6040 6998 10145 3550 10095 3665 3278 5001 4553 4098 4362	CTR	Centro SFNs-OVA -213 -312 -439 -452 -531 -519 -452 -619 -621 -621 -621 -621 -621 -621 -621 -621	SFNs-CpG         -306         -313         -487         -482         -477         -479         -410         -537         -466         -414         -653         -639         -456	0,13 CTR 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00	Av.PSI SFNs-OVA 1,50 1,14 0,98 0,17 1,81 0,82 0,85 0,17 0,65 0,17 0,65 0,49 0,82 0,33 0,51	0,00 Ms SFNs-CpG 1,26 2,28 4,36 0,21 0,36 0,69 1,63 0,18 0,42 1,86 0,17 0,97 6,83	L i F Ratio 3,3 4,1 4,9 5,5 3,8 3,8	DA Prob>F 4,0E-02 2,1E-02 1,1E-02 6,6E-03 2,6E-02 1,4E-02
B)	Gene Name Prkacb Rac2 Ptpn6 Kat2a Calr Dnm2 Rab8b Eef1b2 Clta Csk Tardbp Sec22b Ckb Ddb1	CTR	Between SFNs-OVA 51120 15334 9382 7134 7080 6921 6197 5738 5537 4912 3979 3721 3546 3410	<b>ness</b> SFNs-CpG 46999 16542 6040 6998 10145 3550 10095 3665 3278 5001 4553 4098 4362 2774	CTR	Centro SFNs-OVA -213 -312 -439 -452 -531 -519 -452 -619 -452 -619 -471 -463 -621 -761 -761 -531 -531 -394	SFNs-CpG -306 -313 -487 -482 -477 -479 -410 -537 -466 -414 -653 -639 -456 -534	0,13 CTR 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00	Av.PSI SFNs-OVA 1,50 1,14 0,98 0,17 1,81 0,82 0,85 0,17 0,65 0,49 0,82 0,33 0,51 0,17	<b>Ms</b> SFNs-CpG 1,26 2,28 4,36 0,21 0,36 0,69 1,63 0,18 0,42 1,86 0,17 0,97 6,83 0,17	L 3,3 4,1 4,9 5,5 3,8 4,5	DA Prob>F 4,0E-02 2,1E-02 1,1E-02 6,6E-03 2,6E-02 1,4E-02
B)	Gene Name Prkacb Rac2 Ptpn6 Kat2a Calr Dnm2 Rab8b Eef1b2 Clta Csk Tardbp Sec22b Ckb Ddb1 Cryab	CTR	Between SFNs-OVA 51120 15334 9382 7134 7080 6921 6197 5738 5537 4912 3979 3721 3546 3410 3170	<b>Ness</b> SFNs-CpG 46999 16542 6040 6998 10145 3550 10095 3665 3278 5001 4553 4098 4362 2774 2496	CTR	Centro SFNs-OVA -213 -312 -439 -452 -531 -519 -452 -619 -452 -619 -452 -619 -452 -619 -451 -531 -531 -531 -394 -516	SFNs-CpC -306 -313 -487 -482 -477 -479 -410 -537 -466 -414 -653 -639 -456 -534 -534 -469	0,13 i CTR 0,000 0,00	Av.PSI SFNs-OVA 1,50 1,14 0,98 0,17 1,81 0,82 0,85 0,17 0,65 0,49 0,82 0,33 0,51 0,17 0,68	<b>Ms</b> SFNs-CpG 1,26 2,28 4,36 0,21 0,36 0,69 1,63 0,18 0,42 1,86 0,17 0,97 6,83 0,17 0,17	L 3,3 4,1 4,9 5,5 3,8 4,5	DA Prob>F 4,0E-02 2,1E-02 1,1E-02 6,6E-03 2,6E-02 1,4E-02
B)	Gene Name Prkacb Rac2 Ptpn6 Kat2a Calr Dnm2 Rab8b Eef1b2 Clta Csk Tardbp Sec22b Ckb Ddb1 Cryab Lrp1	CTR	Between SFNs-OVA 51120 15334 9382 7134 7080 6921 6197 5738 5537 4912 3979 3721 3546 3410 3170 2947	SFNs-CpG         46999         16542         6040         6998         10145         3550         10095         3665         3278         5001         4553         4098         4362         2774         2496         2611	CTR	Centro SFNs-OVA -213 -312 -439 -452 -531 -519 -452 -619 -452 -619 -471 -463 -621 -761 -531 -531 -531 -531 -531 -531 -531 -53	SFNs-CpG         -306         -313         -487         -482         -477         -479         -410         -537         -466         -414         -653         -639         -456         -534         -469         -586	0,13 CTR 0,000 0,00	Av.PSI SFNs-OVA 1,50 1,14 0,98 0,17 1,81 0,82 0,85 0,17 0,65 0,49 0,82 0,33 0,51 0,17 0,68 0,32	<b>Ms</b> SFNs-CpG 1,26 2,28 4,36 0,21 0,36 0,69 1,63 0,18 0,42 1,86 0,17 0,97 6,83 0,17 0,97 6,83 0,17 0,17 0,24	L i F Ratio 3,3 4,1 4,9 5,5 3,8 3,8	DA Prob>F 4,0E-02 2,1E-02 1,1E-02 6,6E-03 2,6E-02 1,4E-02
B)	Gene Name Prkacb Rac2 Ptpn6 Kat2a Calr Dnm2 Rab8b Eef1b2 Clta Csk Tardbp Sec22b Ckb Ddb1 Cryab Lrp1	CTR	Between SFNs-OVA 51120 15334 9382 7134 7080 6921 6197 5738 5537 4912 3979 3721 3546 3410 3170 2947 Between	SFNs-CpG         46999         16542         6040         6998         10145         3550         10095         3665         3278         5001         4553         4098         4362         2774         2496         2611	CTR	Centro SFNs-OVA -213 -312 -439 -452 -531 -519 -452 -619 -452 -619 -471 -463 -621 -761 -531 -531 -531 -394 -516 -663 Centro	SFNs-CpG         -306         -313         -487         -482         -477         -479         -410         -537         -466         -414         -653         -639         -456         -534         -469         -586	0,13 CTR 0,000 0,00	Av.PSI SFNs-OVA 1,50 1,14 0,98 0,17 1,81 0,82 0,85 0,17 0,65 0,49 0,82 0,33 0,51 0,17 0,68 0,33 0,51 0,17 0,68 0,82 Av.PSI	0,00 Ms SFNs-CpG 1,26 2,28 4,36 0,21 0,36 0,69 1,63 0,18 0,42 1,86 0,17 0,97 6,83 0,17 0,97 6,83 0,17 0,24 Ms	L i F Ratio 3,3 4,1 4,9 5,5 3,8 4,5	DA Prob>F 4,0E-02 2,1E-02 1,1E-02 6,6E-03 2,6E-02 1,4E-02
B) C)	Gene Name Prkacb Rac2 Ptpn6 Kat2a Calr Dnm2 Rab8b Eef1b2 Clta Csk Tardbp Sec22b Ckb Ddb1 Cryab Lrp1 Gene Name	CTR	Between SFNs-OVA 51120 15334 9382 7134 7080 6921 6197 5738 5537 4912 3979 3721 3546 3410 3170 2947 Between SFNs-OVA	SFNs-CpG         46999         16542         6040         6998         10145         3550         10095         3665         3278         5001         4553         4098         4362         2774         2496         2611         mess         SFNs-CpG	CTR	Centro SFNS-OVA -213 -312 -439 -452 -531 -519 -452 -619 -452 -619 -471 -463 -621 -761 -531 -531 -394 -516 -663 Centro	SFNs-CpG         -306         -313         -487         -482         -477         -479         -410         -537         -466         -414         -653         -639         -456         -534         -586         Did         SFNs-CpG	0,13 CTR 0,000 0,00	Av.PSI SFNs-OVA 1,50 1,14 0,98 0,17 1,81 0,82 0,85 0,17 0,65 0,49 0,82 0,33 0,51 0,17 0,68 0,33 0,51 0,17 0,68 0,82 0,33 0,51 0,17	0,00 Ms SFNs-CpG 1,26 2,28 4,36 0,21 0,36 0,69 1,63 0,18 0,42 1,86 0,17 0,97 6,83 0,17 0,97 6,83 0,17 0,97 6,83 0,17 0,24 Ms SFNs-CpG	L i F Ratio 3,3 4,1 4,9 5,5 3,8 4,5 4,5 L i F Ratio	DA Prob>F 4,0E-02 2,1E-02 1,1E-02 6,6E-03 2,6E-02 1,4E-02 DA Prob>F
B) C)	Gene Name Prkacb Rac2 Ptpn6 Kat2a Calr Dnm2 Rab8b Eef1b2 Clta Csk Tardbp Sec22b Ckb Ddb1 Cryab Lrp1 Gene Name Tia1	CTR	Between SFNs-OVA 51120 15334 9382 7134 7080 6921 6197 5738 5537 4912 3979 3721 3546 3410 3170 2947 Between SFNs-OVA	SFNs-CpG         46999         16542         6040         6998         10145         3550         10095         3665         3278         5001         4553         4098         4362         2774         2496         2611         ness         SFNs-CpG	CTR	Centro SFNS-OVA -213 -312 -439 -452 -531 -519 -452 -619 -452 -619 -471 -463 -621 -761 -531 -394 -516 -531 -394 -516 -663 SFNS-OVA	SFNs-CpG         -306         -313         -487         -482         -477         -479         -410         -537         -466         -414         -653         -639         -456         -534         -586         Did         SFNs-CpG	0,13 CTR 0,000 0,00	Av.PSI         SFNs-OVA         1,50         1,14         0,98         0,17         1,81         0,82         0,17         0,65         0,49         0,82         0,33         0,51         0,17         0,68         0,82         0,33         0,51         0,17         0,68         0,82         0,33         0,51         0,17         0,68         0,82         SFNs-OVA         0,16	0,00 Ms SFNs-CpG 1,26 2,28 4,36 0,21 0,36 0,69 1,63 0,18 0,42 1,86 0,17 0,97 6,83 0,17 0,97 6,83 0,17 0,97 6,83 0,17 0,24 Ms SFNs-CpG 0,00	L i F Ratio 3,3 4,1 4,9 5,5 3,8 3,8 4,5 L	DA Prob>F 4,0E-02 2,1E-02 1,1E-02 6,6E-03 2,6E-02 1,4E-02 DA Prob>F
