

T.C.

KOCAELİ ÜNİVERSİTESİ

SAĞLIK BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

**İDİYOPATİK GRANÜLOMATÖZ LOBÜLER MASTİT
HASTALIĞININ PROTEOMİKS YAKLAŞIMLARLA İNCELENMESİ**

Merve Gülsen BAL ALBAYRAK

Kocaeli Üniversitesi

Sağlık Bilimleri Enstitüsü Yönetmeliğinin

Tıbbi Biyoloji Programı için Öngördüğü

DOKTORA TEZİ Olarak Hazırlanmıştır

KOCAELİ

2023

T.C.

KOCAELİ ÜNİVERSİTESİ

SAĞLIK BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

**İDİYOPATİK GRANÜLOMATÖZ LOBÜLER MASTİT
HASTALIĞININ PROTEOMİKS YAKLAŞIMLARLA İNCELENMESİ**

Merve Gülsen BAL ALBAYRAK

Kocaeli Üniversitesi Sağlık Bilimleri Enstitüsü

Yönetmeliğinin Tıbbi Biyoloji Programı için Öngördüğü

DOKTORA TEZİ Olarak Hazırlanmıştır

Danışman: Doç.Dr. Gürler AKPINAR

Bu Çalışma Kocaeli Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri

Birimi (Proje No: 2019/092) Tarafından Desteklenmiştir

Etik Kurul Onay No: GOKAEK-2019/16.05 2019/140

KOCAELİ

2023

KOCAELİ ÜNİVERSİTESİ SAĞLIK BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ MÜDÜRLÜĞÜ'NE,

Tez Adı: İdiyopatik granümatöz lobüler mastit hastalığının proteomiks yaklaşımlarla incelenmesi

Tez Yazarı: Merve Gülsen BAL ALBAYRAK

Tez Savunma Tarihi: 18.01.2023

Tez Danışmanı: Doç. Dr. Gürler AKPINAR

Bu çalışma, sınav kurulumuz tarafından Sağlık Bilimleri Enstitüsü Tıbbi Biyoloji Anabilim Dalı'nda DOKTORA tezi olarak kabul edilmiştir.

Onay

Bu tez Kocaeli Üniversitesi Lisansüstü Eğitim ve Öğretim Yönetmeliğinin ilgili maddeleri uyarınca yukarıdaki jüri tarafından uygun bulunmuş ve Sağlık Bilimleri Enstitüsü Yönetim Kurulu kararıyla onaylanmıştır.

18 /01 /2023

Prof. Dr. Sema Aşkın KEÇELİ

KOÜ Sağlık Bilimleri Enstitüsü Müdürü

ÖZET

İdiyopatik Granülatöz Lobüler Mastit Hastalığının Proteomik Yaklaşımlarla İncelenmesi

Amaç: İdiyopatik Granülatöz Lobüler Mastit (IGLM) klinik bulgular açısından meme kanserini taklit eden ve inflamasyon ile ilişkilendirilen bir hastalıktır. IGLM hastalığının klinik belirtileri ağrı, ödem, eritem, meme başı akıntısı, meme başı retraksiyonu, meme derisinde iltihaplanma ve fistüldür. Hastalığın patofizyolojisi ve etiyolojisi tam olarak bilinmemesine rağmen, bilimsel literatürde; IGLM otoimmün temeli, enfeksiyon kaynaklı veya meme kanseri ile benzerliğinden dolayı kanser ilişkili olarak sınıflandırılmaktadır. Hastalığın moleküler temellerinin tam olarak bilinmiyor olması nedeniyle bu tez çalışmasında IGLM'nin oluşumunda rol oynayabilecek hücresel mekanizmaların protein seviyesinde araştırılması amaçlanmıştır.

Yöntem: Proteom seviyesinde araştırma için 15 hastadan alınan IGLM ve kontrol grubu dokularından protein izolasyonu sonrası örnekler 2DE -MALDI TOF-TOF ve LC-MS/MS analizi olmak üzere iki farklı proteomik yaklaşım ile incelenmiştir.

Bulgular: 2DE-MALDI yaklaşımında, IGLM grubunda kontrol grubuna kıyasla ifadelerinde değişim gözlenen 50 protein beneği tanımlanmıştır. Biyoinformatik analizler bu proteinlerin hücrenin süperoksit radikallerine verdiği cevap ve detoksifikasyon mekanizmalarında rol aldıklarını ve kontrole göre ifadelerinin azaldığını ortaya çıkarmıştır. Ayrıca, oksidatif fosforilasyon ve sitrik asit döngüsü yollarının aktiviteleri de aynı şekilde kontrole göre azalmıştır. LC-MS/MS yaklaşımının sonuçlarının etiketsiz kantitasyon analizinde (LFQ) tanımlanan 1455 proteinden 482'sinin IGLM'de ifadesinin değiştiği gözlemlendi. İki grup arasındaki değişim oranları daha dar bir aralığa çekilerek güvenilirliği artırıldığında ise 482 protein içerisinde 60'ının yüksek güvenilirlikte değişim gösterdiği tespit edilmiştir. Bu proteinler, DAVID ve STRING gibi web tabanlı biyoinformatik araçları kullanılarak hücresel yollardaki rollerine göre sınıflandırılmıştır. DAVID analizine göre bu proteinlerin 16'sı bağışıklık sistemi ile ilişkiliyken, diğer 17 protein kanser metabolizmasında yer almaktadır.

Aynı proteinler ile yapılan STRING analizi farklı bir bakış açısı sağlayarak ifadesi değişmiş proteinlerden beş tanesinin özellikle kombine immün yetmezlik ile ilişkilendirirken, diğer proteinlerin ise insüline cevap ile nötrofil degranülasyonunda yer aldığı belirlenmiştir.

Sonuç: Bu tez çalışması, IGLM'li hastaların meme dokularındaki değişiklikleri kontroller ile karşılaştırmalı proteom analizi ile araştıran çok az çalışmadan biridir. Bu çalışma ile ilk kez IGLM'nin bağışıklık sistemi ile ilişkisi protein düzeyinde gösterilmiş ve ayrıca hastalığın kanser benzeri davranışının altı çizilmiştir. Ayrıca, burada belirtilen bazı proteinler, hastalığın patogeneze daha fazla ışık tutması veya IGLM için tanısal belirteçler olarak değerlendirilmesi açısından daha ileri çalışmalar için bir temel oluşturabilir.

Anahtar kelimeler: Granülamatöz mastit, Proteomik, İnflamasyon, Meme Neoplazmaları

ABSTRACT

Investigation of Idiopathic Granulomatous Lobular Mastitis Disease with Proteomic Approaches

Objective: Idiopathic Granulomatous Lobular Mastitis (IGLM) is an inflammation related disease that clinically mimics breast cancers. Clinical indications of IGLM are pain, edema, erythema, nipple discharge, nipple retraction, breast skin and fistula. Although its possible etiology is not clearly known, it may be plausible according to the literature as; autoimmunity basis of IGLM, infections and breast cancer resemblance. Therefore, the aim of this research was to investigate molecular mechanisms beneath IGLM formation, progress, and recurrence in protein level.

Method: For this, protein isolation from IGLM and control tissues taken from 15 patients were performed. Then, 2D-SDS-PAGE gel followed by MALDI TOF-TOF analysis and LC followed by LC-MS/MS analysis were performed as two different proteomic approaches.

Results: In the MALDI analysis, 50 protein spots from the comparison of IGLM and control tissues were identified. Bioinformatic analyzes revealed that the cell's response to superoxide radicals and detoxification were downregulated. In addition, oxidative phosphorylation and citric acid cycle pathways are also inhibited. In the label free quantification in LC-MS/MS analysis, from 1455 identified proteins, 482 were found differentially regulated between groups (>2 fold). When the regulation rate was narrowed to improve confidency, 60 proteins were found to be regulated with high confidency. Bioinformatic analyses using DAVID and STRING web based bioinformatic tools were revealed that 16 proteins were immune system related. Five proteins, PNP, TAP1, ITGAL, PRKDC, and PTPRC, were associated with combined immune deficiency. 17 of these proteins have been found to be associated with cancer metabolism.

Conclusions: This thesis study was one of the few studies that investigated changes in breast tissues of patients with IGLM in comparison to control breast tissues by proteome analysis.

With this study, we demonstrated for the first time the relationship of IGLM with the immune system at the protein level and also underlined the cancer-like behavior of the disease. Furthermore, some of the proteins mentioned herein may provide a basis for further studies to shed more light on the pathogenesis of the disease or to be evaluated as diagnostic markers for IGLM.

Keywords: Granulomatous Mastitis, Proteomics, Inflammation, Breast Neoplasms



TEŞEKKÜR

Doktora eğitimim boyunca öncelikle her türlü desteği, bilgi ve tecrübesini sakınmadan paylaştan değerli danışmanım Doç. Dr. Gürler AKPINAR'a, tüm akademik ve hayat tecrübeleriyle her daim desteğini hissettiren ve örnek olan çok kıymetli hocam Prof. Dr. Murat KASAP'a, yardımlarını ve ilgisini sakınmayan sevgili hocam Dr. Öğr. Üyesi Aylin KANLI'ya, tez çalışmam sırasında akademik bakış açısı ve destekleri için Prof. Dr. Nuh Zafer CANTÜRK'e ve değerli destekleri ve yönlendirmeleri için Doç. Dr. Turgay ŞİMŞEK'e, tezime sağladığı değerli katkısı için Tez İzleme Komitesi'ndeki Prof. Dr. Yusufhan YAZIR'a ve değerli jüri üyeleri Doç.Dr. Bekir ÇÖL ve Prof. Dr. Berrin TUNCA'ya teşekkürü bir borç bilirim.

Tez çalışmamın gerçekleşmesinde sağladığı maddi destek için üniversitemizin Bilimsel Araştırma Projeleri Koordinasyon Birimi'ne (Proje No: 2019/092) teşekkür ederim.

Eğitimin başından beri dostluğu ve yardımları ile her daim yanımda olan değerli arkadaşlarım Sevinç YANAR ve Mehmet SARIHAN'a, samimi arkadaşlığı ve desteği için Dr. Öğr. Üyesi Candan YILMAZ ÖZDOĞAN'a ve Doç.Dr. Asuman DEVECİ ÖZKAN'a, enerji ve güler yüzleriyle beraber çalışmaktan mutluluk duyduğum tüm laboratuvar arkadaşlarıma ve tüm Tıbbi Biyoloji ailesine en içten duygularımla teşekkür ediyorum.

Hayatımın her aşamasında yanımda olan ve eğitim hayatım boyunca maddi manevi desteklerini esirgemeyen kıymetli annem Emine BAL ve babam Mehmet BAL'a, her zorlukta yanımda hissettiğim ve hissedeceğim sevgili kardeşlerim Gül Yasemin KELEŞ, Tuğba Nur TAYGURT ve Batuhan Berk BAL'a, doktora eğitimim boyunca desteği ve sevgisini esirgemeyen sevgili eşim Ömer ALBAYRAK'a ve biricik oğlum Arda Karan ALBAYRAK'a var oldukları ve yanımda oldukları için en kalbi teşekkürlerimi sunarım.

ORİJİNALLİK BİLDİRİMİ

Kocaeli Üniversitesi Sağlık Bilimleri Enstitüsü Müdürlüğü'ne,

Doktora tezi olarak hazırlayıp sunduğum “İdiyopatik Granülomatöz Lobüler Mastit Hastalığının Proteomiks Yaklaşımlarla İncelenmesi” başlıklı tezimde başka kaynaklardan yararlanılarak kullanılan yazı, bilgi, şekil, tablo ve diğer malzemeler kaynakları gösterilerek verilmiştir. Tezimde yer alan deneysel çalışmalar/araştırmalar bilimsel ahlak ve değerlere uygun olarak tarafımdan yapılmıştır. Tezimin fikir/hipotezi tümüyle tez danışmanım ve bana aittir.

Yukarıda belirtilen hususlar bir intihal programı (Turnitin) kullanılarak test edilmiş olup, doğruluğunu beyan ederim.

22/12/2022

Merve Gülsen BAL ALBAYRAK

İmza

İÇİNDEKİLER

ÖZET	iv
ABSTRACT	vi
ORİJİNALLIK BİLDİRİMİ	ix
İÇİNDEKİLER	x
SİMGELER ve KISALTMALAR	xiii
ŞEKİLLER	xv
TABLolar	xvi
1. GİRİŞ	1
1.1. Literatür Taraması	2
1.1.1. Mastit Tiplerinin Sınıflandırılması	2
1.1.2. IGLM'nin Belirtileri ve Semptomları	4
1.1.3. IGLM İnsidansı	5
1.1.4. IGLM'nin Etiyolojisi	5
1.1.5. IGLM ve Otoimmünite	5
1.1.6. IGLM ve Enfeksiyon	6
1.1.7. IGLM ve Kanser	7
1.1.8. IGLM'nin Diğer Olası Sebepleri	8
1.1.9. IGLM'de Uygulanan Tedaviler	8
1.1.10. IGLM ile Yapılan Moleküler Çalışmalar	10
2. AMAÇ	12
3. YÖNTEM	13
3.1. Etik Kurul Onayı	14
3.2. Dokuların Temini ve Depolanması	14
3.3. Hastaların Klinik Özellikleri	14
3.4. Dokulardan Protein İzolasyonu	15
3.5. Bradford Yöntemi ile Protein Konsantrasyonunun Belirlenmesi	16
3.6. Protein Havuzlarının Oluşturulması	17
3.7. Protein Havuzlarının Kalitesinin Değerlendirilmesi	17
3.7.1. Sodyum Dodesil Sülfat Poliakrilamid Jel Elektroforezi (SDS-PAGE)	17

3.7.2.	Western Blotlama ile Normalizasyon	19
3.8.	İki Boyutlu Jel Elektroforezi (2DE)	20
3.8.1.	Birinci Ayrım	20
3.8.2.	İkinci Ayrım	20
3.8.3.	Görüntü Analizi ve Benek Kesimi	21
3.9.	Kütle Spektrometresi (MS/MS) Analizleri	21
3.9.1.	MALDI-TOF/TOF Analizi	21
3.9.1.1.	<i>Jel içi tripsin kesimi</i>	21
3.9.1.2.	<i>MALDI-TOF/TOF ile proteinlerin tanımlanması</i>	22
3.9.2.	LC-MS/MS Analizi	23
3.9.2.1.	<i>TCA/Aseton protein çöktürmesi</i>	24
3.9.2.2.	<i>Solüsyon içi triptik kesim</i>	24
3.9.2.3.	<i>LC-MS/MS ile proteinlerin tanımlanması</i>	24
3.10.	Western Blot ile Doğrulama	26
3.11.	Biyoinformatik Analiz	27
3.12.	Biyostatistiksel Analiz	28
4.	BULGULAR	29
4.1.	Protein İzolasyonu	29
4.2.	Protein Havuzlarının Oluşturulması	30
4.3.	2-DE Jel Analizi	30
4.3.1.	2-DE Optimizasyonları	30
4.3.2.	2-DE Jel Yürütülmesi ve Benek Analizleri	31
4.4.	MALDI-TOF/TOF Analizi	33
4.4.1.	Proteinlerin Tanımlanması	33
4.5.	LC-MS/MS Analizi	38
4.5.1.	Proteinlerin Tanımlanması	38
4.5.2.	Biyoinformatik Analizler	41
4.5.2.1.	<i>Heatmap (Isı Haritası) analizi</i>	41
4.5.2.2.	<i>STRING analizi</i>	43
4.5.2.3.	<i>PANTHER analizi</i>	46
4.5.2.4.	<i>DAVID analizi</i>	47
4.6.	MS/MS Verilerinin Western Blotlama ile Doğrulanması	47
5.	TARTIŞMA	49
5.1.	MALDI-TOF/TOF analiz sonuçlarının değerlendirilmesi	49

5.1.1.	Enerji Metabolizmaları İlişkili Düzenlemeler	50
5.1.2.	Detoksifikasyon Mekanizmaları İlişkili Proteinler	54
5.2.	LC-MS/MS Sonuçlarının Değerlendirilmesi	57
5.2.1.	Bağışıklık Sistemi ile İlişkili Proteinler	58
5.2.2.	IGLM ve Kanser İlişkili Proteinler	61
5.2.3.	Nötrofil Degranülasyon İlişkili Proteinler	62
5.2.4.	IGLM ve İnsülin İlişkisi	62
6.	SONUÇ ve ÖNERİLER	64
7.	KAYNAKLAR	66
8.	ÖZGEÇMİŞ	74
9.	EKLER	78
Ek-1:	Bu tez çalışmasının etik kurul onayı	78
Ek-2:	IGLM hastalarının detaylı klinik verileri	79
Ek-3:	LC-MS/MS analizi ile tanımlanan proteinlerin tam listesi	80
Ek-4:	LC-MS/MS sonuçlarının STRING analiz sonuçları	166
Ek-5:	LC-MS/MS sonuçlarının DAVID analiz sonuçları	167

SİMGELER ve KISALTMALAR

AAT: Alpha-1-antitripsin
AIRE: Otoimmün düzenleyici
ANA: Antinökleer antikor
AZU1: Azurocidin
BPI: Bakterisidal geçirgenliği arttırıcı protein
BSA: Sığır Serum Albumin
DHAP: Dihidroksiaseton fosfat
DM: Diabetes Mellitus
DOC: Sodyum deoksikolat
ENA: Çıkarılabilir nükleer antikor
EPCAM: Epitel Hücresel adhezyon molekülü
FA: Formik asit
FDR: Hata keşif oranı
GPD1: Gliserol 3 fosfat dehidrogenaz
GPX1: Glutathione peroxidase
HLA: İnsan lökosit antijen
HPLC: Yüksek Performanslı Sıvı Kromatografisi
IEF: İzoelektrik Fokoslama
IGLM: İdiyopatik granülamatöz lobüler mastit
IPG: İmmobilize pH gradyan
ITGAL: İntegrin alfa L
KEGG: Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes
LC-MS/MS: Sıvı Kromatografi Kütle Spektrofotometresi/Kütle Spektrofotometresi
LDHB: L-laktat dehidrogenaz B
LTF: Laktoferrin
MALDI-TOF/TOF: Matriks yardımcı lazer salınım iyonizasyon -uçuş süresi/uçuş süresi
MPO: Myeloperoksidaz

MTHFR: Metilen tetra hidro folat redüktaz
MTX: Methotrexate
PANTHER: Protein ANalysis THrough Evolutionary Relationships
PCA: Temel bileşen analizi (Principal Component Analysis-)
PLA: Fosfolipaz
PLC: Peptid yükleme kompleksi
PMF: Peptit-Kütle Parmak İzleri
PNP: Pürin Nükleosit Fosforilaz
PRDX1: Peroxiredoxin 1
PRKDC: DNA'ya bağımlı protein kinaz katalitik alt ünitesi
PTEN: Fosfataz ve tensin homologu
PTPRC: Proteintirozin Fosfataz Reseptör C
ROS: Reaktif oksijen türlerinin
SCID: Ciddi kombine immün yetmezliğe
SDS-PAGE: Sodyum Dodesil Sülfat Poliakrilamit Jel Elektroforezi
SOD2: Speroksit Dismütaz
STAT: Transkripsiy protein ailesinin sinyal transdüseri ve aktivatörü üyeleri
SWE: Kesme Dalga Elastografi
TAP1: Taşıyıcı ilişkili antijen sunumu
TBP: Tribütilfosfin
TCA: Triklorasetik asit
TNF: Tümör nekroz faktörü
TXN2: Thioredoxin
WB: Western Blotlama

ŞEKİLLER

Şekil 1.1. Mastit çeşitlerinin sınıflandırılması.....	3
Şekil 3.1. Tezde kullanılan proteomik yaklaşımların şematik gösterimi	13
Şekil 3.2. Dokulardan izolasyonda kullanılan parçalayıcı	16
Şekil 3.3. MALDI-TOF/TOF Sistemi	23
Şekil 3.4. LC-MS/MS sistemi	25
Şekil 4.1. Meme sağlıklı kontrol proteinlerinin SDS- PAGE sonucu	29
Şekil 4.2. IGLM proteinlerinin SDS-PAGE sonucu	29
Şekil 4.3. Hazırlanan protein havuzlarının protein analizleri.....	30
Şekil 4.4. 2-DE rehidrasyon optimizasyonları	31
Şekil 4.5. IGLM ve kontrol gruplarının 2-DE jel görüntüleri	32
Şekil 4.6. Kesilen 50 beneğin master jel, meme kontrol jeli ve IGLM jeli üzerindeki gösterimi	32
Şekil 4.7. Kesilen 50 beneğin gruplar arası regülasyon grafikleri	33
Şekil 4.8. MALDI-TOF/TOF analiz sonuçlarının STRING biyoinformatik programı ile analizi sonuçları.....	36
Şekil 4.9. MALDI-TOF/TOF analiz sonuçlarının PANTHER biyoinformatik programı ile analizi sonuçları	37
Şekil 4.10. LC-MS/MS analiz örneklerinin PCA analizi	38
Şekil 4.11. Normalize edilmiş örneklerin logaritmik miktar grafiği.....	39
Şekil 4.12. LC-MS/MS analizi sonucu tanımlanan proteinlerin Volcano Plot dağılımı	39
Şekil 4.13. LC-MS/MS ile tanımlanan proteinlerin dağılımının Venn şeması	40
Şekil 4.14. LC-MS/MS ile tanımlanan proteinlerin Heatmap analizi	42
Şekil 4.15. LC-MS/MS analizi sonucu en az 2 artan ve azalan tüm proteinlerin STRING biyoinformatik programı ile analizi sonuçları	44
Şekil 4.16. LC-MS/MS analizi sonucu en az 10 kat artan ve azalan proteinlerin STRING biyoinformatik programı ile analizi sonuçları	45
Şekil 4.17. LC-MS/MS ile tanımlanan proteinlerin moleküler fonksiyon, biyolojik süreç ve hücresel bileşenlerini gösteren PANTHER analizi	46
Şekil 4.18. LC-MS/MS ile tanımlanan proteinlerin DAVID analizi sonucu kanser ve bağışıklık sistemi ile ilişkisi	47
Şekil 4.19. Çalışma gruplarının Western Blot doğrulama analizi.....	48
Şekil 5.1. Glikoliz ve yağ metabolizmasında GPD1	51
Şekil 5.2. LDH enziminin alt üniteleri	52
Şekil 5.3. LDHA ve LDHB enzimlerinin oksijene bağımlı tümör alanındaki davranışları	53
Şekil 5.4. Kanser hücrelerindeki Warburg Hipotezi ve kullanılan enerji yollarının gösterimi	54
Şekil 5.5. Hücresel antioksidan enzimlerinin çalışma mekanizması.....	55
Şekil 5.6. Antioksidan proteinlerin iki yönlü davranışları	56
Şekil 5.7. Peptit yükleme kompleksinin yapısı	60

TABLÖLAR

Tablo 1.1. IGLM hastalığı için tedavi seçenekleri.....	9
Tablo 3.1. Çalışmaya katılan IGLM hastalarının klinik verileri.....	15
Tablo 3.2. SDS-PAGE jel solüsyonu içerikleri	18
Tablo 3.3. LC-MS/MS analizinde verilen mobil faz B gradyan yüzdeleri ve süreleri	25
Tablo 3.4. Protein ağırlıklarına göre kullanılan jel yüzdeleri	26
Tablo 3.5. Çalışmada kullanılan primer antikorlarının listesi.....	27
Tablo 4.1. MALDI tanımlanan proteinlerin MASCOT analiz sonuçları.....	34
Tablo 4.2. MALDI-TOF/TOF analizi sonucu tanımlanan proteinlerin kat artışları	35
Tablo 4.3. LC-MS/MS analizi sonucu IGLM dokularında kontrole kıyasla 10 kat üzeri ve 0.1 altı anlamlı kabul edilen 60 protein	41

1. GİRİŞ

İdiyopatik granülamatöz lobüler mastit (IGLM) meme dokusunda nadiren rastlanan ve sıklıkla inflamatuvar meme kanseri ile karıştırılan iltihaplı bir meme hastalığıdır. Etiyolojisi tam olarak bilinmemekle birlikte ele gelen meme kitlesi, ağrı, ödem, eritem, meme başı akıntısı, meme ucunun geri çekilmesi ve meme derisi ve fistül iltihabı ile karakterizedir (Vanovcanova ve ark., 2019). Genellikle üretken çağıdaki (15-49 yaş) kadınlarda görülmekte olup emzirme dönemi sonrasında sıklığı artmaktadır (Benson ve Dumitru, 2016)

Etiyolojisi bilinmemesine rağmen literatürde hormon dengesizliği, sigara kullanımı, doğum kontrol ilaçlarının kullanımı, alpha-1-antitripsin (AAT) yoksunluğu, hiperprolaktinemi ya da otoimmün reaksiyonlar hastalıkla ilişkilendirilmektedir (Altintoprak, Kivilcim, & Ozkan, 2014). Hastalıkla ilgili sınırlı bilgidendir dolayı uygulanan, cerrahi drenaj ve eksizyon ya da antibiyotik, anti-inflamatuvar ilaçlar veya steroid terapileri gibi ilaç tedavileri hastalığın tedavisinde yetersiz kalmaktadır ve nüksetme görülmektedir (Uysal, Soran, Sezgin, & Group, 2018).

Bütün bu bilinenlerin yanında bu hastalığın oluşumunun moleküler mekanizması ve gelişiminin altında yatan hücresel mekanizmalar henüz tam olarak aydınlatılamamıştır. Meme kanseri benzeri özellikler de göstermesi, IGLM'yi pek çok açıdan mercek altına koymaktadır.

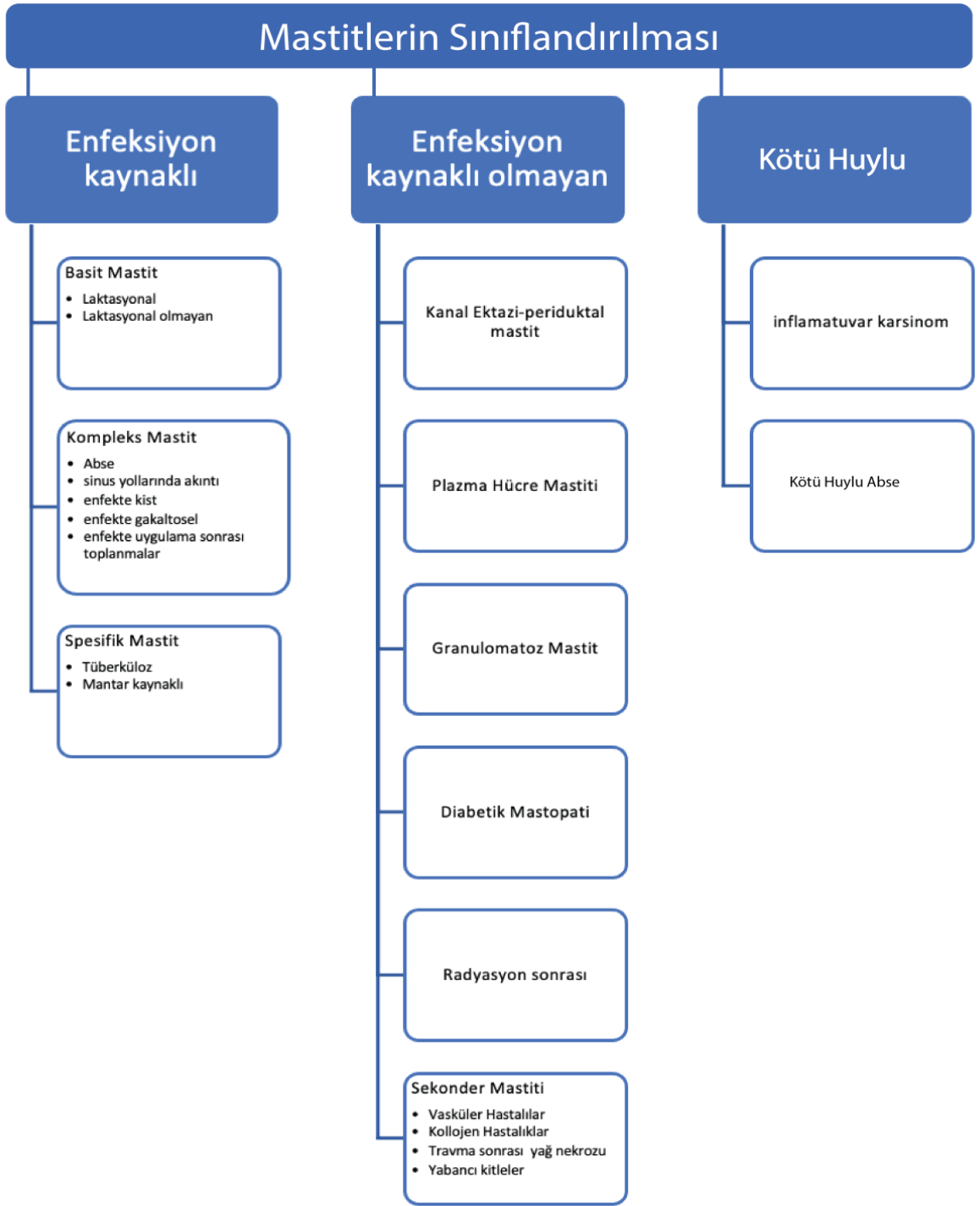
IGLM sebepleri araştırıldığında literatürde 3 farklı yaklaşımın ağırlıkta olduğu görülmektedir. İlkinde, IGLM enfeksiyon dışı mastit olarak kabul edilmesine rağmen *Corynebacterium kroppenstedtii* gibi mikroorganizmalar kaynaklı olduğu ileri sürülmektedir (Fujii ve ark., 2018). İkinci yaklaşım ise hastalığın doğrudan otoimmün bir hastalık olduğunu ve inflamasyonun bu sebeple geliştiğini öne sürmektedir (Altintoprak ve ark., 2013). Son olarak, hastalığın agresif seyretmesi, inflamasyonu tetiklemesi ve nüksetme görülmesi sebebi ile inflamatuvar meme kanseri ile ilişkilendirilmektedir. IGLM, bulguları sebebi ile sıklıkla meme kanseri ile karıştırılmaktadır ve bu hastalığın meme kanserinin öncülü olabileceği düşünülmektedir (Aydin ve ark., 2021).

Tüm bu olası sebeplere rağmen IGLM'nin nasıl oluştuğunu, geliştiğini ve nüksetmesini açıklayan moleküler tabanlı proteom çalışması bulunmamaktadır. Ayrıca hastalığın tedavisinde hedeflenebilecek bir biyobelirteç de bulunmamaktadır. Özellikle hastalığın temelinde hangi hücresel yolların etkin olduğu veya hangi proteinlerin ifadelerinin düzenlendiğini gösteren geniş çapta bir protein çalışması literatüre kazandırılması bu çalışmanın hedeflerindendir. Bu sebeple bu tez çalışması, IGLM hastalığının moleküler mekanizmalarını aydınlatmak ve olası biyobelirteçler sunabilmek adına temel oluşturacak şekilde planlanmıştır.

1.1. Literatür Taraması

1.1.1. Mastit Tiplerinin Sınıflandırılması

Mastit, oluşum sebebinden bağımsız olarak genellikle meme dokusunun inflamasyonu sonucu ortaya çıkan hastalık olarak tanımlanabilir. Literatürde belirtilen çok sayıda mastit tipi sınıflandırması bulunmaktadır. Bu tiplerin sınıflandırılması yapılırken hastalığın oluşum kaynağına göre yapılmaktadır. Kamal ve arkadaşlarının 2009 yılında yaptığı sınıflandırmada mastit tipleri 3 grup altında toplanmıştır; enfeksiyon kaynaklı olanlar, enfeksiyon kaynaklı olmayanlar ve malignant olanlar (Şekil 1.1). IGLM, sınıflandırılan bu tipler arasında “enfeksiyon olmayan” grubuna dahil edilmiştir. Kamal ve arkadaşlarının yaptığı bu sınıflandırmada enfeksiyon kaynaklı, laktasyon ilişkili ve malignant inflamatuvar karsinom mastitleri IGLM'den ayrı sınıflandırılmıştır (Kamal, Hamed, & Salem, 2009).