B) C)	Gene Name Prkacb Rac2 Ptpn6 Kat2a Calr Dnm2 Rab8b Eef1b2 Clta Csk Tardbp Sec22b Ckb Ddb1 Cryab Lrp1 Gene Name Tia1 Nfkb1	CTR	Between SFNs-OVA 51120 15334 9382 7134 7080 6921 6197 5738 5537 4912 3979 3721 3546 3410 3170 2947 Between SFNs-OVA 67385 12600	SFNs-CpG         46999         16542         6040         6998         10145         3550         10095         3665         3278         5001         4553         4098         4362         2774         2496         2611         mess         SFNs-CpG	CTR	Centro SFNs-OVA -213 -312 -439 -452 -531 -519 -452 -619 -452 -619 -471 -463 -621 -761 -531 -394 -516 -633 Centro SFNs-OVA -123 -288	SFNs-CpG         -306         -313         -487         -482         -477         -479         -410         -537         -466         -414         -653         -639         -456         -534         -586         Did         SFNs-CpG	0,13 CTR 0,000 0,00	Av.PSI SFNs-OVA 1,50 1,14 0,98 0,17 1,81 0,82 0,85 0,17 0,65 0,49 0,82 0,33 0,51 0,17 0,68 0,33 0,51 0,17 0,68 0,82 SFNs-OVA 0,16 0,16	0,00 Ms SFNs-CpG 1,26 2,28 4,36 0,21 0,36 0,69 1,63 0,18 0,42 1,86 0,17 0,97 6,83 0,17 0,97 6,83 0,17 0,97 6,83 0,17 0,24 Ms SFNs-CpG 0,00 0,00 0,00	L 3,3 4,1 4,9 5,5 3,8 4,5 4,5 L	DA Prob>F 4,0E-02 2,1E-02 1,1E-02 6,6E-03 2,6E-02 1,4E-02 DA Prob>F
B) C)	Gene Name Prkacb Rac2 Ptpn6 Kat2a Calr Dnm2 Rab8b Eef1b2 Clta Csk Tardbp Sec22b Ckb Ddb1 Cryab Lrp1 Gene Name Tia1 Nfkb1 Speg	CTR	Between SFNs-OVA 51120 15334 9382 7134 7080 6921 6197 5738 5537 4912 3979 3721 3546 3410 3170 2947 Between SFNs-OVA 67385 12600 10822	SFNs-CpG         46999         16542         6040         6998         10145         3550         10095         3665         3278         5001         4553         4098         4362         2774         2496         2611         ness         SFNs-CpG	CTR	Centro SFNS-OVA -213 -312 -439 -452 -531 -519 -452 -619 -452 -619 -451 -663 -621 -761 -531 -531 -531 -531 -531 -531 -531 -53	SFNs-CpG         -306         -313         -487         -482         -477         -479         -410         -537         -466         -414         -653         -639         -456         -534         -469         -586         Did         SFNs-CpG	0,13 CTR 0,000 0,00	Av.PSI SFNs-OVA 1,50 1,14 0,98 0,17 1,81 0,82 0,85 0,17 0,65 0,49 0,82 0,33 0,51 0,17 0,68 0,33 0,51 0,17 0,68 0,82 Av.PSI SFNs-OVA 0,16 0,16 0,16	0,00         Ms         SFNs-CpG         1,26         2,28         4,36         0,21         0,36         0,69         1,63         0,17         0,97         6,83         0,17         0,17         0,24         VIs         SFNs-CpG         0,00         0,00         0,00	L i F Ratio 3,3 4,1 4,9 5,5 3,8 4,5 4,5 L	DA Prob>F 4,0E-02 2,1E-02 1,1E-02 6,6E-03 2,6E-02 1,4E-02 DA Prob>F
B) C)	Gene Name Prkacb Rac2 Ptpn6 Kat2a Calr Dnm2 Rab8b Eef1b2 Clta Csk Tardbp Sec22b Ckb Ddb1 Cryab Lrp1 Gene Name Tia1 Nfkb1 Speg Ssrp1	CTR	Between SFNs-OVA 51120 15334 9382 7134 7080 6921 6197 5738 5537 4912 3979 3721 3546 3410 3170 2947 Between SFNs-OVA 67385 12600 10822 3973	SFNs-CpG 46999 16542 6040 6998 10145 3550 10095 3665 3278 5001 4553 4098 4362 2774 2496 2611 ness SFNs-CpG	CTR	Centro SFNS-OVA -213 -312 -439 -452 -531 -519 -452 -619 -452 -619 -471 -463 -621 -761 -531 -394 -516 -663 Centro SFNS-OVA -123 -288 -668 -668 -777	SFNS-CpC -306 -313 -487 -482 -477 -479 -410 -537 -466 -414 -653 -639 -456 -534 -469 -586 Did SFNS-CpC	0,13 CTR 0,000 0,00	Av.PSI SFNs-OVA 1,50 1,14 0,98 0,17 1,81 0,82 0,85 0,17 0,65 0,49 0,82 0,33 0,51 0,17 0,68 0,33 0,51 0,17 0,68 0,82 <b>Av.PSI</b> SFNs-OVA 0,16 0,16 0,16 0,16 1,50	0,00 Ms SFNs-CpG 1,26 2,28 4,36 0,21 0,36 0,69 1,63 0,18 0,42 1,86 0,17 0,97 6,83 0,17 0,97 6,83 0,17 0,97 6,83 0,17 0,24 Ms SFNs-CpG 0,00 0,00 0,00 0,00 0,24	L i F Ratio 3,3 4,1 4,9 5,5 3,8 4,5 L i F Ratio	DA Prob>F 4,0E-02 2,1E-02 1,1E-02 6,6E-03 2,6E-02 1,4E-02 DA Prob>F
B) C)	Gene Name Prkacb Rac2 Ptpn6 Kat2a Calr Dnm2 Rab8b Eef1b2 Clta Csk Tardbp Sec22b Ckb Ddb1 Cryab Lrp1 Gene Name Tia1 Nfkb1 Speg Ssrp1 Copa	CTR	Between SFNs-OVA 51120 15334 9382 7134 7080 6921 6197 5738 5537 4912 3979 3721 3546 3410 3170 2947 Between SFNs-OVA 67385 12600 10822 3973 3536	SFNs-CpG         46999         16542         6040         6998         10145         3550         10095         3665         3278         5001         4553         4098         4362         2774         2496         2611         ness         SFNs-CpG	-484	Centro SFNS-OVA -213 -312 -439 -452 -531 -519 -452 -619 -452 -619 -452 -619 -471 -463 -621 -761 -531 -394 -516 -663 Centro SFNS-OVA -123 -288 -668 -777 -642	-742	<ul> <li>CTR</li> <li>0,00</li> </ul>	Av.PSI SFNs-OVA 1,50 1,14 0,98 0,17 1,81 0,82 0,85 0,17 0,65 0,49 0,85 0,17 0,65 0,49 0,82 0,33 0,51 0,17 0,68 0,82 Av.PSI SFNs-OVA 0,16 0,16 0,16 1,50 0,16 1,50 0,16	VIS SFNS-CpG 1,26 2,28 4,36 0,21 0,36 0,69 1,63 0,18 0,42 1,86 0,17 0,97 6,83 0,17 0,97 6,83 0,17 0,97 6,83 0,17 0,24 VIS SFNS-CpG 0,00 0,00 0,00 0,00 0,24 0,00	L i F Ratio 3,3 4,1 4,9 5,5 3,8 4,5 L i F Ratio 8,8 4,4	DA Prob>F 4,0E-02 2,1E-02 1,1E-02 6,6E-03 2,6E-02 1,4E-02 DA Prob>F 6,4E-04 1,6E-02
B) C)	Gene Name Prkacb Rac2 Ptpn6 Kat2a Calr Dnm2 Rab8b Eef1b2 Clta Csk Tardbp Sec22b Ckb Ddb1 Cryab Lrp1 Gene Name Tia1 Nfkb1 Speg Ssrp1 Copa	CTR	Between SFNs-OVA 51120 15334 9382 7134 7080 6921 6197 5738 5537 4912 3979 3721 3546 3410 3170 2947 Between SFNs-OVA 67385 12600 10822 3973 3536	SFNs-CpG         46999         16542         6040         6998         10145         3550         10095         3665         3278         5001         4553         4098         4362         2774         2496         2611         ness         SFNs-CpG	CTR	Centro SFNS-OVA -213 -312 -439 -452 -519 -452 -619 -452 -619 -452 -619 -452 -619 -451 -394 -516 -663 Centro SFNS-OVA -123 -288 -668 -777 -642 Centro	SFNs-CpG         -306         -313         -487         -482         -477         -479         -410         -537         -466         -414         -653         -639         -456         -534         -469         -586         Did	<ul> <li>CTR</li> <li>0,00</li> </ul>	Av.PSI SFNs-OVA 1,50 1,14 0,98 0,17 1,81 0,82 0,85 0,17 0,65 0,49 0,82 0,33 0,51 0,17 0,68 0,33 0,51 0,17 0,68 0,82 <b>Av.PSI</b> SFNs-OVA 0,16 0,16 0,16 1,50 0,16 1,50 0,16	0,00         Ms         SFNs-CpG         1,26         2,28         4,36         0,21         0,36         0,69         1,63         0,17         0,97         6,83         0,17         0,17         0,24         VIs         SFNs-CpG         0,00	L i F Ratio 3,3 4,1 4,9 5,5 3,8 4,5 L i F Ratio 8,8 4,4 L	DA Prob>F 4,0E-02 2,1E-02 1,1E-02 6,6E-03 2,6E-02 1,4E-02 DA Prob>F 6,4E-04 1,6E-02 DA