Şekil 1.1.Mastit çeşitlerinin sınıflandırılması (Kamal ve ark., 2009)

IGLM klinik ve radyolojik olarak çoğunlukla meme kanserine benzetilmektedir ve genellikle doğum yapan kadınlarda doğumdan 1-6 yıl sonra ortaya çıkmaktadır. Bu sebeple IGLM hastalığının hormon dengesizliğine bağlı bir hastalık olduğu da ileri sürülen

hipotezlerdendir (Altintoprak ve ark., 2014; Bässler, 1997). Bir diğer sınıflandırmada ise IGLM gebelikten bağımsız mastit olarak sınıflandırılmıştır. Çok nadir olsa da IGLM erkeklerde de görülmektedir (Elibol, Elibol, Tekin, & Dönmez, 2020; Manasra ve Al-Hurani, 2016). Turkan ve arkadaşları IGLM'yi, enfeksiyon kaynaklı ve otoimmün kaynaklı (Wegener granülamatozis veya Sarkoidosis gibi) granülamatöz türlerinden ayırmaktadır ve IGLM'nin sebebinin bilinmediğini vurgulamaktadır (Turkan ve Gokgoz, 2022).

Kaviani ve arkadaşları ise IGLM hastalığının sınıflandırmasını klinik ve radyolojik bulgulara göre dört seviyeye ayırarak sunmuşlardır. Bu sınıflandırmalar genellikle klinik bulgular göz önünde bulundurularak yapılmaktadır. Dolayısıyla hastalığının moleküler olarak tanımlanması doğru bir şekilde sınıflandırılması açısından da önem arz etmektedir (Kaviani ve Vasigh, 2021).

1.1.2.IGLM'nin Belirtileri ve Semptomları

IGLM ilk olarak 1972 yılında Kessler ve Wolloch tarafından tanımlanmıştır (Kessler ve Wolloch, 1972). Hastalık, ağrılı meme kütlesi, meme akıntısı, ödem ve kızarıklık gibi belirtiler ile ilk teşhisi konulmaktadır (Pereira, Mudgil, Macias, & Karsif, 2012). Ele gelen meme kitlesinin büyüklüğü hastadan hastaya değişmektedir ancak genellikle ağrılıdır. Kaviani ve arkadaşlarının sunduğu sınıflandırma verisinde IGLM'nin klinik bulguları 4 gruba ayrılmaktadır. İnflamatuvar grup ağrı, kızarıklık, eritem, peu d'orange, cilt kalınlaşması, aksiller lenfadenopati gibi semptomları içerirken, yumuşak doku grubu derin koleksiyonlar, doku kalınlaşması, kitle, ciltte çukurlaşma ve meme başı retraksiyonunu içermektedir. Üçüncü grup deri yıkıcı semptomlar ince kırmızı deri, yüzeysel toplama, ülser ve fistül oluşumu iken dördüncü grup meme dışı semptomlar sistemik lenfadenopati, artralji, artrit, eritema nodozum, vb. olarak sıralanmaktadır (Kaviani ve Vasigh, 2021).

Hastalık sıklıkla enfeksiyon kaynaklı mastit tipleri ya da inflamatuvar karsinom ile karıştırıldığından teşhisinde zorluk yaşanmaktadır. Ultrason ve mamografi teşhiste diğer patolojileri dışlamak için kullanılmaktadır (Conte ve ark., 2020). Latif ve arkadaşlarının 85 IGLM hastası ile yaptığı retrospektif çalışmada, hastalığın teşhisinin 4 grup belirti -sadece hassas kitle, abseli kitle, kitle altı sinüs boşaltımı ve sinüslerle spontan siptüre apseler- ile yapılabileceğini öne sürülmektedir. Verilen tedavi ise bu gruplara özgüdür (Latif ve ark., 2021).

Hastalığın doğrudan teşhisinde kullanılabilecek bir biyobelirteç olmaması hastalığın teşhisini ve dolayısı ile tedavisini zorlaştırmaktadır. Bu sebeple IGLM için moleküler biyobelirteçlerin keşfi son derece önemlidir.

1.1.3.IGLM İnsidansı

Altıntoprak ve arkadaşlarının yaptığı çalışmaya göre, IGLM dünya genelinde görülürken, görülen vakaların büyük bir kısmı ülkemizden bildirilmiştir. Yapılan çalışmada 1995 yılından 2014 yılına kadar PubMed taraması yapıldığında vaka sayısı >200 olan ülkeler sırayla Türkiye, Çin, Güney Kore ve ABD idi. Ancak bu hastalığın etnisite bazlı olduğunu söylemek için daha detaylı araştırmaların gerekliliği bildirilmiştir (Altıntoprak ve ark., 2014). Hispanik kadınlar arasında yapılan bir diğer çalışma ise bu hastalığın insidansını 100,000 kişi içinde 2.4 olarak belirtmiştir (CDC, 2009). Bir diğer retrospektif çalışmada ise 952 meme patolojisi içerisinde 20 IGLM hastası ile yapılmış ve bu oran %2 olarak yinelenmiştir (Boufettal, Essodegui, Noun, Hermas, & Samouh, 2012).

1.1.4.IGLM'nin Etiyolojisi

Hastalığın etiyolojisi tam olarak belirlenmediği için hastalık idiyopatik olarak adlandırılmaktadır. Ancak hastalığın patogenezi açıklayan otoimmünite, enfeksiyon, hormon kaynaklı hasarlar veya kanser ilişkisi gibi birçok patojenik faktör bulunmaktadır (Sheybani, Naderi, Gharib, Sarvghad, & Mirfeizi, 2016). Ek olarak sigara kullanımı, doğum kontrol ilaçlarının kullanımı, alpha-1-antitripsin (AAT) yoksunluğu, hiperprolaktinemi ya da Diabetes Mellitus varlığı da hastalığın etiyolojisini etkileyen faktörler olarak kabul edilmektedir.

1.1.5.IGLM ve Otoimmünite

IGLM hastalığı otoimmün bir hastalık olarak kabul edilmesinin sebebi bu hastalarda uygulanan ve bir immün supresif ajan olan metotreksat (MTX) ile kısmen tedavi sağlanmış olmasıdır. Bu ajan genellikle otoimmün hastalıkların tedavisinde kullanılmaktadır (Akbulut ve ark., 2011). Ancak bu tedavi yetersiz bulunduğu için, MTX ile birlikte steroid tedavilerinin de uygulanması önerilmektedir (Kehribar, Duran, Polat, & Ozgen, 2020). Altıntoprak ve arkadaşlarının yaptığı çalışmada, IGLM'nin otoimmün temelini göstermek adına, antinükleer

antikoru (ANA) ve çıkarılabilir nükleer antikoru (ENA) seviyelerine IGLM hasta serumlarında bakılmış ancak saptama yapamamışlardır (Altıntoprak ve ark., 2013). Köksal ve arkadaşlarının yaptığı bir diğer çalışmada ise IGLM hasta serumlarında insan lökosit antijen (HLA) seviyeleri taranmıştır. HLA-A*10, HLA-A*2403, HLA-B*18, ve HLA-DR*17 seviyeleri kontrollere kıyasla önemli derecede yüksek bulunmuştur (Köksal, 2019). Bir diğer çalışmada ise interleukin 33 ve interleukin 33'ün çözünür ST2 reseptörü seviyeleri kontrollere kıyasla IGLM hastalarında yüksek bulunmuştur (Yigitbasi ve ark., 2016). Bu çalışmalar hastalığın otoimmün ve inflamasyon ilişkili bir hastalık olduğunu göstermektedir ancak tam olarak bağlantı mekanizması henüz aydınlatılamamıştır.

1.1.6. IGLM ve Enfeksiyon

Bir diğer yaklaşım ise IGLM hastalığı enfeksiyon kaynaklı bir hastalık olduğunu öne sürmektedir. Özellikle bir gram pozitif bakteri ailesi olan *Corynebacterium*'un lipofilik türlerinin IGLM'nin nedeni olarak kabul edilmektedir. Taylor ve arkadaşlarının *Corynebacterium* enfeksiyonu ile 34 IGLM hastası arasında bir korelasyon olduğunu belirtmişlerdir (Taylor, Paviour, MUSAAD, Jones, & Holland, 2003). 2015 yılındaki çalışmada ise 16 IGLM hastasından alınan 17 izolat *Corynebacterium* idi. Bunlardan 10'i *Corynebacterium kroppenstedtii*, 4'ü *Corynebacterium tuberculostearicum*, biri *Corynebacterium glucuronolyticum* ve sonuncusu *Corynebacterium freneyii* olarak belirtilmiştir (Dobinson ve ark., 2015). Görüldüğü gibi *Corynebacterium*'un farklı türleri hastalıkla ilişkilendirilmektedir, daha spesifik olarak *Corynebacterium kroppenstedtii* IGLM'nin bir nedeni olarak kabul edilmektedir (Fujii ve ark., 2018; Oddó, Domínguez, Gómez, Méndez, & Navarro, 2019; Tauch, Fernández-Natal, & Soriano, 2016). Öte yandan IGLM'nin *Mycobacterium fortuitum*, *Mycobacterium tuberculosis* ve *Corynebacterium* gibi bakteriler ile ilişkili bir hastalık olabileceği bildirilmiştir (Altıntoprak ve ark., 2014; Ye-sheng Wang ve ark., 2017; F. Zhou, Yu, Ma, & Yu, 2016). Özellikle *Mycobacterium fortuitum* bakterisinin enfeksiyonu sonrasında hastalığın geliştiğini bildiren vaka sunumları bulunmaktadır (Kamyab, 2016; Patel ve ark., 2010). Wang ve arkadaşlarının 2019 yılında yaptığı biyoinformatik analizde 1424 viral takson ve 2406 bakteri genomu analiz edilmiş ve bunun sonucunda 39 IGLM hastasında 17 cins ve 19 tür patojenin ilişkili olduğu tespit

edilmiştir (J. Wang ve ark., 2019). Bu nedenle IGLM'nin mikrobiyota ve patojen ilişkisinin anlaşılabilmesi için daha geniş çaplı çalışmalara ihtiyaç vardır.

1.1.7.IGLM ve Kanser

Granuloma kitlesinin çok hızlı büyümesi ve immün sistemin tetiklenmesiyle inflammasyon görülmesi gibi benzer yapıların bulunması ve patofizyolojik olarak benzerliği sebebiyle IGLM hastalığı meme kanseri ile karıştırılmaktadır. Bu sebeple IGLM kanser-benzer hastalık olarak kabul edilmektedir. Literatürde sunulan bazı vakalarda IGLM kitlesi, tümör dokusunun yanında veya yakınında aynı anda aynı hastada görülmektedir (Calis ve Kilitci, 2018; Islam, Hossain, & Chowdhury, 2017; Mazlan ve ark., 2011). Oddo ve arkadaşlarının yaptığı vaka sunumunda aynı memede duktal karsinom ve IGLM görüldüğünden bu iki hastalığın ilişkili olacağı vurgulanmıştır (Oddó ve ark., 2019). Lei ve arkadaşlarının yaptığı çalışmada ise meme kanserinin sebeplerinden kabul edilen metilen tetra hidro folat redüktaz (MTHFR) gen mutasyonu IGLM'de de çalışılmış ve MTHFR C677T polimorfizmi bulunmuştur (Lei, Yang, Miao, Wang, & Yang, 2020). Aksan ve arkadaşlarının yaptığı çalışmada ise sirküle miR-155, let-7c, miR-21 ve fosfataz ve tensin homoloğu (PTEN) seviyeleri hem meme kanseri hem de IGLM hasta serumlarında belirlenmiştir. Buna göre miR21 her iki hastalıkta da kontrole göre yüksek bulunurken, PTEN seviyesi ise her iki hastalıkta da kontrole göre az bulunurken, meme kanserinde IGLM'ye kıyasla yaklaşık 2 kat fark bulunmuştur. Dolayısıyla, miR-21 ve PTEN seviyelerinin meme kanseri ve IGLM'yi birbirinden ayırabilecek biyobelirteç olabileceği öne sürülmüştür (Aksan ve ark., 2020). Güncel kullanılan görüntüleme metotlarında bu iki hastalık sıklıkla karıştırıldığı için de bu ayrımı yapabilmek adına çalışmalar yapılmıştır. Makal ve Güvenç yaptıkları çalışmada Kesme Dalga Elastografi-Shear Wave Elastography (SWE) kullanımının meme kanseri ve IGLM'yi görüntülemelerde çok daha hassas bir ayrım yaptığını belirtmektedir (Makal ve Güvenç, 2021). Yapılan çalışmalardan da görülmektedir ki IGLM hastalığı meme kanseri ile oldukça benzerdir ve görüntüleme metotları ayırt edilmesi ile oldukça zordur. Ancak tam olarak hangi ortak mekanizmaları kullandıkları ve aralarında nasıl bir bağ olduğu henüz aydınlatılmamış olup IGLM'nin patofizyolojisinin anlaşılması için daha ileri moleküler çalışmalara gereksinim bulunmaktadır.

1.1.8.IGLM'nin Diğer Olası Sebepleri

IGLM hastalığının majör olası sebepleri dışında bir de ilişkili olduğu düşünülen sebepler bulunmaktadır. Bunların başında hormon dengesizliği gelmektedir. Özellikle prolaktin seviyesindeki artışın IGLM'yi tetiklediği ve hatta hastalık seyrini uzattığı bildirilmiştir (Y. Huang ve Wu, 2021). Bu sebeple anti-prolaktin ilaçları terapötik olarak denenmektedir (Yin ve ark., 2021a). Hamilelik, doğum ve emzirme dönemi ise bir diğer olası sebep olarak görülmektedir. Bunun sebebi IGLM, çoğunlukla doğumdan sonra 1-6 yıl arasında görülmektedir (Hur ve ark., 2013; Larsen, Peyvandi, Klipfel, Grant, & Iyengar, 2009). Gürgeyik ve arkadaşları ise yaptıkları çalışmada 19 IGLM hastasının 15'inde emzirme geçmişi olduğunu bildirmektedirler (Gurleyik, Aktekin, Aker, Karagulle, & Saglamc, 2012). Oral doğum kontrol ilaçlarının kullanımı ise bir diğer belirgin sebeplerdendir. Bu ilaçların kullanımı birçok çalışmada IGLM ile ilişkilendirilmiş olsa da hasta popülasyonlarındaki yüzdeleri değişkendir (Bani-Hani, Yaghan, Matalka, & Shatnawi, 2004). Bu oran 21.7% (10/46), 42.1% (8/19) ve 27.7% (5/18) olarak farklı çalışmalarda bildirilmiştir (Al-Khaffaf, Knox, & Bundred, 2008; Gurleyik ve ark., 2012; Oran ve ark., 2013; Yin ve ark., 2021a). IGLM, sigara kullanımı ile de ilişkilendirilmektedir. Günde 10 sigaradan fazla kullanımının IGLM'ye çok benzer meme başı absesinin majör faktörü olduğu bildirilmiştir (Pereira ve ark., 2012). Son olarak hastaların bazılarında Diabetes Mellitus bulunduğu bildirilmiştir ancak bunun IGLM ile doğrudan bağlantısı kurulmamıştır (Akbulut ve ark., 2011).