B) C)	Gene Name Prkacb Rac2 Ptpn6 Kat2a Calr Dnm2 Rab8b Eef1b2 Clta Csk Tardbp Sec22b Ckb Ddb1 Cryab Lrp1 Gene Name Tia1 Nfkb1 Speg Ssrp1 Copa Gene Name	CTR	Between         SFNs-OVA         51120         15334         9382         7134         9382         7134         7080         6921         6197         5738         5537         4912         3979         3721         3546         3410         3170         2947         Between         SFNs-OVA         67385         12600         10822         3973         3536         Between         SFNs-OVA	SFNs-CpG         46999         16542         6040         6998         10145         3550         10095         3665         3278         5001         4553         4098         4362         2774         2496         2611         ness         SFNs-CpG         1112         SFNs-CpG	-484	Centro SFNS-OVA -213 -312 -439 -452 -531 -519 -452 -619 -452 -619 -452 -619 -451 -531 -394 -516 -663 Centro SFNS-OVA -123 -288 -668 -777 -642 SFNS-OVA	SFNs-CpG         -306         -313         -487         -482         -477         -479         -410         -537         -466         -414         -653         -639         -456         -534         -469         -586         Did         SFNS-CpG	<ul> <li>O,13</li> <li>CTR</li> <li>0,00</li> <li></li></ul>	Av.PSI SFNs-OVA 1,50 1,14 0,98 0,17 1,81 0,82 0,85 0,17 0,65 0,49 0,82 0,33 0,51 0,17 0,68 0,82 0,33 0,51 0,17 0,68 0,82 SFNs-OVA 0,16 0,16 0,16 0,16 0,16 0,16 0,16 0,16	0,00 Ms SFNS-CpG 1,26 2,28 4,36 0,21 0,36 0,69 1,63 0,18 0,42 1,86 0,17 0,97 6,83 0,17 0,97 6,83 0,17 0,97 6,83 0,17 0,97 6,83 0,17 0,97 6,83 0,17 0,24 VIS SFNS-CpG 0,00	L i F Ratio 3,3 4,1 4,9 5,5 3,8 4,5 L i F Ratio 8,8 4,4 L i F Ratio	DA Prob>F 4,0E-02 2,1E-02 1,1E-02 6,6E-03 2,6E-02 1,4E-02 DA Prob>F 6,4E-04 1,6E-02 DA
B) C) D)	Gene Name Prkacb Rac2 Ptpn6 Kat2a Calr Dnm2 Rab8b Eef1b2 Clta Csk Tardbp Sec22b Ckb Ddb1 Cryab Lrp1 Gene Name Tia1 Nfkb1 Speg Ssrp1 Copa Gene Name	CTR	Between         SFNs-OVA         51120         15334         9382         7134         7080         6921         6197         5738         5537         4912         3979         3721         3546         3410         3170         2947         Between         67385         12600         10822         3973         3536         Between         SFNs-OVA	SFNs-CpG         46999         16542         6040         6998         10145         3550         10095         3665         3278         5001         4553         4098         4362         2774         2496         2611         ness         SFNs-CpG         1112         ness         SFNs-CpG         15905	-484	Centro SFNS-OVA -213 -312 -439 -452 -531 -519 -452 -619 -452 -619 -471 -463 -621 -761 -531 -394 -516 -663 Centro SFNS-OVA -123 -288 -668 -777 -642 SFNS-OVA	SFNs-CpG         -306         -313         -487         -482         -477         -479         -410         -537         -466         -414         -653         -639         -456         -534         -536         Did         SFNs-CpG         SFNs-CpG         -742	<ul> <li>CTR</li> <li>0,00</li> </ul>	Av.PSI         SFNs-OVA         1,50         1,14         0,98         0,17         1,81         0,82         0,49         0,82         0,33         0,51         0,17         0,65         0,49         0,82         0,33         0,51         0,17         0,68         0,17         0,65         0,17         0,65         0,17         0,65         0,17         0,65         0,17         0,65         0,17         0,68         0,17         0,68         0,17         0,68         0,17         0,68         0,16         0,16         1,50         0,16         1,50         0,16         \$FNs-OVA         0,00	Vis SFNs-CpG 1,26 2,28 4,36 0,21 0,36 0,69 1,63 0,17 0,17 0,97 6,83 0,17 0,97 6,83 0,17 0,97 6,83 0,17 0,97 6,83 0,17 0,97 6,83 0,17 0,97 6,83 0,17 0,97 6,83 0,17 0,24 Vis SFNs-CpG 0,00	L i F Ratio 3,3 4,1 4,9 5,5 3,8 4,5 L i F Ratio 8,8 4,4 L i F Ratio	DA Prob>F 4,0E-02 2,1E-02 1,1E-02 6,6E-03 2,6E-02 1,4E-02 DA Prob>F 6,4E-04 1,6E-02 DA Prob>F
В) С) D)	Gene Name Prkacb Rac2 Ptpn6 Kat2a Calr Dnm2 Rab8b Eef1b2 Clta Csk Tardbp Sec22b Ckb Ddb1 Cryab Lrp1 Gene Name Tia1 Nfkb1 Speg Ssrp1 Copa Gene Name Polr2a Me1	CTR	Between         SFNs-OVA         51120         15334         9382         7134         7080         6921         6197         5738         5537         4912         3979         3721         3546         3410         3170         2947         Between         SFNs-OVA         67385         12600         10822         3973         3536         Between         SFNs-OVA	SFNs-CpG         46999         16542         6040         6998         10145         3550         10095         3665         3278         5001         4553         4098         4362         2774         2496         2611         ness         SFNs-CpG         1112         ness         SFNs-CpG         15905         4901	-484	Centro SFNS-OVA -213 -312 -439 -452 -519 -452 -619 -452 -619 -471 -463 -621 -761 -394 -516 -63 Centro SFNS-OVA -123 -288 -668 -777 -642 Centro	SFNs-CpG         -306         -313         -487         -482         -477         -479         -410         -537         -466         -414         -653         -639         -456         -534         -469         -586         Did         SFNs-CpG         -742	0,13 CTR 0,000 0,00	Av.PSI         SFNs-OVA         1,50         1,14         0,98         0,17         1,81         0,82         0,17         0,65         0,17         0,65         0,17         0,65         0,49         0,82         0,33         0,51         0,17         0,68         0,33         0,51         0,17         0,68         0,82         0,33         0,51         0,17         0,68         0,82         0,16         0,16         0,16         0,16         0,16         0,16         0,16         0,16         0,16         0,016         SFNs-OVA         0,00         0,00         0,00	0,00 Ms SFNs-CpG 1,26 2,28 4,36 0,21 0,36 0,69 1,63 0,18 0,42 1,86 0,17 0,97 6,83 0,17 0,97 6,83 0,17 0,97 6,83 0,17 0,97 6,83 0,17 0,97 6,83 0,17 0,24 Ms SFNs-CpG 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00 0,24 0,00 VIS SFNS-CpG 0,37 4,94	L i F Ratio 3,3 4,1 4,9 5,5 3,8 4,5 L i F Ratio 8,8 4,4 L i F Ratio	DA Prob>F 4,0E-02 2,1E-02 1,1E-02 6,6E-03 2,6E-02 1,4E-02 DA Prob>F 6,4E-04 1,6E-02 DA Prob>F 3,3E-02