1.1.9.IGLM'de Uygulanan Tedaviler

IGLM tedavisinde kullanılan yaklaşımlarda belli bir oranda hastalığın semptomlarını indirgeme sağlanmaktadır. Ancak hastalığın tam anlamıyla tedavisi sağlanamamıştır ve sıklıkla nüksetme görülmektedir (Tablo 1.1). Bunun sebebi, hastalığın moleküler mekanizması tam olarak bilinmediğinden uygulanan tedavilerin çoğunlukla semptomatik olmasıdır. Kortikosteroidler genellikle anti-inflammatuvar ilaçlar olarak kullanılmaktadır ve bu ilaçların kombine kullanımı veya cerrahi ile birleşimi ile tedavi şansı artırılmaktadır. Sheybani ve arkadaşlarının yaptığı çalışmada kortikosteroidler ve immün sistem baskılayıcı ajan olan MTX birlikte kullanımı önerilmektedir (Sheybani, Sarvghad, Naderi, & Gharib, 2015). Mashoori ve arkadaşları ise bir kortikosteroid olan Prednisolon'nun yüksek doz kullanımının yan etkilerine

dikkat çekerek düşük dozda kullanımın hem koruyucu hem de etkin olduğunu vurgulamaktadırlar. Yaptıkları çalışmada hastalarının %80'i kortikosteroidlere olumlu yanıt verirken %21.9 nüksetme görülmekteydi (Mashoori, Omranipour, & Assarian, 2021). Wang ve arkadaşlarının yaptığı çalışmada ise MTX ile birlikte bir TNF inhibitörü olan Etanercept kullanımının IGLM kitlesini daha etkin bir şekilde azalttığı vurgulanmıştır (S. Wang, Lin, Li, & Lee, 2019). Kortikosteroidlerin ya da immün sistem baskılayıcıların kullanılmasının yanı sıra antibiyotik kullanımı da hastalığın bakteriyel enfeksiyon kaynaklı olduğu düşünüldüğünden, uygulanan tedavilerdendir. Ancak antibiyotikler ile tedavi oldukça sınırlıdır. Aghajanzadeh ve arkadaşlarının yaptığı çalışmada antibiyotiklerin başarısında IGLM hastalarının yalnızca %3'ünde başarı sağladığı bildirilmiştir (Aghajanzadeh ve ark., 2015). Yapılan bir diğer çalışmada ise hastalığın hormon dengesizliği sebebiyle gerçekleştiği görüşünden dolayı ve laktasyonu baskılamak amacı ile östrojen tedavisi uygulanmıştır. Buna rağmen hastaların %38'inde nüksetme görülmüştür (Imoto, Kitaya, Kodama, Hasebe, & Mukai, 1997).

IGLM tedavisinde ilaç kullanımı yetersiz kaldığı durumlar için ise cerrahi müdahale uygulanmaktadır. Cerrahi ile granuloma kitlesi total mastektomi veya insizyon ile alınmaktadır. Yapılan bir diğer çalışmada ise lokal eksizyon hastalığın tedavisinde önerilmektedir (Kiyak ve ark., 2014). Ancak estetik kaygılar, yara enfeksiyonları ve nüksetmenin hala görüldüğü göz önünde bulundurulduğunda cerrahi müdahale de tedavide yetersizdir (Yin ve ark., 2021a).

Tablo 1.1.IGLM hastalığı için tedavi seçenekleri, (Yin ve ark., 2021b)

Terapi Seçenekleri	Belirteçler	Avantajlar	Dezavantajlar
Aktif gözlem	Küçük (1-2 cm) ve tek lezyonlar gibi hafif vakalar.	1. Yan etki yok. 2. Basit uygulama.	1. Uzun bir bekleme süresi gereklidir (6-22 ay). 2. Nüksetme eğilimi.
Antibiyotikler	Apse, fistül veya sinüs oluşumuna karşı adjuvan tedavi.	Enflamatuvar semptomların giderilmesi.	Etiyoloji desteğinin olmaması.

Ameliyat	1. Şiddetli vakalar, özellikle büyük lezyonlar (5cm). 2. Steroid tedavisi başarısızlığına karşın seçenek. 3. Steroid tedavisinden sonra kombinasyon tedavisi. 4. Tekrarlayan vakalar.	1. En etkili önlemlerden biri. 2. Semptomlarda hızlı rahatlama.	1. Yara komplikasyonları. 2. Estetik kaygılar. 3. Tekrarlama hala mümkündür (%25'e kadar).
Steroid Tedavisi	1. Çoğu durumda geçerlidir. 2. İlk tedavi seçeneği.	1. En sık kullanılan terapi. 2. Etkili ve güvenilir. 3. Esnek uygulama seçeneği. 4. Diğer terapötik seçeneklerle birlikte kullanılabilir.	1. Osteoporoz ve Cushing sendromu gibi steroidlerle ilgili yan etkiler. 2. Uzun süreli tedavi (3-6 ay) ve iyi uyum gereklidir.
İmmünosupresanlar	1. Steroidler ve cerrahi tedaviler sonrası başarısızlık veya tekrarlayan durumlar. 2. Steroid tedavisi ile birlikte kullanım.	1. Güçlü immünomodülatör etkiler. 2. Steroid dozunu azaltmak ve ilaç süresini kısaltmak. 3. Steroid dozunun azaltılması veya kesilmesi sırasında nüksün önlenmesi	1. İhmal edilemez yan etkiler. 2. Yeterli klinik destekleyici kanıtın olmaması.

Uygulanan tedavilerin hastalığın semptomlarını azaltmaya yönelik olduğundan ve yetersiz kaldığından, IGLM'nin oluşum, gelişim ve prognozunu altında yatan moleküler mekanizmaların aydınlatılması önem arz etmektedir, böylelikle yeni tedavi yaklaşımları önerilir hale gelinecektir.

1.1.10. IGLM ile Yapılan Moleküler Çalışmalar

IGLM hastalığı ile ilgili yapılan çalışmaların büyük bir kısmı hastalığın klinik bulgularını, görüntüleme ve teşhis metotlarını ya da klinik terapi seçeneklerini içermektedir. Hastalığın mekanizmalarını hücresel düzeyde aydınlatacak moleküler çalışmaların sayısı oldukça azdır. Zhu ve arkadaşlarının yaptığı çalışmada meme kanseri ve IGLM hasta dokularında RNA-dizileme çalışması yapılmış ve 12,115 mRNA taraması sonucu IGLM'ye özgü düzenlenen 207 mRNA tespit edilmiştir. Bu mRNA'ların biyolojik süreçleri incelendiğinde büyük bir kısmının immün sistem ilişkili olduğu belirtilmiştir (Zhu, Wang, & Wang, 2021). Hasta serum örnekleri ile yapılan bir diğer çalışmada ise 26 IGLM hastasından

toplanan serum örneklerinde IL-17, IL-22 ve IL-23 seviyelerine kontrole kıyasla bakılmıştır. IL-22 ve IL-23'ün seviyelerinin hastalığın otoinflammatuvar ilişkidir tezini destekler nitelikte fazla olduğu bildirilmiştir (Saydam ve ark., 2020). Yine serum örnekleri ile yapılan ve daha önce belirtilen çalışmada, miR-155, let-7c, miR-21 ve PTEN taranmış ve miR-21 ve PTEN'in IGLM'yi meme kanserinden ayırt etmede kullanılabilecek belirteçler olduğu vurgulanmıştır (Aksan ve ark., 2020). Düzenleyici T ve B hücrelerinin IGLM etiyolojisindeki rolünü araştıran Uçaryılmaz ve arkadaşlarının yaptığı çalışmada ise $CD3^+CD4^+CD45RA^-Foxp3^{high}$ aktif Tregler (aTregs), $CD3^+CD4^+CD45RA^-Foxp3^{low}$ supresif olmayan Tregler, $CD3^+CD4^+CD45RA^+Foxp3^{low}$ dinlenme durumundaki-resting Tregler (rTregs), $CD3^+CD4^+CD25^+Foxp3^-$ T-efektör hücreler (Teff), total Tregler ve Bregler akış sitometri ile analiz edilmiştir. Buna göre aktif IGLM lezyonu olan hastalarda ve remisyonunda Foxp3 ekspresyonu ve Treg alt gruplarında önemli değişiklikler görülmüştür (Uçaryılmaz ve ark., 2020).

Yuan ve arkadaşları ise 1 Ocak 1971- 31 Haziran 2020 tarihleri arasında PubMed'de yapılan IGLM ilişkili makalelerin taranması ile uluslararası multidisipliner konsensusa göre IGLM hastalığının tanımlamasını yapmışlardır. Genel olarak hastalığın etiyolojisi adına tanımlayıcı bir çalışma olmasına rağmen deneysel yaklaşımların ihtiyacı bir kez daha vurgulanmıştır (Yuan ve ark., 2022). Burada ayrıca hastalığın patogenezinde Deng ve arkadaşlarının yaptığı çalışmaya göre immün-ilişkili antijenler (CD3, CD4, CD8, CD79a, IgG ve IgM) immünohistokimyasal (IHC) boyama ile tarandığı ve CD3, CD4 ve CD8 lenfositlerinin diffüz olarak bulunduğunu, hücre aracılı bağışıklığın IGLM gelişiminde rol oynadığını, CD79a lenfosit pozitifliğinin ise humoral bağışıklıkta rol oynadığı belirtilmiştir (Deng ve ark., 2017).

Hastalık ile ilgili yapılan moleküler çalışmaların az olması, hastalığın teşhis ve tedavisinde hedeflenebilecek moleküler biyobelirteçlerin bulunmaması nedeniyle yapılan bu tez çalışması önem arz etmektedir. Burada taranan proteinlerin hastalıkla ilişkilendirilmesi hastalığın etiyolojisi ve moleküler gelişimi ile ilgili aydınlatıcı olacaktır. Ek olarak sunulabilecek moleküler biyobelirteçler hastalığın erken teşhis ve tedavisi için alternatif hedefler olacaktır.

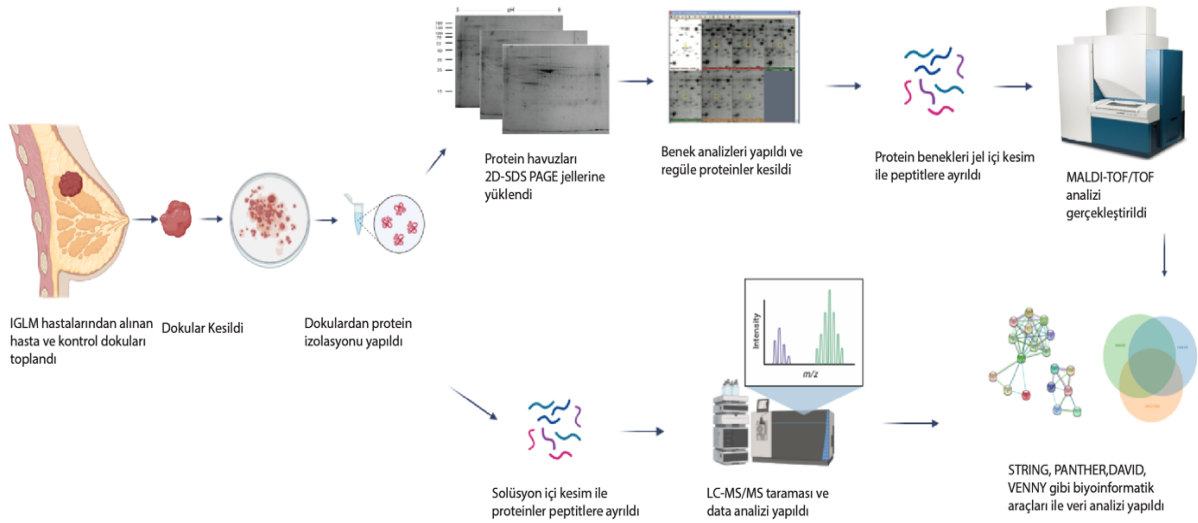
2. AMAÇ

IGLM, ülkemizde ve dünyada meme dokusunda nadiren rastlanan bir hastalıktır (Erhan ve ark., 2000). İnflamatuvar yapısı ve agresif kitle büyümesi ile karakterize olan hastalık çoğunlukla meme kanseri ile kıyaslanmaktadır. Etiyolojisine tam olarak bilinmemektedir. Literatürde kanser, bakteriyel enfeksiyonlar ya da otoimmünite kaynaklı olduğuna dair bulgular bulunmaktadır ancak tam olarak hastalık aydınlatılamamıştır. Çoğunlukla doğum ve emzirme sonrası doğurgan yaşlardaki kadınlarda görüldüğünden hormon uyarımlı da olabileceği tartışılmaktadır.

Literatürde bildirilen olası sebeplere rağmen hastalığın oluşum, gelişim veya nüksetmesinde etkin olabilecek moleküler mekanizmalar henüz bilinmemektedir. Hastalığın tedavisinin sağlanabilmesi için moleküler yolların aydınlatılması ve moleküler biyobelirteçlerin sunulması önem arz etmektedir. Benzer bir proteomik çalışma literatürde bulunmadığından bu tez çalışması literatürde IGLM hastalığının protein temelini geniş çapta araştıran ilk çalışma olacaktır. Özellikle hastalığın temelinde yatan hücresel yolların aydınlatılması, kontrole kıyasla ifadesi değişen proteinlerin belirlenerek olası hücresel mekanizmaların belirlenmesi ve biyobelirteç adaylarının sunulması çalışmamızın amaçlarındandır. Bunlara ek olarak, belirlenen proteinlerin hastalığın patofizyolojisini daha iyi anlamada, teşhisinde ve tedavisinde kullanılabilecek yeni yaklaşımların geliştirilmesinde temel niteliğinde olması hedeflenmektedir.

3. YÖNTEM

Bu tez çalışmasında uygulanan metotlar şematik olarak Şekil 3.1.'de gösterilmiştir. Bu akışa göre öncelikle etik kurul izni doğrultusunda hastaların onamları ile Kocaeli Üniversitesi Tıp Fakültesi Genel Cerrahi Anabilim Dalı öğretim üyelerince cerrahi işlem esnasında alınan dokular hızla sıvı azotta dondurulmuş ve kullanılabileceği kadar -80°C 'de saklanmıştır. Alınan dokulardan uygun depolama koşullarının akabinde protein izolasyonları uygun şartlarda yapıp iki farklı proteomik yaklaşım izlenmiştir. İlkinde iki boyutlu (2D) jellere örneklerin yüklenmesi, görüntülenmesi ve 2D jellerin analizlerinin sonucu ifade farklılığı gözlenen protein benekleri kesilip MALDI TOF/TOF ile tanımlama yapılmıştır. İkinci yaklaşımda ise aynı protein örnekleri direkt olarak solüsyon içi tripsin kesim yapılarak LC-MS/MS analizi ile protein analizleri yapılmıştır. Her iki yaklaşım sonucunda da tanımlanan proteinler ileri araştırma için web tabanlı biyoinformatik programları ile analiz edilmiştir.



Şekil 3.1. Tezde kullanılan proteomik yaklaşımların şematik gösterimi

3.1. Etik Kurul Onayı

Bu tez çalışması Kocaeli Üniversitesi Etik Kurulu tarafından onaylanmıştır (onay numarası: KU GOKAEK-2019/16.05 2019/14) (Ek-1). Cerrahi müdahale esnasında örneklerin alınabilmesi için tüm katılımcılara aydınlatılmış onam formları verilmiş, çalışmanın içeriği cerrahlar tarafından açıklanmış ve etik kurul tarafından onaylanan onam formları alınmıştır. Çalışmaya katılan olan tüm katılımcıların cerrahi işlemleri Kocaeli Üniversitesi Tıp Fakültesi Hastanesi'nde yapılmıştır.

3.2. Dokuların Temini ve Depolanması

Çalışmadaki dokular, Kocaeli Üniversitesi Tıp Fakültesi Genel Cerrahi Anabilim Dalında IGLM teşhisi ile cerrahi işlem kararı alınan Mart 2019- Aralık 2020 tarihleri arasındaki hastalardan alınmıştır. Tüm doku örnekleri çalışmaya katılan Prof.Dr. N. Zafer Cantürk, Doç.Dr. Turgay Şimşek ve Doç.Dr. S. Ata Güler tarafından genel anestezi altında yapılan operasyon sırasında alındı. Cerrahi işlem sırasında hastanın meme mastit dokusundan ve kontrol amaçlı olarak bu dokunun cerrahi sınırındaki sağlıklı dokudan yaklaşık 6x6 mm büyüklüğünde doku örnekleri alındı. Alınan doku örnekleri patolojik tanı için Patoloji Anabilim Dalına gönderilirken, uygun miktarda (yaklaşık 3x3mm'lik doku parçası, patolojik incelemeyi aksatmayacak kadar olan miktarı) mastit ve kontrol dokuları tez çalışması için alındı. Dokular alınır alınmaz, soğuk yıkama tamponu (10mM Tris, 250 mM süroz, pH 7.2) ile yıkandı ve sıvı nitrojen ile hızlı dondurma yapılarak -80°C'de saklandı.

3.3. Hastaların Klinik Özellikleri

Yaş ortalaması 39±5,78 olan toplamda 15 kadın hastadan IGLM ve kontrol dokusu alındı. Hastalar cerrahi müdahale öncesi IGLM tedavisine yönelik herhangi bir ilaç tedavisi almayanlar arasından seçildi. Literatürde IGLM hastalığı laktasyon ile ilişkili olabileceği vurgulandığı için emzirme öyküsü sorgulandı (Ding ve ark., 2021; Michie, Lockie, & Lynn, 2003). 15 hastadan 10'u emzirirken, 5'i ameliyat olan memeden emzirmediğini iddia etti. Ayrıca tüm hastalar premenopozal durumdaydı ve daha önce doğum yapmışlardı. Ek olarak, hastaların 3'ünde Diabetes Mellitus vardı. Ayrıca 1 hastada ameliyatsız diğer memede nüks

olmak üzere 3 hastada nüks görüldü. Hastaların klinik özellikleri Tablo 3.1’de listelendi. Bu hastaların klinik verilerinin detaylı hali Ek-2’de sunulmuştur.

Tablo 3.1. Çalışmaya katılan IGLM hastalarının klinik verileri

Cinsiyet, n(%)	
Erkek	0(0)
Kadın	15(100)
Yaş (mean±SD), yıl	39±5,78
Kitle Kütlesi (mean±SD), gram	130±201
Kitle Hacmi (mean±SD), cm³	283,5±1107
Rekürrens, n(%)	
Görülen	2(13,3)
Görülme-yen	12(80)
Diğer memede görülen	1(6,66)
Emzirme Geçmişi, n(%)	
Operated Breast	10(66,7)
Other Breast	5(33,3)
Menopoz durumu, n(%)	
Premenopoz	15(100)
Postmenopoz	0(0)
Doğum Kontrol İlacı Kullanımı, n(%)	
Var	4(26,66)
Yok	11(73,3)
Doğum (mean±SD), n	2±0,79
Sigara Kullanımı, n(%)	
Var	9(60)
Yok	6(40)
Diabetes Mellitus, n(%)	
Var	3(20)
Yok	12(80)

3.4. Dokulardan Protein İzolasyonu

IGLM ve kontrol dokuları öncesinde küçük parçalara (<1.00 mm) bisturi yardımı ile ayrıldı. Kan kontaminasyonunu en aza indirmek için doku örnekleri soğuk yıkama solüsyonu (250 mM Sükroz içeren 10mM Tris tampon, Ph 7.4) ile buz üzerinde üç defa yıkandı. Yıkama sonrası dokularda kalan kan ve yıkama solüsyonunu uzaklaştırmak için 10000 rpm’de 5 dakika santrifüj yapıldı ve süpernatant atıldı. Tartılan doku örneklerine mg başına 100 µl 2DE lizis tamponu (8 M Üre, 50 mM DTT, %2 CHAPS, %0,2 Bio-Lyte 3/10 amfolit, %0.002

Bromofenol mavisi) ve protein yıkımını engellemek için proteaz inhibitör karışımı (Roche, #11697498001) ilave edildi. Protein çözünürlüğünü arttırmak için ek olarak %1 TBP ile pH3-10 Ampholite eklendi ve tüpler gece boyu çalkalayıcıda 4°C’de inkübe edildi. Ertesi gün dokular buz üzerinde yaklaşık 10 saniye boyunca Scilogex homojenizatör (Rocky hill, CT, USA) ile homojenize edildi. Ardından 1.4 mm paslanmaz çelik boncuklar kullanılarak bir boncuk çırpıcı (Bullet Blender, Next Advance, Troy, NY, ABD) (Şekil 3.2) ile fiziksel homojenizasyon sağlandı. Homojenize edilen hücreler 4°C’de 10.000 rpm’de 30 dakika santrifüj edildi ve süpernatant temiz yeni bir tüpe aktarıldı. Yeni tüplerdeki süpernatantlar tekrar 4°C, 20.000 rpm’de 40 dakika santrifüj edildi ve iyice hücre kalıntılarından temizlenen süpernatant yeni tüplere uygun şekilde isimlendirilerek protein örneği olarak alındı.



Şekil 3.2. Dokulardan izolasyonda kullanılan parçalayıcı

3.5. Bradford Yöntemi ile Protein Konsantrasyonunun Belirlenmesi

Hazırlanan örneklerin protein konsantrasyonu Bradford tahlili (Bio-Rad, Hercules, CA, ABD) ile ölçülmüştür. Bradford boyası içinde bulunan Comassie Parlak Mavi G-250 boyası, proteinlerin arjinin başta olmak üzere lizin ya da histidin aminoasitleri ile etkileşime girerek, iyon grupları ile van der Waals etkileşimi yapar ve proteinlerin hidrofobik bölgelerini açığa çıkararak yapısını değiştirir. Boyanın bu bağlanması sonucu renk değişimi gözlenir. Bu renk değişimi spektrofotometrede 595 nm dalga boyunda ölçülmektedir. Proteinsiz tamponun boya ile karışımı kör olarak okunduğundan protein örneklerinin konsantrasyonunun ölçümü yapılmaktadır. Protein konsantrasyonları, sığır serum albumin protein (BSA)’inin standart

eğrisi baz alınarak hesaplanmaktadır. 1:20 oranında seyreltilen protein örnekleri 1ml Bradford boyası karıştırılarak 5dk karanlıkta bekletildikten sonra NanoDrop ND-1000 spektrofotometre (Thermo Scientific, ABD) ile 595 nm de ölçülmektedir. Her örnek 3'er tekrar şekilde ölçülmektedir. Ölçülen değerler ile proteinlerin konsantrasyonları standart eğriye göre uygun yazılım tarafından hesaplandı. Farklı deneylerde kullanılmak üzere paylaştırılarak birden fazla tüpe bölünen çözünür protein örnekleri ileri deneylerde kullanılıncaya kadar -80°C'de saklandı.

3.6. Protein Havuzlarının Oluşturulması

IGLM ve kontrol proteinleri (CG) biyolojik varyasyonu engellemek için, her deney grubuna (IGLM ve CG) ait numunelerin birleştirilmesiyle havuzlandı (sample pooling). Her numuneden eşit miktarda protein bir araya getirilerek tek bir tüpte toplanarak, her grup için 600µg protein olacak şekilde havuzları oluşturuldu. Havuzlanmış protein numunelerinin protein konsantrasyonları, başka deneylerde kullanılmadan önce tekrar Bradford yöntemi ile ölçüldü. Hazırlanan havuzlanmış örnekler sıvı azotla hızlı donduruldu ve -80°C'de muhafaza edildi.

3.7. Protein Havuzlarının Kalitesinin Değerlendirilmesi

3.7.1. Sodyum Dodesil Sülfat Poliakrilamit Jel Elektroföresi (SDS-PAGE)

İleri proteomik deneyler öncesi her iki yaklaşımda da kullanılacak protein havuzlarının kalitesi ve kantitasyon doğruluğunun test edilmesi gerekiydi. Bunun için öncelikle hazırlanan protein havuzları proteinleri moleküler büyüklüklerine göre ayıran %12'lik Sodyum Dodesil Sülfat Poliakrilamit Jel Elektroföresi (SDS-PAGE) hazırlandı.

İki farklı katman halinde Tablo 3.2'ye göre hazırlanan solüsyonlardan önce %12'lik ayırıcı jel karışımı iki cam arasında döküldü ve düz bir yüzey oluşturmak için üzerine izopropanol eklendi. Polimerleşmenin ardından bu izopropanol kısım yıkanarak üzerine %4'lük istifleme jel solüsyonu döküldü ve jel tarakları yerleştirilerek polimerleşmeye bırakıldı.

Tablo 3.2. SDS-PAGE jel solüsyonu içerikleri

%12'lik Ayrıcı Jel Solüsyonu	
Distile H ₂ O	3,3 ml
1,5 M Tris-HCl, pH 8.8	2,5 ml
%30 Akrilamit-Bis Akrilamit	4 ml
%10 SD	100 µl
%10 APS	100 µl
TEMED	5 µl
% 4'lük İstifleme Jeli Solüsyonu	
Distile H ₂ O	3 ml
0,5 M Tris-HCl, pH 6.8	1,25 ml
%30 Akrilamit-Bis Akrilamit	670 µl
%10 SD	50 µl
%10 APS	50 µl
TEMED	5 µl

Hazırlanan jeller elektroforez tanklarına yerleştirildi. Örnekler her bir kuyucuğa 15 µg olacak şekilde hesaplandı ve 6x protein yükleme tamponu (0,5 M Tris-HCl, %10 SDS, Gliserol, β- merkaptotanol, bromofenol mavisi) ile karıştırılarak 95°C'de 5 dakika kaynatılarak denatüre edildi. Yükleme sırasında ilk kuyucuğa protein marker yüklendi ardından ise kontrol ve hasta havuz proteinleri sıra ile yüklendi. Tanka 1x SDS-PAGE jel yürütme tamponu (25 mM Tris-HCl, 192 mM Glisin, % 0,1 SDS) doldurulduktan sonra sistem çalıştırıldı ve örnekler 180 Volta 60 dakika boyunca yürütüldü. Yürütme bittikten sonra camlar açılıp istifleme kısmı ayrılarak jeller temiz kaplara alındı. Üzerlerine hazırlanan fiksasyon tamponu (%40 metanol, %10 asetik asit, %50 ultra saf su) eklenerek gece boyu çalkalayıcı üzeninde inkübe edildi. Ertesi gün, fiksasyon solüsyonu uzaklaştırılarak jeller distile su ile yıkandı. Bu kez üzerlerine Coomassie Parlak Mavisi boya solüsyonu (757 mM amonyum sülfat, 1.45 mM Coomassie parlak mavisi, %20 metanol, %10 fosforik asit) eklenerek gece boyu çalkalayıcı üzerinde bırakıldı. Ertesi gün boya uzaklaştırılarak distile suya alındı ve fazla boya uzaklaştırıldı. Jellerin görüntüsü ise VersaDoc 4000 MP (Bio-Rad, ABD) görüntüleme cihazı ile alındı.

3.7.2. Western Blotlama ile Normalizasyon

İleri proteomik deneyleri öncesi protein miktarlarının eşitliğini deneysel olarak göstermek için Western Blot (WB) deneyi yapıldı. Bunun için oluşturulan protein havuzlarından 15 µg protein yüklenerek %12 SDS-PAGE ile ayırma tabi tutuldu ve nitroselüloz membranlara aktarıldı. Aktin, yükleme kontrolü olarak seçildi ve anti-β-aktin antikoru (SantaCruz, US; SC-81178) ile WB yapıldı. Protein bantlarına ait sinyaller, geliştirilmiş bir kemilüminesans algılama sistemi (ECL, Bio-Rad, ABD) ile görselleştirildi. Aktin bant yoğunluklarının hesaplanması için Quantity One yazılımı (Bio-Rad, ABD) kullanıldı. Havuzlardaki protein konsantrasyonları daha sonra bant yoğunluğu oranlarına göre yeniden hesaplandı. Western blotlama aşamaları aşağıda belirtilmiştir.

1. Transferi yapılan membran %5'lik yağsız süttozu içeren TBS-T tamponu (25 mM Tris-HCl, 150 mM NaCl, pH 7.6 - % 0.1 Tween 20) içerisine konuldu ve oda ısısında bir saat süresince çalkalamaya bırakıldı.
2. 3 kez 10'ar dakika olacak şekilde TBS-T tamponu ile yıkama yapıldı.
3. TBS-T ile 1:1000 oranında seyreltilerek hazırlanan monoklonal birincil antikor anti-β-aktin ile +4°C'de gece boyu inkübe edildi.
4. Gece boyu inkübasyon sonrası 3 kez 10'ar dakika süreyle TBS-T tamponu ile yıkama yapıldı
5. 1:10000 oranında hazırlanmış, horseradish peroksidaz (HRP) bağlı fare ikincil antikor (Bio-Rad, USA, #170-5047) ile oda sıcaklığında 1 saat inkübe edildi.
6. Membran 3 kez 10'ar dakika süreyle TBS-T tamponu ile yıkandıktan sonra görüntüleme aşamasına geçildi.
7. HRP enziminin ışıma yapması için Clarity Western ECL (Bio-Rad, ABD) kiti kullanıldı. ECL solüsyonu içinde bulunan Lumigen PS-3 substratının katalizlenmesi sonucu açığa çıkan luminol ışıma yaparak X-ray filmini yakmakta ve bu sayede görüntü alımı gerçekleşmektedir

3.8. İki Boyutlu Jel Elektroforezi (2DE)

3.8.1. Birinci Ayrım

Protein örnekleri ilki izoelektrik noktalarına, ikincisi ise moleküler ağırlıklarına göre olmak üzere iki farklı boyutta ayırma tabi tutuldu. İlk ayırım immobilize pH gradyan (IPG) şeritlerine yüklenerek yapılırken ikinci ayırım bu şeritlerin SDS-PAGE jellere yüklenmesi ile sağlandı. Bunun için öncelikle her bir şerite 1000 µg protein olacak şekilde her gruba 3'er adet toplamda 6 IPG şerit hazırlandı. Protein örnekleri 2DE örnek tamponu, %1 Tribütilfosfin (TBP) ve %1 pH3-10 Amfolit ile son hacim 190 µl olacak şekilde karıştırıldı ve 11 cm doğrusal olmayan pH 5-8 IPG şeritlerine (Bio-Rad, ABD) pasif rehidrasyon ile yüklendi ve gece boyu 20°C'de inkübe edildi. Pasif rehidrasyon ile protein örneklerini emen şeritler, proteinlerin izoelektrik noktalarına göre ayırımı için fokuslama tray'lerine alındı ve Protean izoelektrik fokuslama (IEF) cihazına (Bio-Rad, ABD) konuldu. Fokuslama işlemi; 250V'de 20 dk, 4000V'de 2 saat ve son olarak 40000V/saate ulaşana kadar 4000V uygulayarak gerçekleştirildi. Fokuslama sonrası şeritler SDS-PAGE jellere yüklenmeden önce 15 dakika boyunca oda sıcaklığında dengeleme tamponu I (6M üre, 0.375M tris-HCl pH8.8, 2% SDS, 20% gliserol, 2% (w/v) DTT) ile ve ardından 15 dakika boyunca dengeleme tamponu II (6M üre, 0.375M tris-HCL pH8.8, 2% SDS, 20% gliserol, 2.5% (w/v) iodoasetamid) ile yıkandı.

3.8.2. İkinci Ayrım

IPG şeritlerde proteinler birinci ayırma tabi tutulduktan sonra, moleküler ağırlıklarına göre ayıran ikinci ayırım ise SDS-PAGE jeller ile yapıldı. Bunun için Criterion Dodeca jel çalıştırma sistemi (Bio-Rad, ABD) kullanıldı ve %12'lik jeller döküldü. Dengeleme tamponları ile inkübe edilen şeritler SDS-PAGE jellerin üzerine yerleştirildi ve 180V'da yürütme yapılarak ayırım yapıldı. Ardından jeller gece boyu fiksasyona bırakıldıktan sonra Coomassie Parlak Mavisi boya solüsyonu ile boyandı. Ardından distile suya alınarak arka plan temizlendi ve jel görüntüleri VersaDoc MP4000 sistemi (BioRad, ABD) kullanılarak QuantityOne programı (Versiyon 4.6.7, Bio-Rad, USA) ile alındı.

3.8.3. Görüntü Analizi ve Benek Kesimi

Alınan görüntülerin analizi PDQuest Advance programı (BioRad, ABD) kullanılarak yapıldı. Önce her bir grup kendi içerisinde karşılaştırılarak jeller üzerindeki tüm protein benekleri belirlendi. Ardından iki grup birbirleri ile karşılaştırıldı. Bu programda kontrol ve hasta grupları arasındaki ifadesi değişen benekler seçildi ve istatistiksel olarak anlamlı olan benekler Student's T-Test ile değerlendirildi ($P < 0.05$ için). Buna göre ifade düzeyi farkı 2 kat ve üzeri olanlar jelden kesim için seçildi. Belirlenen benekler EX-Quest Spot-cutter robotu (BioRad, ABD) ile kesildi ve kullanılmak üzere 96 kuyucuklu plakalara alındı.