Bari E, et al. J Immunother Cancer 2023; 11:e005916. doi: 10.1136/jitc-2022-005916

#### Supplemental material

#### 1 2 3

#### 4 MATERIALS AND METHODS

#### 5 Preparation of injectable formulations of SFNs

6 Bombyx mori cocoons (kindly donated by Nembri Industrie Tessili S.r.l., Capriolo, BS, Italy) were 7 cut into fine pieces and degummed in a Na<sub>2</sub>CO<sub>3</sub> aqueous solution (0.02 M) at 100 °C for 30 8 minutes; the degummed silk fibroin (SF) fibres were washed in distilled water and dried at room 9 temperature. Then, SF was solubilized in an aqueous LiBr (9.3 M) solution at 60°C for 4 hrs; the 10 obtained solution was dialyzed against distilled water for 72 hrs at room temperature using tubes of dialysis-regenerated cellulose (Spectrum Laboratories, Milan, Italy) with a 3-5 kDa Molecular 11 Weight Cut-Off (MWCO). The SF final concentration (9.16% w/v) was determined by freeze-12 drying at a pressure of 8 x  $10^{-1}$  mbar and a temperature of -50 °C for 72 hrs (Modulyo<sup>®</sup> Edwards 13 14 Freeze dryer, Kingston, NY, USA).