3.9. Kütle Spektrometresi (MS/MS) Analizleri

IGLM hasta ve kontrol örneklerinin protein profillerinin karşılaştırılması iki farklı proteomik yaklaşımla gerçekleştirilmiştir. Bunlardan birincisi 2DE'yi takip eden ve jellerin görüntü analizleri sonucu belirlenen protein beneklerinin MALDI-TOF/TOF (Matrix-Assisted Laser Desorption/Ionization Time-Of-Flight/Time-Of-Flight) ile tanımlanmasıdır. Diğer yaklaşım ise jellerden bağımsız olarak deney ve kontrol grubuna ait proteinler jelde ayırma tabi tutulmaksızın önce C18 kolonda ayrılması ve ardından direkt olarak örnek içerisindeki tüm proteinlerin tanımlanması amacı ile nano yüksek basınçlı LC-MS/MS ile tanımlanmasıdır. Bu iki farklı yaklaşımla tanımlanan proteinler biyoinformatik analizler kullanılarak yorumlanmıştır.

3.9.1. MALDI-TOF/TOF Analizi

3.9.1.1. *Jel içi tripsin kesimi*

Jellerden kesilen beneklerin tanımlanabilmesi için her bir protein beneği jel içi triptik kesime tabi tutuldu. Bunun için ticari olarak satılan jel içi tripsin kesim kiti (Thermo Fisher Scientific, ABD, #89871) kullanıldı ve kitin protokolü izlendi. Kesim sonucu elde edilen peptitler daha sonra C18 ZipTip kolonları (Millipore, Burlington, MA, USA) ile tuzdan arındırılıp konsantre edilerek matriks (%50 asetonitril, %0,1 trifloroasetik asit içinde hazırlanmış 10 mg/ml α -siyano-4-hidroksisinnamik asit) ile MALDI plakasına indirildi.

3.9.1.2. *MALDI-TOF/TOF ile proteinlerin tanımlanması*

MALDI-TOF/TOF sisteminde peptitler lazer ışığı ile iyonize edilip yüksek voltaj altında uçuş tüpüne yönlendirilmektedir. Yüksek voltaj altında hareketlenen bu pozitif yüklü iyonlar detektöre çarpmakta ve uçuş sürelerinin iyonların kütlelerine bölünmesi ile kütle/yük oranları (m/z) belirlenip, bu belirlenen kesin kütle oranları ile peptit ve protein tanımlamaları yapılmaktadır. Peptit-kütle parmakizleri (PMF) ABSCIEX MALDI-TOF/TOF 5800 cihazı (AB Sciex, Framingham, MA, USA) (Şekil 3.3.) ile belirlenmiştir. TOF spektrumu 400 ile 2000Da kütle aralığında kaydedilmiştir. Her spektrum için 200 lazer atışı yapıldı ve 10 en güçlü pik MS/MS analizleri için seçildi. Her bir spektrum için tripsin iyon pikleri (m/z değerleri; 842.5100, 1126.5645, 1420.1225) iç standart olarak seçilerek kalibrasyon yapıldı. Tüm PMF'ler MASCOT veri bankasında (Matrix Science, Boston, MA, ABD) ProteinPilot yazılımı (4.0.8085 revizyonu 148085, AB Sciex, Framingham, ABD) kullanılarak araştırıldı. Arama parametreleri; taksonomi insan, enzim tripsin, prekürsör toleransı ± 50 ppm, MS/MS fragman toleransı ± 0.4 Da ve değişken modifikasyonlar ise karbamidometil ve MetOksidasyon olarak belirlendi.



Şekil 3.3. MALDI-TOF/TOF Sistemi

3.9.2. LC-MS/MS Analizi

IGLM ve kontrol grubuna ait hazırlanan protein havuzları LC-MS/MS analizi öncesi tuz lipit ya da deterjan gibi analizi engelleyecek unsurlardan uzaklaştırmak için triklorasetik asit (TCA)/Sodyum deoksikolat (DOC)/Aseton çöktürme protokolü izlendi. Ardından ise temizlenen örnekler solüsyon içi triptik kesime tabi tutularak LC-MS cihazı ile analiz edildi.

3.9.2.1. TCA/Aseton protein çöktürmesi

1. Steril tüplere 400 µg protein örneği 90µl'ye distile su ile tamamlanarak üzerine yavaşça 10 µl %0.2'lik DOC eklendi ve alt üst edildikten sonra buz üzerinde 15 dakika bekletildi.
2. Karışımın üzerine bu kez 10µl %72'lik TCA eklendikten sonra yavaşça alt-üst edildi ve buz üzerinde 20 dakika inkübe edildi.
3. Tüpler 4°C ve 12000 rpm'de 10 dakika santrifüj edildi ve süpernatant atıldı.
4. Pellet üzerine 1ml soğuk aseton eklendi ve iyice vorteks yapıldı.
5. Tüpler gece boyu -20°C'de inkübasyona bırakıldı.
6. Ertesi gün inkübe olan örnekler tekrar vortekslendi ve 4°C ve 12000 rpm'de 10 dakika santrifüj yapıldı ve süpernatant atıldı.
7. Pelletler oda ısısında açık bir şekilde 10 dakika kadar kurumaya bırakıldı.
8. Ardından pelletler 30 µl 50 mM amonyum bikarbonat ile çözüldü.
9. Elde edilen temiz proteinlerin konsantrasyonu Qubit 4 Florometre cihazı (Thermoscientific, ABD) ile tavsiye edilen protokol takip edilerek ölçüldü.

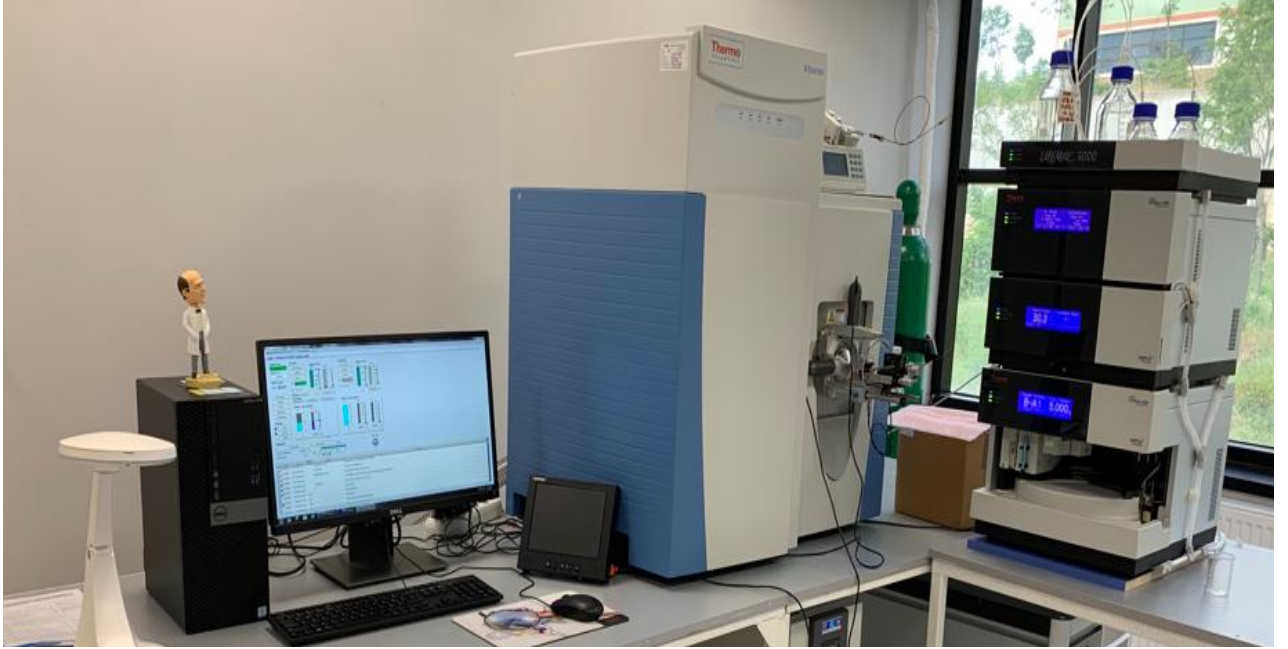
3.9.2.2. Solüsyon içi triptik kesim

Bu kesim, solüsyon içi triptik kesim ve guanidasyon kiti (Thermo Fisher Scientific, USA, #89895) ile kitin önerdiği protokol takip edilerek gerçekleştirildi. Kesim sonrası elde edilen peptitler önce vakum konsantratör ile kurutuldu. Ardından ise peptitler 0.1% formik asit (FA) çözeltisi içinde çözüldü.

3.9.2.3. LC-MS/MS ile proteinlerin tanımlanması

Kesilen peptitler, Q Exactive kütle spektrometresi (Thermo Scientific, USA) bağlı Ultimate 3000 RSLC nanosistem LC-MS/MS cihazı (Dionex, Thermo Scientific, USA) ile analiz edilmiştir. (Şekil 3.4) Sistem kontrolü ise Xcalibur 4.0 yazılımı ile sağlanmaktadır. Analiz öncesi cihaz kalibrantı (LTQ Velos ESI Pozitif İyon Kalibrasyon Çözeltisi, Pierce, ABD) ile kalibre edilmiştir. Örnekler, %0,05 TFA ve %2 asetonitril içeren solüsyon ile yıkama yapılarak kolondan geçirirken konsantre edildi. Örneklerin ayrımı Yüksek Performanslı Sıvı Kromatografisi (HPLC) ile kütle spektrometre öncesinde yapıldı. Bunun

için %0,1'lik formik asit içeren mobil faz A ve %0,1'lik TFA içeren mobil faz B 300 nL/dk akış hızında farklı yüzdelerde artırılarak verildi. Gradyan ayırım şartları Tablo 3.3'te belirtilmiştir. Peptitler Acclaim PepMap RSLC C18 analitik kolonuna (75µmx15cmx2µm, 100 Å çap, Thermo Scientific, ABD) aktarıldı. Kolonda ayrımı tamamlanan peptitler direkt olarak Q-exactive kütle spektrometresine gönderildi. İyonizasyon Nanospray Flex™ (Thermo Scientific, ABD) iyon kaynağı kullanılarak gerçekleştirildi. Cihaz parametreleri; sprej voltajı 2.3 kV, maksimum enjeksiyon süresi 60 ms, kapiler sıcaklık 320°C, rezolüsyon 70.000 ve tarama aralığı 400-2000 m/z olarak ayarlandı. MS/MS analizleri, spektrumlardaki en yüksek skorlu on iyon seçilerek gerçekleştirildi.



Şekil 3.4. LC-MS/MS sistemi

Tablo 3.3. LC-MS/MS analizinde verilen Mobil Faz B gradyan yüzdeleri ve süreleri

Mobil Faz B %	Süre
6-10 %	45 dk
20-40 %	30 dk
40-90 %	15 dk
90%	30 dk
90-6 %	5 dk
6%	10 dk

Protein tanımlama için Proteom Discoverer 2.2 (Thermo Scientific, ABD) yazılımı kullanıldı. Bu yazılım için kullanılan parametreler peptit kütle toleransı 10 ppm, MS/MS kütle toleransı 0.2 Da, kütle doğruluğu 2 ppm, minimum peptit uzunluğu 6 amino asit, sabit değişimler sistin carbomidometilasyon ve stabil olmayan değişimler ise metiyonin oksidasyonu ve asparjin deaminasyon seçildi. Her protein için tanımlanan minimum peptit sayısı 2 olarak kabul edildi ve elde edilen veriler Uniprot/Swissprot veri tabanında arandı.

3.10. Western Blot ile Doğrulama

MS/MS analizi sonucu elde edilen verilen doğruluğunu göstermek için tanımlanan proteinlerden birkaçı seçilerek WB analizi yapıldı. Bunun için kontrol ve hasta grubundan 20µg olacak şekilde yükleme yapıldı ve bölüm 3.7.2’de anlatılan protokol izlenerek, blotlama yapıldı. Her membran önce yükleme kontrolü protein olarak anti- β -aktin antikoru ile blotlandı. Ardında ise hedef proteinin antikoru ile blotlama yapıldı. Jel yüzdeleri hedef proteinlerin moleküler ağırlıklarına göre farklılık gösterdi. Bunun için aşağıdaki Tablo 3.3. temel alındı.

Tablo 3.4. Protein ağırlıklarına göre kullanılan jel yüzdeleri

WB için analiz edilecek hedef proteinin moleküler ağırlığı	Jel Yüzdesi
4-40 kDa	%20
12-45 kDa	%15
10-70 kDa	%12.5
15-100 kDa	%10
25-200 kDa	%8

MALDI-TOF/TOF verilerinin doğrulaması için anti-SOD2, LC-MS/MS verilerinin doğrulaması için Anti-EPB41, Anti-BPI, Anti-Cytochrome b ve Anti- PNP kullanıldı. Kullanılan primer antikorlar, katalog numaraları ve dilüsyon oranları ile Tablo 3.4’te verilmiştir.

Tablo 3.5. Çalışmada kullanılan primer antikorlarının listesi

Antikor	Dilüsyon Oranı	Beklenen MW	Marka ve Katalog Numarası
Anti-EPB41	1/500	96-116 kDa	Novus Antibody (3D9) H00002035-M01 0.1 mg
Anti-BPI	1/500	50-60 kDa	Santa Cruz Antibody (H-10) sc-514212
Anti-Cytochrome b	1/1000	22 kDa	Millipore Antibody, clone 5B3-6E3 MABS2036
Anti-Purine Nucleoside Phosphorylase/PNP	1/500	48-52 kDa	Novus Antibody (001) NBP2-90052AF488 0.1 ml
Anti-SOD2	1/1000	20 kDa	Thermo Scientific Antibody (1H6) MA1-106

3.11. Biyoinformatik Analiz

Kütle spektrometresi analizleri sonucu tanımlanan proteinlerden regülasyon oranı istatistiksel olarak anlamlı olan proteinler kullanılarak biyoinformatik analizler yapıldı. Bu proteinlerin UniProt erişim numaraları kullanılarak ilk olarak STRING analiz programı ile tarandı (Szklarczyk ve ark., 2019). Burada arama olarak “çoklu protein” seçildikten sonra organizma olarak “Homo sapiens” seçildi. STRING’in erişim numaralarının doğru proteini seçtiği kontrol edildikten sonra analiz parametreleri düzenlendi. Ayarlardaki parametrelerde orta düzeyde güven etkileşim skoru seçildi, 1. ve 2. kabuklar için seçilen maksimum etkileşim sayısı 5’ten fazla olmayacak şekilde belirlendi. Yüksek güvenilirlik 0.900 seçildi. “Hatalı keşif oranı” (False Discovery Rates, FDR) 10^{-4} ’ten küçük olan veriler dikkate alındı. Analiz sonucu Gene Ontology (<http://geneontology.org>) veri bankasından çekilen biyolojik süreç, moleküler fonksiyon ve hücresel komponent verilerine ek olarak KEGG (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes) yolları ve Reactome (<https://reactome.org>) yolları da analiz edildi.

İkinci olarak PANTHER (Protein ANalysis THrough Evolutionary Relationships) analiz programı kullanıldı (Mi ve Thomas, 2009). Yine düzenlenen proteinlerin UniProt erişim numaraları sisteme yüklendi ve organizma olarak “Homo sapiens” seçildi. Fonksiyonel sınıflandırmalar bar grafikleri şeklinde oluşturuldu. Ontoloji olarak; moleküler fonksiyon, biyolojik süreç, hücresel komponent, protein sınıfı ve hücresel yolak seçildi. Gene Ontology (<http://geneontology.org>) veri bankasından çekilen bu veriler analiz edildi.

DAVID analysis (version 6.8; David Bioinformatics Resources) bu iki analize ek olarak “GAD disease class” analizleri için kullanıldı ve bu proteinlerin hastalıklarla ilişkisi belirlendi (Sherman ve ark., 2022). Gen listesine UniProt ID’ler girilerek, belirleyici UniProt aksesyon seçildi, liste tipi gen listesi seçilerek analiz yapıldı. Sonuçlar p değerleri göz önünde bulundurularak gen sayıları ile değerlendirildi. Venny 2.1. kullanılarak anlamlı Venn şemaları oluşturuldu (Oliveros, 2015).

Heatmap (ısı haritası) Microsoft Excel programına eklenti olan istatistik yazılımı XLSTAT (Addinsoft, New York, NY, ABD) kullanılarak yapıldı. Her bir grubun replikalarının protein miktarları MALDI için ilgili jellerin PDQuest Advance ve LC verileri için Proteom Discoverer 2.2 programlarından alındı. Elde edilen tablolar XLSTAT ile analiz edildi. Eksik bolluk değerleri program ile ortalama mod alınarak tahmin edildi ve tanımlayıcı istatistikler ve korelasyonlar hesaplandı. Sonuç olarak ise heatmap (ısı haritası) çıkarıldı.

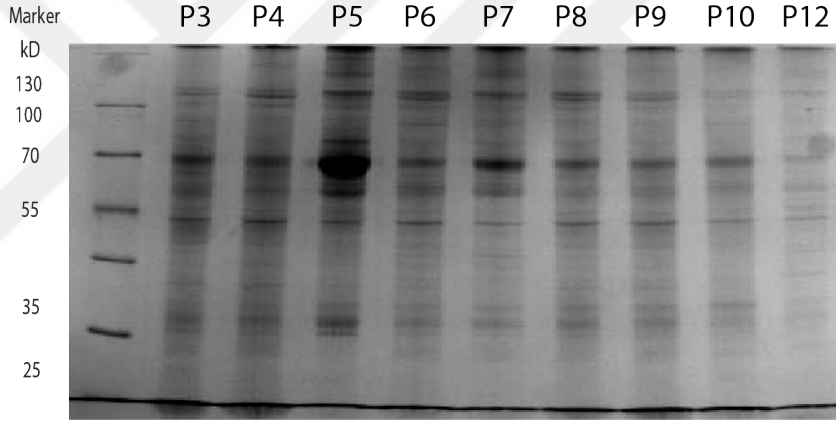
3.12. Biyoistatistiksel Analiz

Western Blot yapılırken en az üç tekrar olacak şekilde çalışıldı ve veriler GraphPad Prism 6 (La Jolla, CA, ABD) programı kullanılarak istatistiksel analize tabi tutuldu. Gruplar arasındaki istatistiksel farklar, Student-t test ve One-way analysis of variance (ANOVA) kullanılarak analiz edildi.

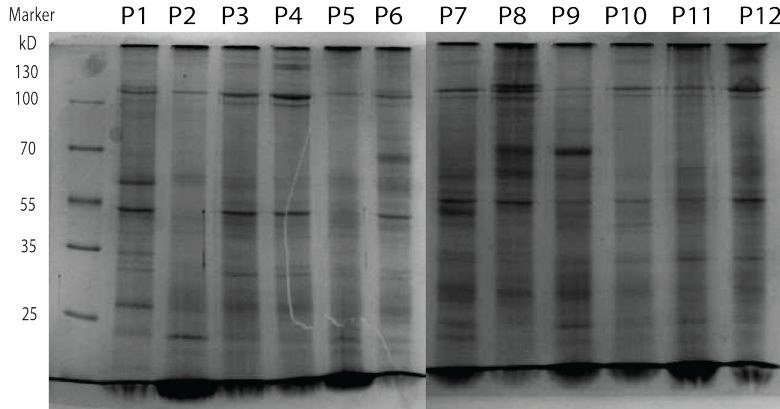
4. BULGULAR

4.1. Protein İzolasyonu

Hastalardan alınan meme sağlıklı ve IGLM hasta dokuları yağlı doku oldukları için laboratuvarımızda rutin olarak yapılan protein izolasyon protokolünde optimizasyonlar yapılarak protein eldesi sağlandı. Protein konsantrasyonunun ölçülmesinin ardından protein kalitesi ve ölçülen konsantrasyonun doğruluğu SDS-PAGE jel yürütülüp ardından ise Comassie boyası ile boyanarak gözlemlendi. Her bandın net ve ayrı (sürüntüsüz) gözlenmesi sonucu kaliteden emin olundu. (Şekil 4.1 ve Şekil 4.2)



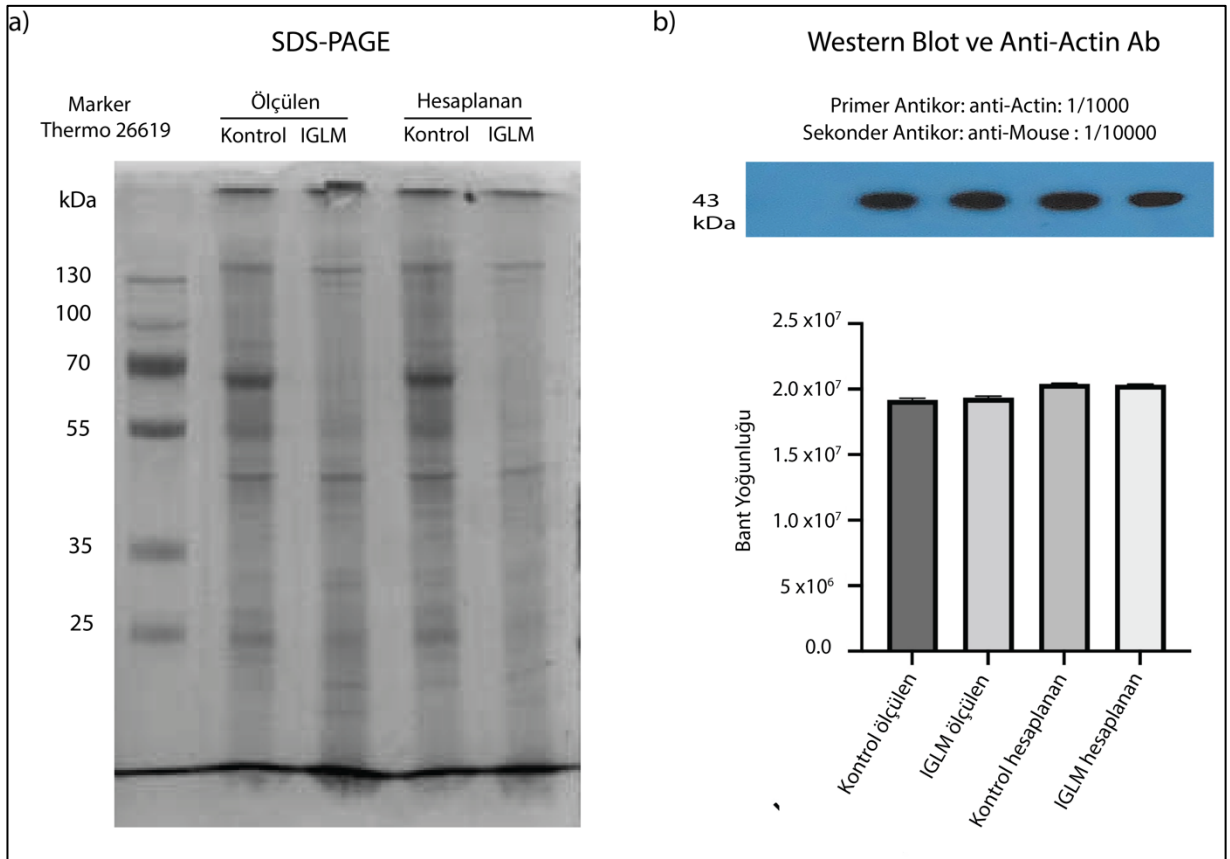
Şekil 4.1. Meme sağlıklı kontrol proteinlerinin SDS- PAGE sonucu, P3-12: hasta numaraları, Protein marker: Thermo Fisher 26619



Şekil 4.2. IGLM proteinlerinin SDS-PAGE sonucu, P1-12: hasta numaraları, Marker: Thermo Fisher 26619

4.2. Protein Havuzlarının Oluşturulması

Elde edilen proteinlerin kalitesinden emin olunduktan sonra ileri deneylerde kullanılmak üzere protein havuzları oluşturuldu. Bunun için 15 IGLM hasta ve 12 kontrol proteinlerinden her grup için 600 μ g olacak şekilde hesaplama yapıldı ve protein havuzları oluşturuldu. Ardından oluşturulan protein havuzlarından tekrar protein ölçülmesi yapıldı. Her iki hesaba göre de SDS-PAGE jel yüklemesi yapıldı. Ardından ise eşit protein miktarından emin olmak için WB yöntemi ile anti- β -aktin blotlaması yapıldı. (Şekil 4.3)



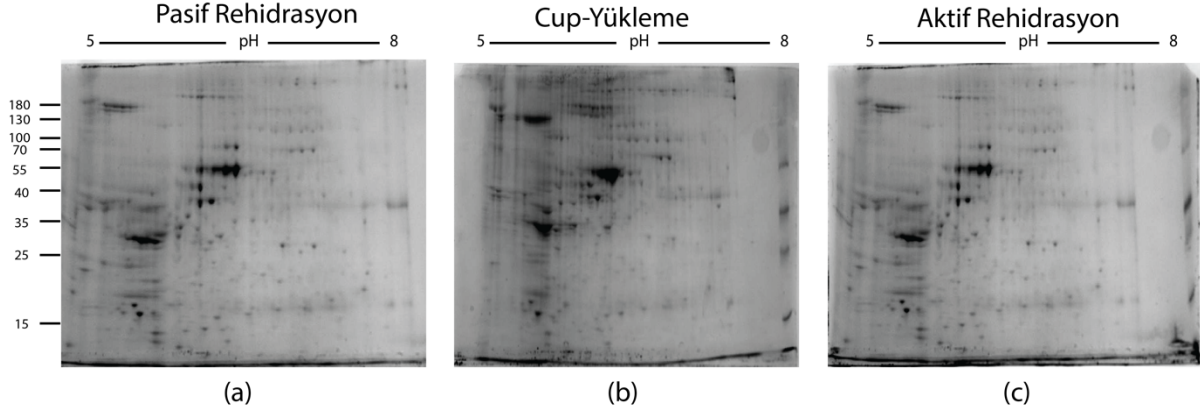
Şekil 4.3. Hazırlanan protein havuzlarının protein analizleri a) SDS-PAGE görüntüsü (b) Western Blot ile aktin normalizasyonu, Marker: Thermo Fisher 26619

4.3. 2-DE Jel Analizi

4.3.1.2-DE Optimizasyonları

Hazırlanan proteinlerin 2-DE analizleri öncesi optimizasyonlar yapıldı. Önce rehidrasyon metonudu belirlemek için 11cm 5-8 IPG şeritlere pasif rehidrasyon, kup-yükleme

ve aktif rehidrasyon uygulanarak jel görüntüleri alındı ve pasif rehidrasyon ile devam edilmesine karar verildi (Şekil 4.4).

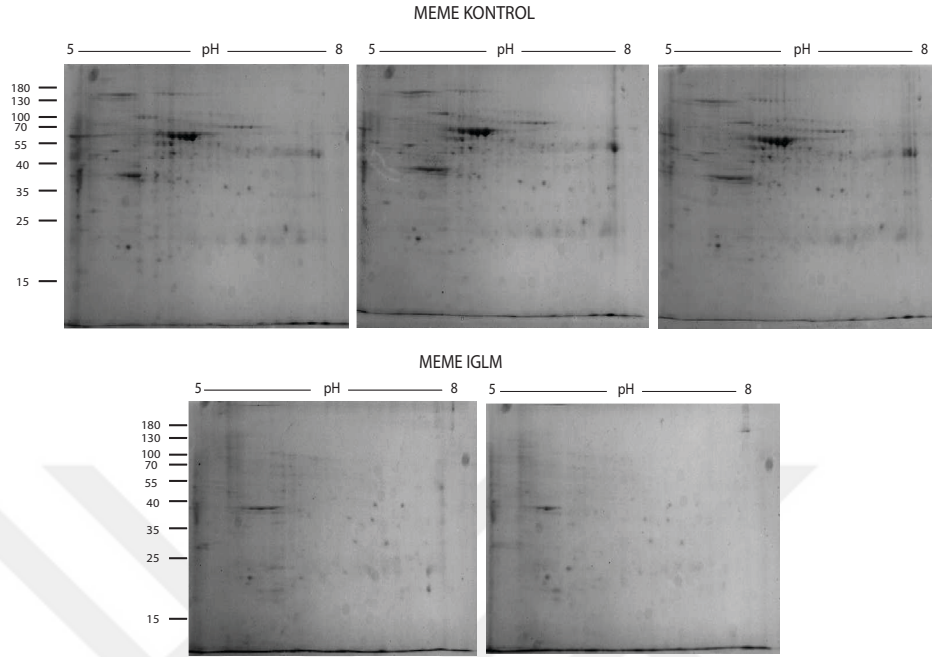


Şekil 4.4. 2-DE rehidrasyon optimizasyonları, 260 µg kontrol protein örneği, (a) pasif rehidrasyon, (b) cup-yükleme ve (c) aktif rehidrasyon, 11cm pH 5-8 IPG şeritleri kullanılarak %12 SDS-PAGE jelle yükleme yapılmıştır, jeller Coomassie Parlak Mavi Boyaması ile boyanmıştır

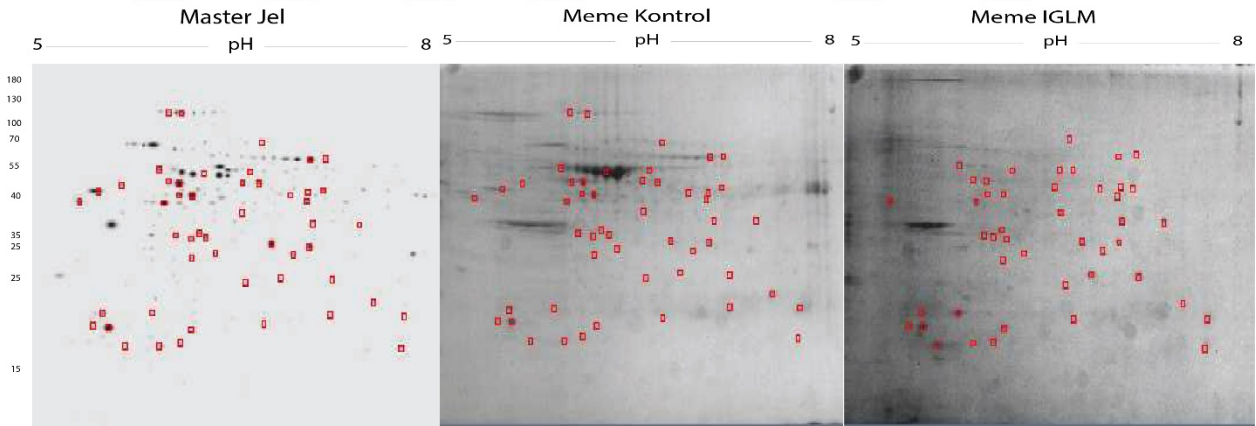
Yapılan ön deneme sonrası pasif rehidrasyon metoduna karar verildi.

4.3.2. 2-DE Jel Yürütülmesi ve Benek Analizleri

Hazırlanan protein havuzları üçlü tekrarı IPG şeritlere yüklendikten sonra bu şeritler 17cm SDS-PAGE jellere yüklendi ve jellerin iyi bir şekilde ayrışması sağlandı (Şekil 4.5). 3 kontrol 3 IGLM olarak başlanan analizde 1 IGLM jeli boyamasının yetersiz olması ve çözünürlüğü düşük olduğu için çalışma dışı bırakıldı. Jellerin görüntüleri alındıktan sonra benek analizi yapıldı. Her bir jelden ortalama 197 spot belirlendi. Jeller arası benek eşleşmesinin genel ortalama katsayısı %92.88 idi, ki bu da jeller arasındaki protein dağılımının oldukça benzer olduğunu göstermektedir. Protein beneklerinin ekspresyon analizlerinde 2 kat ve üzeri ifade değişikliği olanlar istatistiksel olarak anlamlı kabul edilerek, 50 benek MALDI-TOF/TOF tanımlaması için belirlendi (Şekil 4.6). Belirlenen beneklerin jeller arasındaki ifade değişimleri Şekil 4.7’de grafik şeklinde verilmiştir.