For SFNs preparation, SF (1.5% w/v) was added dropwise to acetone; for SFNs-OVA, a solution of 15 SF (1% w/v) and OVA (Merck, Darmstadt, Germany) (0.5% w/v) was prepared and then added 16 17 dropwise to acetone; for SFNs-CpG, a solution of SF (1.5% w/v) and CpG (TIB Molbiol, Genoa, 18 Italy) (0.1% w/v) was prepared and then added dropwise to acetone. The fibroin/acetone volume 19 ratio was 1:5 in all cases. Next, all the nanoparticle suspensions were dialyzed against deionized water, obtained from a Milli-Q<sup>®</sup> Direct Water Purification System (Millipore, Milan, Italy), for 72 20 21 hrs at room temperature using tubes of dialysis-regenerated cellulose (12 kDa MWCO). Then, SFNs 22 were centrifuged at 10000 rpm for 5 min and washed with water three times to remove any residual 23 unloaded OVA or CpG. Finally, nanoparticles were re-suspended in deionized water; mannitol was 24 added at the concentration of 0.5% w/v as a cryoprotectant and to reduce the formation of 25 aggregates. The final mixture was aliquoted into vials before freeze-drying at a pressure of 8 x 10-1 mbar and a temperature of -50 °C for 72 hrs (Modulyo® Edwards Freeze dryer, Kingston, NY, 26 USA). Final formulations were stored at 4°C until use (maximum of three months). In addition, a 27

physical mixture of SFNs-OVA and SFNs-CpG was prepared by mixing the freeze-dried
formulations of SFNs-OVA and SFNs-CpG in a 1:1 ratio.

30

31

#### 32 Characterization of SFNs injectable formulations

Loading of ovalbumin (OVA) in SFNs-OVA was analyzed as follows. Briefly, 5 μL of the solution
was analyzed in a liquid chromatographer (Agilent HPLC series 1100 system, Santa Clara, CA,
USA) using a TSK-gel SuperSW 2000 column (4.6 × 300 mm) and a mobile phase composed of 0.1
M Na<sub>2</sub>SO<sub>4</sub> and 0.05% NaN<sub>3</sub> in 0.1 M phosphate buffer, pH 6.7. Flow rate and temperature were
fixed at 0.35 mL/min and 25 °C, respectively. Three batches for each formulation were considered,
and each sample was analyzed in triplicate. After calibration (5 points, 3 replicates, 0.1-1 mg/mL),
the encapsulation efficiency % (EE) was calculated as:

- 55 the cheapsulation efficiency // (EE) was calculated as.
- 40  $EE = (total amount of OVA unbounded OVA)/total amount of OVA \times 100$
- 41 The OVA loading % was calculated as:
- 42 Loading % = (total amount of OVA unbounded OVA)/weight of SFNs.

The dimensional distribution of SFNs was analyzed using NanoSight NS300 equipment (Malvern
Panalytical, Grovewood Rd, WR14 1XZ, Great Malvern, Worcestershire, UK). The nanoparticle
formulations were dispersed in water, vortexed for 30 s, sonicated for 30 min and filtered by a 0.45
µm filter before the analysis. Five measurements of 90 s each were performed for each sample. Data
were analyzed with the NTA software 3.0.

The dimensional distribution of SFNs was analyzed using NanoSight NS300 equipment (Malvern Panalytical, Grovewood Rd, WR14 1XZ, Great Malvern, Worcestershire, UK). The nanoparticle formulations were dispersed in water, vortexed for 30 s, sonicated for 30 min and filtered by a 0.45 µm filter before the analysis. Five measurements of 90 s each were performed for each sample. Data were analyzed with the NTA software 3.0.The analyses of the mean size, polydispersity index (PDI) and zeta potential of SFNs were analyzed by Zetasizer Nano Zs (Malvern Panalytical, Grovewood 54 Rd, WR14 1XZ, Great Malvern, Worcestershire, UK) performed as follows. First, aqueous 55 suspensions (1 mg/ml) of all SNFs were prepared and allowed to equilibrate overnight at 25°C with 56 gentle stirring. Then the nanoparticle dispersions were filtered with a 0.45 μm filter and analyzed. 57 The measurements were performed in triplicate for each sample. Next, to measure the Z-potential, 58 all SFNs were suspended (1 mg/ml) in KCl 1 mM, allowed to equilibrate overnight at room 59 temperature with gentle stirring, and analyzed.

Thermal analysis of SFNs was performed as follows. Mid-IR (650-4000 cm<sup>-1</sup>) spectra were 60 recorded on powder samples using a Bruker Equinox 55 spectrometer equipped with a pyroelectric 61 detector (DTGS type) with a resolution of  $4 \text{ cm}^{-1}$ . Temperature and enthalpy values were measured 62 by differential scanning calorimetry (DSC) by a NEXTA DSC (Hitachi, Europark Fichtenhain A12, 63 64 47807 Krefeld, Germany) equipped with a DSC821e module and an intracooler device for subambient temperature analysis (Julabo FT 900). Samples in the range 1–3 mg were weighed (Mettler 65 M3 Microbalance) and placed in sealed aluminium pans with pierced lids ( $\beta = 10 \text{ K min}^{-1}$ , nitrogen 66 67 atmosphere (flow rate 50 mL min<sup>-1</sup>), -10/400 °C temperature range). The instrument was 68 preventively calibrated with indium as a standard reference. Measurements were carried out at least 69 in triplicate. A Mettler STARe thermogravimetric analysis (TGA) system (Perkin Elmer Pyris 1, 70 Wellesley, Minneapolis, MN, USA) with simultaneous DSC (TGA/DSC1) was used to measure mass losses upon heating 2–3 mg samples in alumina crucibles with lids ( $\beta = 10 \text{ K min}^{-1}$ , nitrogen 71 72 atmosphere (flow rate 50 mL min<sup>-1</sup>), 30/400 °C temperature range). Calibration procedure and 73 triplicate measurements were applied, as for DSC above.

After allowing the samples to rebalance at room temperature, residual humidity was determined by Coulometric Titrator HI904 (Hanna Instruments). The titration was performed twice for each vial (n=3 vials for each formulation). The osmolarity was measured using a micro osmometer (Precision System Inc., Natick, MA) after reconstitution of 10 mg of lyophilized sample in 2 ml saline (0.9% w/v NaCl in deionized water) at 37°C. The pH of the reconstituted product was measured by a pH meter (Mettler-Toledo, US).

#### 81 Analysis of SFNs internalization by cancer cells

For this experiment, SFNs loaded with curcumin were used. Briefly, SF aqueous solution was diluted (1.5% w/v) and added dropwise to the acetone containing 0.08 mg/ml of curcumin. After dialysis (12 kDa MWCO), SFN-CUR suspension was freeze-dried at  $8 \times 10^{-1}$  mbar and  $-50^{\circ}$  C.

Curcumin-SFNs were incubated with the following mouse or human cancer cell lines: a) MB49
(murine bladder cancer); b) LLC1 (mouse Lewis lung carcinoma); c) B16/F10 (murine melanoma);
d) U-87 (human glioblastoma); e) DLD-1 (human colon adenocarcinoma); f) KPC (human pancreatic ductal adenocarcinoma); g) LNCap.FGC (human prostate adenocarcinoma); h) 5637
(human bladder carcinoma). All cancer cell lines were purchased from ATCC except for the MB49
cell line (Sigma-Aldrich, Milan, Italy) and KPC cell line (Ximbio, London, UK).

91 Cancer cell lines (25000 cells/well in 24-well plates) were grown adherently in the presence of 92 culture medium, constituted by RPMI culture medium (Gibco-ThermoFisher Scientific, Waltham, 93 Massachusetts, US) added with 10% Fetal Bovine Serum (FBS) and 1% Penicillin, Streptomycin, 94 Amphotericin B Mixture (Lonza, Basel, Switzerland), at 37°C in 5% CO<sub>2</sub>. SFNs loaded with either curcumin or OVA were added to the cultures at a concentration of 200 µg/ml for 1, 2, 4 and 24 95 96 hours. Cancer cells cultured alone or in the presence of empty SFNs were the negative control of 97 the experiments. After the incubation, the cancer cells were harvested by trypsinization (Trypsin-98 EDTA, Euroclone Milan, Italy) for 5 min at 37°C and 5% CO<sub>2</sub>, washed and re-suspended in 200 µl 99 of fresh culture medium. Vital 7- AAD dye (0.25 µg/sample) (Becton Dickinson, BD, Franklin 100 Lakes, New Jersey, US) was added to each sample to identify the dead cells by cytofluorimetric 101 analyses. The cell suspension was analyzed by a FACS Canto II flow cytometry (BD) equipped with three lasers (488 nm, 640 nm, 405 nm) using FACS DIVA software v6 (BD). This analysis 102 103 benefited from the different light excitation and emission frequencies of fibroin and curcumin: in 104 particular, 515 nm (excitation) and 585 nm (emission) for fibroin, 488 nm (excitation) and 525 nm

(emission) for curcumin. Hence, the analyses were conducted using a violet light-emitting laser forthe fibroin and a green light-emitting laser for the curcumin.

107 Ex vivo internalization of SFNs loaded with curcumin by excised tumors was analyzed by confocal 108 microscopy. First, C57BL/6J mice were challenged with MB49 bladder cancer cells as described below. When tumors reached 1 cm<sup>3</sup> dimension, mice were sacrificed, and the tumor was excised, 109 110 minced and passed through a cell strainer (40 µm) to obtain a homogenous cell suspension. Then, 111 tumor cells were re-suspended in culture medium and co-incubated, or not, with SFNs at a 112 concentration of 200 µg/ml for 1, 4 and 24 hrs. Then, the internalization of curcumin-loaded SFNs 113 by tumor cells was analyzed by confocal microscopy. In particular, the plasma membrane of cells 114 treated with curcumin-loaded SFNs was labelled with Alexa594-conjugated wheat germ agglutinin (ThermoFisher Scientific, Waltham, Massachusetts, US) following the manufacturer's instruction 115 and optic sections were acquired by using an Olympus FV500 confocal microscope (Olympus 116 117 Corporation). The green signal (curcumin), the red signal (Alexa594), and the bright field were 118 imaged using a sequential acquisition mode.

Ex vivo internalization of SFNs loaded with OVA by excised tumors was analyzed as follows. First, C57BL/6J/6 mice were challenged with B16/F10 melanoma cells as described below (section Mice). Then, when tumors reached 1 cm<sup>3</sup> dimension, mice were sacrificed, and the tumor was excised, minced and passed through a cell strainer (40  $\mu$ m) to obtain a homogenous cell suspension. Then, tumor cells were re-suspended in culture medium and co-incubated, or not, with OVA-loaded SFNs at a concentration of 200  $\mu$ g/ml for 4 hrs. Then, the internalization of OVA-loaded SFNs by tumor cells was analyzed by flow cytometry as described below.

126 In vivo internalization of SFNs loaded with OVA was also analyzed. In brief, C57BL/6Jmice were 127 challenged with B16/F10 melanoma cells, as described below. When tumors reached 0.5 cm<sup>3</sup> 128 dimension, SFNs loaded with OVA (200  $\mu$ g per mouse) were injected subcutaneously into the peri-129 tumoral area. Mice were sacrificed after 4 hrs from SFNs injection. A control mouse challenged 130 with B16/F10 melanoma cells was sacrificed as control. Intracellular staining for OVA was performed. To this aim, tumors were collected, minced and passed through a cell strainer (40 μm)
to obtain a homogenous cell suspension. Cells (106) were stained with LIVE/DEAD<sup>TM</sup> Fixable
Aqua Dead Cell Stain Kit (Thermo Fisher Scientific, Waltham, MA, US) to identify the dead cells
by cytofluorimetric analyses and then incubated with a PerCP-Cyanine 5.5 mouse anti-mouse
CD45.2 antibody (BD) for 15 min at RT. Then they were fixed and permeabilized by BD Cytofix
Cytoperm (BD) and incubated with a FITC rabbit anti-OVA antibody (Abcam, Cambridge, UK).
Cells were then analyzed by an LSR Fortessa X20 flow cytometer (BD).

138

#### 139 Analysis of SFNs internalization by DCs

140 Splenic DCs were magnetically separated from C57BL/6J spleen cells using Pan Dendritic Cell 141 Isolation Kit (Miltenyi Biotec, Bergisch Gladbach, Germany) according to manufacturer 142 instructions. In brief, the C57BL/6J spleen was collected, minced and passed through a cell strainer 143  $(40 \,\mu\text{m})$  to obtain a homogenous cell suspension. DCs were isolated by depletion of non-target cells 144 (negative selection) performed through immune-magnetic separation on LS columns (Miltenyi Biotec). DCs were then seeded at  $5 \times 10^5$  cells/well in 24-well plates in the presence of culture 145 146 medium at 37°C in 5% CO2. SFNs loaded with curcumin (25  $\mu$ g/ml) were added to the culture for 4 147 and 24 hours. DCs were stained with Fixable Viability Stain 780 (BD) and anti-mouse PE-Cy7-148 labelled anti-CD11c antibody (BD catalog no. 558079) at the end of incubation.

Concerning intratumoral DCs, in vivo internalization of SFNs-OVA was analyzed by flow 149 150 cytometry. C57BL/6J mice were challenged with B16/F10 melanoma cells as described below. When tumors reached 0.5 cm<sup>3</sup> dimension, SFNs loaded with OVA (200 µg per mouse) were 151 injected subcutaneously into the peri-tumoral area. Mice were sacrificed after 4 hrs from SFNs 152 153 injection. A control mouse challenged with B16/F10 melanoma cells was sacrificed as control. 154 Intracellular staining for OVA was performed. To this aim, tumors were collected, minced, and 155 passed through a cell strainer (40 µm) to obtain a homogenous cell suspension. Cells derived from tumors (10<sup>6</sup>) were stained with LIVE/DEAD<sup>™</sup> Fixable Aqua Dead Cell Stain Kit (Thermo Fisher 156

Scientific, Waltham, MA, US) to identify the dead cells by cytofluorimetric analyses and then incubated with a PerCP-Cyanine 5.5 anti-mouse CD45.2 (BD catalog no. 561096), Phycoerythrin (PE) rat anti-mouse MHC-II (IA/IE) (Thermo-Fisher Scientific catalog no 12-5321-82) and PE-Cyanine 5.5 Armenian hamster anti-mouse CD11c (Thermo-Fisher Scientific catalog no 35-0114-82) antibodies for 15 min at RT then fixed and permeabilized by BD Cytofix Cytoperm (BD), and incubated with a Fluorescein Isothiocyanate (FITC) rabbit anti-OVA antibody (Abcam, Cambridge, UK catalog no. ab85584). Cells were then analyzed by an LSR Fortessa X20 flow cytometer (BD).

#### 165 ADAS generation

Adipose tissue was derived from liposuction waste from a healthy donor after obtaining the informed consent. Briefly, the sample was digested with an enzymatic solution (collagenase type I 0.1% in PBS) at 37°C for 1 h before centrifugation at 1200 rpm for 5 min at RT. The pelleted stromal vascular fraction (SVF), containing the mesenchymal stromal cells, was suspended in alpha-MEM supplemented with 10% FCS to block the residual collagenase activity. The pellet was suspended in an amount of medium corresponding to the initial lipo-aspirate volume and divided into 100-mm diameter Petri dishes (2 ml cell suspension/dish).

To the first confluence the cells were plated for the analysis of the nanoparticle's toxicity bythiazolyl blue (MTT; Sigma) assay.

175

#### 176 MTT assay

177 Cells  $(3x10^{3}/\text{well})$  were plated in wells of a 96-well plate and incubated with SFNs (200 µg/ml) for 178 1, 4 and 24 hours at 37°C. At each considered time, culture medium was removed and replaced with 179 0.5 ml of serum-free medium and 25 ml of 3-(4,5-dimethylthiazol-2-yl)-2,5-diphenyltetrazolium 180 bromide (stock solution, 5 mg/ml). After 3 hour incubation in the dark, the medium was removed, 181 and the converted dye was solubilized with absolute ethanol. Absorbance of converted dye was 182 measured at a wavelength of 570 nm with background subtraction at 670 nm. Percent cell viability was calculated as follows: 100 × mean (of triplicates) optical density of SFNs treated samples/mean
optical density of untreated controls.

- 185
- 186

## 187 Sample preparation for Liquid Chromatography with tandem mass spectrometry (LC 188 MS/MS) analysis

189 Paraffin-embedded tissue sections from B16/F10 melanoma and MB49 bladder carcinoma mouse 190 models were deparaffinized in hexane using three solvent changes. Each embedded biopsy was cut 191 to obtain 10 µm sections from the same block. Slices were transferred into a 5 ml collection tube 192 and added to hexane (Sigma-Aldrich Inc., St Louis, MO, USA). The samples were gently vortexed 193 and placed on a rotary shaker for 10 minutes at room temperature. The samples were then 194 centrifuged at 4800 rpm for 15 minutes at 20°C. Supernatants were discarded, and pellets 195 underwent two additional hexane washes. Finally, the pellets were dried under a gentle nitrogen 196 flow and stored at -20°C.

197 Dewaxed tissues were solubilized in RapigestTM SF reagent (Waters Co, Milford, MA, USA) at 198 the final concentration of 0.5% (w/v) and then incubated under stirring 100°C for 20 minutes and 199 subsequently at 80°C for 2 hrs. Protein concentration was assayed using the SPNTM Protein Assay kit (G-Biosciences, Maryland Heights, MO, USA). From each sample, 50 µg ± 0.5 µg of proteins 200 201 were digested by adding Sequencing Grade Modified Trypsin (Promega, Madison, WI, USA) at an 202 enzyme/substrate ratio of 1:50 (w/w) and incubating them overnight at 37°C; an additional aliquot 203 of Trypsin was added (enzyme/substrate ratio of 1:100 w/w) in the morning and the digestion 204 continued for 4 hrs. The enzymatic reaction was chemically stopped with the addition of 0.5% TFA 205 (Sigma-Aldrich Inc., St. Louis, MO, USA), and a subsequent incubation at 37°C for 45 minutes 206 completed the acidic hydrolysis of RapiGest. The water-immiscible degradation products were 207 removed by centrifuging at  $13,000 \times g$  for 10 min. Finally, the tryptic digested mixtures were 208 desalted using PepCleanTMC18 spin column (Thermo Fisher Scientific, Waltham, MA, USA),

209 concentrated in a SpeedVac (Savant Instruments, Farmingdale, NY, USA) at 60 °C and re-210 suspended in 0.1% formic acid (Sigma-Aldrich Inc., St. Louis, MO, USA) at a concentration of 0.2 211  $\mu g/\mu L$ .

212

#### 213 LC-MS/MS analysis

214 Trypsin-digested mixtures were analyzed using a platform consisting of a nano-liquid 215 chromatographic system, the Eksigent nanoLC-Ultra 2D System (Eksigent, AB SCIEX Dublin, CA, 216 USA), configured in trap-elute mode coupled with a high-resolution mass spectrometer. For each 217 experimental condition, three biological replicates were analyzed in twice technical replicates for a 218 total of 48 LC-MS/MS runs. Briefly, samples were first loaded on the nanoLC trap (200 µm x 500 219 µm ChromXP C18, 3 µm, 120 Å) and washed with the loading pump running in isocratic mode 220 with 0.1% formic acid in water for 10 min at a flow rate of 3 µL/min. The automatic switching of 221 the nanoLC ten-port valve then eluted the trapped mixture on a nano-reversed phase column (75  $\mu$ m 222 x 15 cm 3C18-CL, 3 µm, 120 Å), through a 150 min gradient of eluent B (eluent A, 0.1% formic 223 acid in water; eluent B, 0.1% formic acid in acetonitrile), at a flow rate of 300 nL/min. Specifically, 224 the gradient was: from 5–10% B in 3min, 10–40% B in 130 min, 40–95% B in 10 min and holding 225 at 95% B for 10 min. Mass spectra were acquired using an LTQ-Orbitrap XL-ETD mass 226 spectrometer (Thermo Fisher Scientific, San José, CA, USA), equipped with a nanospray ionization 227 source (Thermo Fisher). The spray capillary voltage was set at 1.7 kV, and the ion transfer capillary temperature was held at 220 °C. Full mass spectra were recorded in positive ion mode over a 400-228 229 1600 m/z range and with a resolution setting of 30000 FWHM and scan rate of 2 spectra per 230 second, followed by five low-resolution MS/MS events, sequentially generated in a data-dependent 231 manner on the top five most intense ions selected from the full MS spectrum (at 35% collision 232 energy), using the dynamic exclusion of 0.5 min for MS/MS analysis. Mass spectrometer scan 233 functions and high-performance liquid chromatography solvent gradients were controlled by the 234 Xcalibur data system version 1.4 (Thermo Fisher Scientific).

#### 236 RESULTS

237 The DSC thermal analysis supported the spectroscopic data. The nanoparticles showed a typical 238 profile of an amorphous compound with an endothermic effect around 270°C, associated with a loss 239 of mass in the thermo-gravimetric curve, linked to sample decomposition (data not shown). The 240 residual humidity never exceeded 3%, indicating an effective lyophilization of the product that 241 preserves its stability and effectiveness. Further analyses were performed to check the suitability of 242 each formulation for in vivo administration. First, four vials were randomly selected for each 243 formulation, and quality control was performed by visual inspection of the cake's appearance. A 244 solid and porous cake was formed, free of defects following the aqueous solvent's evaporation 245 during lyophilization. The cake dissolved rapidly by adding saline solution (0.9% w/v NaCl in 246 water), generating a nanoparticle suspension that looked clear and free of subvisible particles. For 247 each formulation, the osmolarity value was always within the range required for injectable 248 formulations (250-350 mOsm/Kg) and, in particular, always between 320 and 350 mOsm/Kg. 249 Moreover, the measured pH value was always in the range of 7.2 to 7.6.

SFNs-CUR had the same characteristics (morphology, particle size and size distribution, zeta
potential, physical-chemical properties) as SFNs, SFNs-OVA and SFNs-CpG.

252

#### 254 SUPPLEMENTAL FIGURES



255 256 Figure S1. Analysis of nanoparticle internalization. (A) Analysis of SFNs-OVA internalization by 257 different cancer cell lines: the different mouse or human cancer cell lines were incubated for 4 and 258 24 hours, alone (light grey bars) or in the presence of unloaded SFNs (dark grey bars) or SFNs-259 OVA (black bars), intracellularly stained with anti-OVA FITC antibody and evaluated by flow 260 cytometry; (B) B16/F10 melanoma cell line was incubated for 4 (upper panels) or 24 (lower 261 panels) hours alone or with either SFNs, SFNs-OVA, soluble OVA, soluble OVA mixed with 262 unloaded SFNs, then fixed and permeabilized before incubation with an anti-OVA FITC labelled 263 mAb and the following cytometric analysis; (C) MB49 bladder cancer cell line was incubated for 4 264 (upper panels) or 24 (lower panels) hours alone or with either SFNs, SFNs-OVA, soluble OVA, 265 soluble OVA mixed with unloaded SFNs, then fixed and permeabilized before incubation with an 266 anti-OVA FITC labelled mAb and the following cytometric analysis.



Figure S2. Viability of different cancer and healthy cell types after SFNs internalization. (A) Cancer 268 cells (25000 cells/well in 24-well plates) or splenic DCs ( $5x10^5$  cells/well in 24-well plates) were 269 270 incubated in the presence or not of SFNs-OVA at a concentration of 200 µg/ml for 4 (white bars) 271 and 24 (black bars) hours; Then the cells were stained with LIVE/DEAD<sup>TM</sup> Fixable Aqua Dead Cell 272 Stain Kit (Thermo Fisher Scientific, Waltham, MA, US) to identify the dead cells by cytofluorimetric analyses. Data are expessed as 100 x viability of untreated cells /viability of treated 273 274 cells. (B) MTT viability analysis on B16/F10 and MB49 cancer cell lines and on Adipose Adult 275 Stromal Cells (ADAS) from an healthy donor after 1, 4 or 24 hour incubation alone or in the 276 presence of SFNs at a concentration of 200 µg/ml. Percent cell viability was calculated as follows: 277 100 × mean (of triplicates) optical density of SFNs treated samples/mean optical density of 278 untreated controls.



280

Figure S3. nLC-hrMS/MS analysis results. Proteins identified in MB49 bladder cancer (A) and B16/F10 melanoma (B) model plotted by their pI and MW; color codes indicate proteins identified using average Peptide spectrum matches (PSMs)<1 (yellow), average 1≤average PSMs<5 (blue), average PSMs≥5 (red). Venn diagrams of proteins identified in MB49 bladder cancer (C) and B16/F10 melanoma (D) model. E) Venn diagram among proteins identified in MB49 bladder cancer and B16/F10 melanoma model. *Spearman*'s correlation among profiles of differentially

- 287 expressed proteins (DEPs) in MB49 bladder cancer (F) and B16/F10 melanoma (G) models.
- Hierarchical clustering from DEPs in MB49 bladder cancer (H) and B16/F10 melanoma (I) model.



291

Figure S4. Protein-protein interaction network model reconstructed by Cytoscape's STRING App starting from proteins differentially expressed in B16/F10 melanoma model untreated (CTR) and treated with SFNs-OVA or SFNs-CpG. Proteins were grouped in functional modules. Red color code (positive DAve values) indicates proteins up-regulated in CTR (vs SFNs-OVA or/and vs SFNs-CpG), while the blue color code (negative DAve values) indicates proteins up-regulated in SFNs-OVA or/and SFNs-CpG (vs CTR).

### MB49 BLADDER CANCER MODEL



CTR vs SFNs-CpG



Figure S5. Protein-protein interaction network model reconstructed by Cytoscape's STRING App starting from proteins differentially expressed in MB49 bladder cancer model untreated (CTR) and treated with SFNs-OVA or SFNs-CpG. Proteins were grouped in functional modules. Red color code (positive DAve values) indicates proteins up-regulated in CTR (*vs* SFNs-OVA or/and *vs* SFNs-CpG), while the blue color code (negative DAve values) indicates proteins up-regulated in SFNs-OVA or/and SFNs-CpG (*vs* CTR).

306



Figure S6. Pie charts showing the functional modules (Biological processes, Molecular function
and Protein families) mostly affected by SFNs treatments in MB49 bladder cancer (A) and B16/F10
melanoma (B) models. Red, green and blue color codes indicate the percentage of proteins with
high-, medium- and low expression, respectively, based on a PSMs-based label-free quantification.
The pie chart size is proportional to the number of DEPs per module.

313



#### Av.Betweenness Reference Network:2127

Number of nodes	930
Number of edges	9608
Avg. number of neighbors	20.662
Network diameter	9
Network radius	5
Characteristic path length	3.290
Clustering coefficient	0.417
Network density	0.022
Network heterogeneity	1.137
Network centralization	0.124

# SFNs-OVA 1780 1760

1770

1760

1750

1740

1730

**B16/F10 MELANOMA MODEL** 



Number of nodes	1055
Number of edges	12119
Avg. number of neighbors	22.974
Network diameter	8
Network radius	5
Characteristic path length	3.207
Clustering coefficient	0.408
Network density	0.022
Network heterogeneity	1.145
Network centralization	0.124



SFNs-CpG

#### Av.Betweenness Reference Network:2274

Number of nodes	1040	Nu
Number of edges	11259	Nu
Avg. number of neighbors	21.652	Av
Network diameter	8	Ne
Network radius	4	Ne
Characteristic path length	3.285	Ch
Clustering coefficient	0.415	Clu
Network density	0.021	Ne
Network heterogeneity	1.149	Ne
Network centralization	0.124	Ne



#### Av.Betweenness Reference Network:2424

1094
12128
22.172
8
5
3.219
0.420
0.020
1.126
0.118



#### MB49 BLADDER CANCER MODEL



Figure S7. Violin plots reporting the average betweenness calculated in random network models reconstructed from protein identified in B16/F10 melanoma (A) and MB49 bladder cancer (B) models; the average betweenness in reference networks is shown. The topological parameters calculated by Cytoscape's Network Analyzer App are reported for both models and each reconstructed network.

323