Şekil 4.5. IGLM ve kontrol gruplarının 2-DE jel görüntüleri



Şekil 4.6. Kesilen 50 beneğin master jel, meme kontrol jeli ve IGLM jeli üzerindeki gösterimi



Şekil 4.7. Kesilen 50 benek gruplar arası regülasyon grafikleri, benekler SSP numaraları ile verilmiştir. Kırmızı barlar kontrol gruplarını ve yeşil barlar IGLM hasta gruplarını göstermektedir

4.4. MALDI-TOF/TOF Analizi

4.4.1. Proteinlerin Tanımlanması

Kesilen 50 benek jel içi triptik kesim sonrası MALDI-TOF/TOF analizi ile tanımlama yapılmıştır. Bu analiz sonucu tanımlanan proteinlerin büyük bir kısmı kanda bulunan proteinler olan Serum Albumin, Fibrinojen B Zincir ve Serrotransferrin olarak tespit edildi. Bu proteinler IGLM ve kontrol dokuların yapısı gereği kanlı olmasından kaynaklanmaktadır. Dolayısı ile bu proteinler analiz dışı bırakıldı. Kalan tanımlanan proteinler ise biyoinformatik programlarınca analiz edildi. Protein tanımlamaları MASCOT veri bankasında Protein Pilot yazılımı aracılığı ile PMF değerlerinin analizi sonucu gerçekleştirilmiştir (Tablo 4.1.).

Tablo 4.1. MALDI tanımlanan proteinlerin MASCOT analiz sonuçları

	SSP Nu.	Erişim Nu.	Protein erişim adı	Protein Açıklaması	En iyi protein kütlesi	En iyi protein sayısı	Beklenen	Eşleşme	Hesaplanan. pI	Kapsama. (%)
1	2006	P02647	APOA1_HUMAN	Apolipoprotein A-I	30759	501	1.6e-046	32	5,56	64
2	2106	P12111	CO6A3_HUMAN	Peroxisredoxin-1	343453	449	2,60E-41	27	6,26	7
3	2404	P06576	ATPB_HUMAN	Fibrinogen beta chain	56525	759	2.6e-072	38	5,26	46
4	2503	P08670	VIME_HUMAN	Vimentin	53619	443	1e-040	49	5,06	63
5	2503	P41219	PERI_HUMAN	Collagen alpha-3(VI) chain	53618	74	0.00075	6	5,37	11
6	3002	P02768	ALBU_HUMAN	Peroxisredoxin-1	69321	262	1,30E-22	22	5,92	16
7	3004	P02647	APOA1_HUMAN	Annexin A6	30759	722	1.3e-068	33	5,56	66
8	3502	P12111	CO6A3_HUMAN	Fibrinogen beta chain	343453	277	4e-024	43	6,26	12
9	4003	P32119	PRDX2_HUMAN	Peroxisredoxin-2	21878	358	3.2e-032	20	5,66	45
10	4103	Q06830	PRDX1_HUMAN	L-lactate dehydrogenase B chain	22096	97	3.9e-006	3	8,27	14
11	4405	P02679	FIBG_HUMAN	Collagen alpha-2(VI) chain	51479	567	4e-053	29	5,37	56
12	4603	P08133	ANXA6_HUMAN	Carbonic anhydrase 1	75826	134	8.1e-010	24	5,42	34
13	4808	P12110	CO6A2_HUMAN	Collagen alpha-2(VI) chain	108512	157	4e-012	29	5,85	21
14	5002	P12111	CO6A3_HUMAN	Fibrinogen beta chain	343453	185	6,40E-15	24	6,26	5
15	5204	P07195	LDHB_HUMAN	Superoxide dismutase [Mn],	36615	316	5.1e-028	21	5,71	38
16	5206	P02675	FIBB_HUMAN	Fibrinogen beta chain	55892	229	2.6e-019	31	8,54	50
17	5808	P12110	CO6A2_HUMAN	Collagen alpha-2(VI) chain	108512	217	4e-018	29	5,85	19
18	6203	P60709	ACTB_HUMAN	Actin, cytoplasmic 1	41710	177	4,00E-14	19	5,29	39
19	6204	P02675	FIBB_HUMAN	Fibrinogen beta chain	55892	357	4e-032	35	8,54	51
20	6205	P21695	GPDA_HUMAN	Glycerol-3-phosphate [NAD+], cytoplasmic	37543	375	6,40E-34	27	5,81	50
21	7105	P02675	FIBB_HUMAN	Fibrinogen beta chain	55892	513	1e-047	30	8,54	34
22	7608	P02787	TRFE_HUMAN	Serotransferrin	77000	113	1e-007	28	6,81	35
23	8005	P04179	SODM_HUMAN	Superoxide dismutase [Mn],	24707	100	2.3e-006	12	8,35	34
24	8018	P00915	CAH1_HUMAN	Carbonic anhydrase 1	28852	137	4e-010	17	6,59	59

Tanımlanan proteinlerin jel kesimlerindeki gruplar arası kat artışları Tablo 4.2.'de verilmiştir.

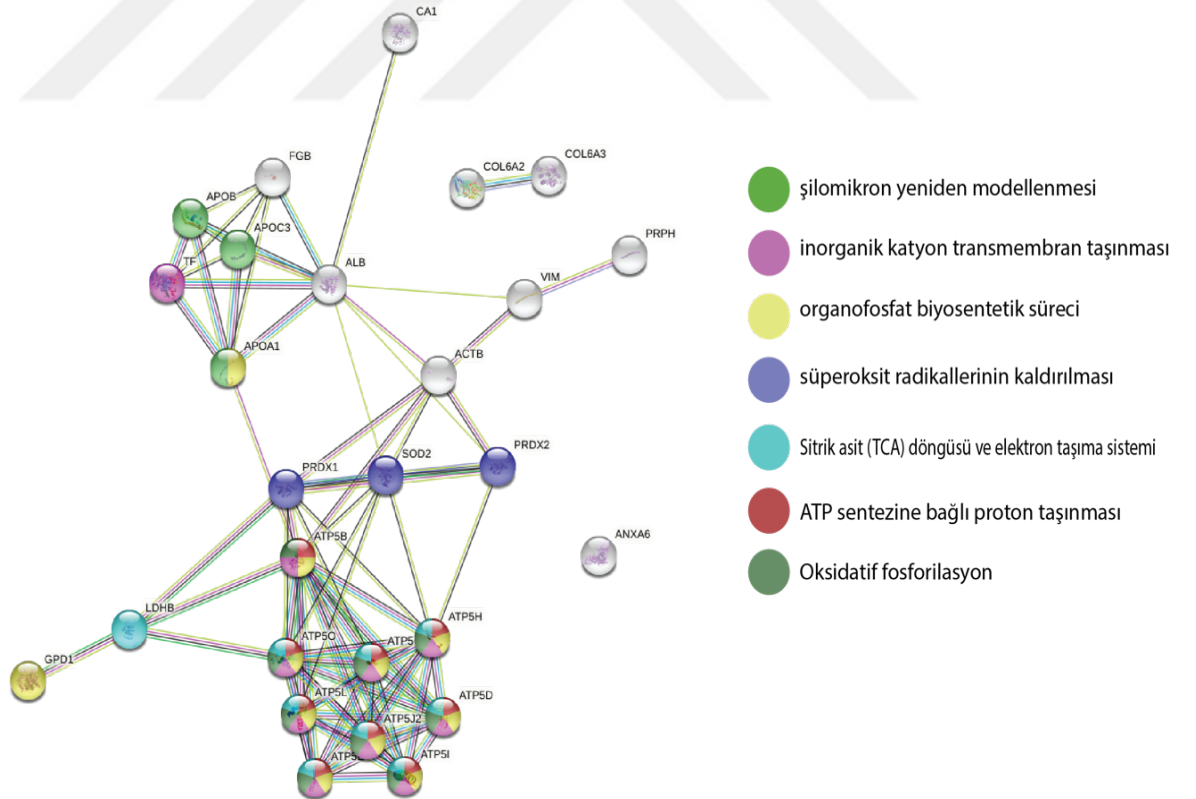
Tablo 4.2. MALDI-TOF/TOF analizi sonucu tanımlanan proteinlerin kat artışları, kat artışı için IGLM/kontrol alınmıştır, ↑:yukarı ifadelenen, ↓: aşağı ifadelenen, ⇔:ifadesi değişmeyen

MALDI-TOF/TOF Sonuçları				
Protein Adı	Protein ID	SSP	Kat Farkı (IGLM/kontrol)	
Apolipoprotein A-I	APOA1_HUMAN	2006	2,710	↓
Collagen alpha-3(VI) chain	CO6A3_HUMAN	2106	3,932	↓
Collagen alpha-3(VI) chain		5002	4,324	↓
Collagen alpha-3(VI) chain		3502	>1000	↓
Collagen alpha-2(VI) chain	CO6A2_HUMAN	4808	>1000	↓
Collagen alpha-2(VI) chain		5808	>1000	↓
ATP synthase subunit beta, mitochondrial	ATPB_HUMAN	2404	2,998	↓
Vimentin	VIME_HUMAN	2503	>1000	↓
Peripherin	PERI_HUMAN	2503	>1000	↓
Peroxiredoxin-2	PRDX2_HUMAN	4003	11,296	↓
Peroxiredoxin-1	PRDX1_HUMAN	4103	12,194	↑
Actin, cytoplasmic 1	ACTB_HUMAN	4405	4,342	↓
Actin, cytoplasmic 1	ACTB_HUMAN	6203	5,194	↓
Annexin A6	ANXA6_HUMAN	4603	20,971	↓
L-lactate dehydrogenase B chain	LDHB_HUMAN	5204	2,443	↓
Glycerol-3-phosphate dehydrogenase [NAD ⁺], cytoplasmic	GPDA_HUMAN	6205	8,233	↓
Superoxide dismutase [Mn], mitochondrial	SODM_HUMAN	8005	0,723	⇔
Carbonic anhydrase 1	CAH1_HUMAN	8108	13,567	↓
Serum albumin	ALBU_HUMAN	3002	3,569	↑
		4507	32,216	↓
		5001	3,045	↑
		6613	8,235	↓
		7107	6,428	↓
		7108	>1000	↓
		7409	6,990	↓
		7504	11,390	↓
		7506	54,373	↓
		7512	47,906	↓
		5207	7,993	↓
		5407	13,233	↓
		5408	20,572	↓
		5505	183,145	↓
Fibrinogen beta chain	FIBB_HUMAN	6204	9,948	↓
		5206	11,906	↓
		7105	4,708	↑
		7106	8,744	↑
		7204	3,618	↓
		7205	5,960	↓
		7206	3,597	↓
		7301	8,741	↑
		7302	2,980	↑
		7505	11,900	↓
Sero transferrin	TRFE_HUMAN	8305	9,131	↑
		7608	15,587	↓
		7708	10,153	↓
		7710	233,372	↓

4.4.2. Biyoinformatik Analiz

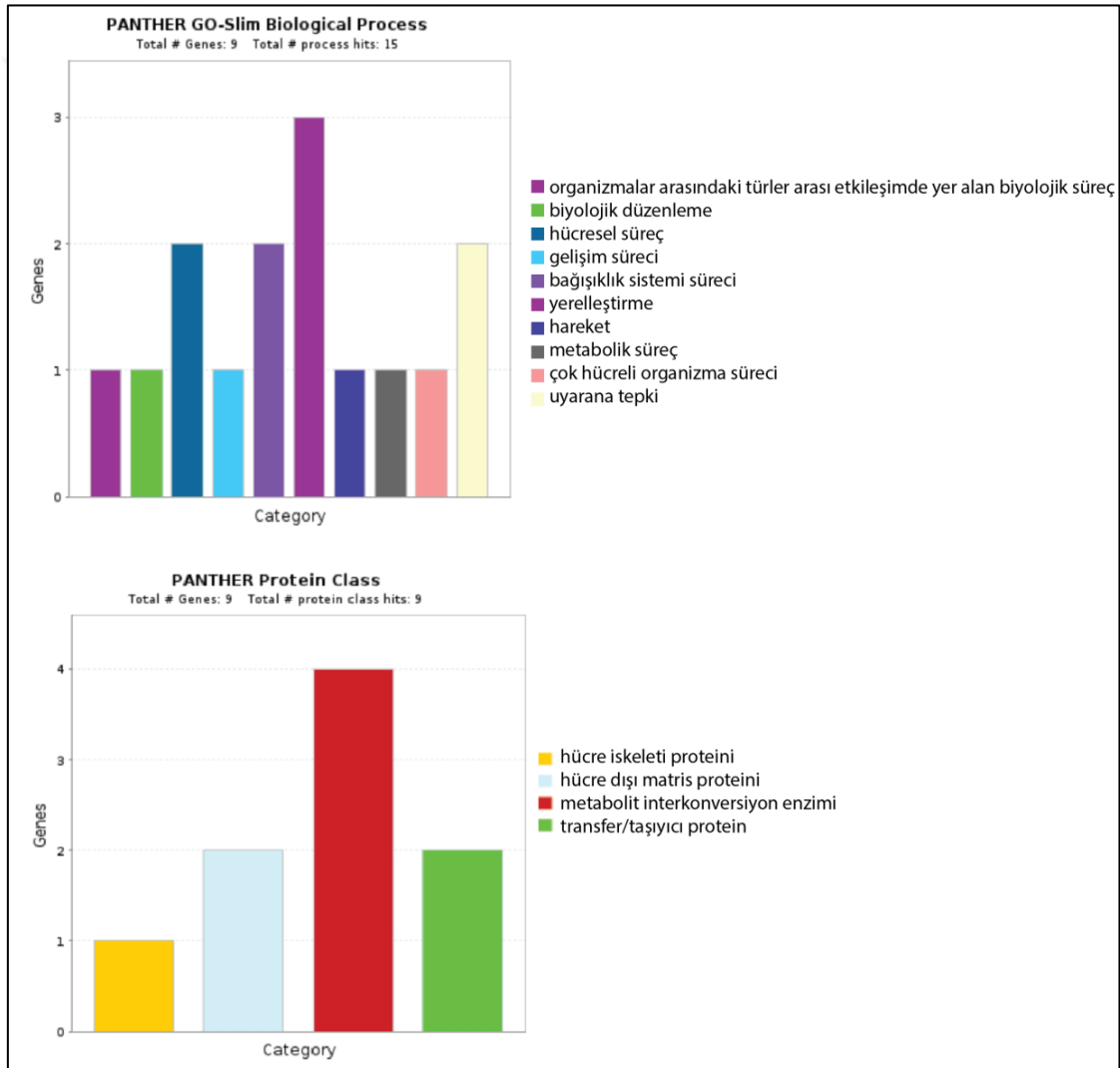
MALDI-TOF/TOF protein analizi sonucu tanımlanan proteinlerin UniProt erişim numaraları ile biyoinformatik analizler gerçekleştirilmiştir. İlk olarak STRING analizi yapılmıştır (Şekil 4.8). Bu analiz parametrelerinde yüksek düzeyde güven etkileşimi (interaction score of high confidence) seçilerek 1. ve 2. kabuklar için etkileşim sayısı 5 olarak belirlendi. Analiz sonuçları FDR'larına göre sıralandığında 10^{-4} 'ten küçük olan verilen anlamlı kabul edildi.

Sonuçlar incelendiğinde hücresel enerji metabolizmaları; oksidatif fosforilasyon, sitrik asit döngüsü, ATP sentezine bağlı proton taşınması anlamlı bulundu. Ek olarak süperoksit radikallerinin kaldırılması, şilomikron yeniden modellenmesi, organofosfat biyosentetik süreci ve inorganik katyon transmembran taşınması mekanizmalarının anlamlı olduğu belirlendi.



Şekil 4.8. MALDI-TOF/TOF analiz sonuçlarının STRING biyoinformatik programı ile analizi sonuçları

STRING analizine ek olarak tanımlanan proteinler ayrıca PANTHER analizi ile değerlendirildi. Bu analiz sonucu elde edilen fonksiyonel sınıflandırma grafikleri Şekil 4.9’da verilmiştir. Biyolojik süreç analizinde ifadesi düzenlenen proteinlerin 3 tanesi (P02787, P60709,P02768) hücresel lokalizasyon ile ilişkilendirilirken, 2’si (P32119, P02787) hücresel uyarana cevap ve bağışıklık sistemi ile ilişkilendirilmiştir. Protein ailesi analizinde ise 4 protein (p32119, P07195, P04179, P00915) metabolit interkonversiyon enzimleri olan liyaz ve oksidoredüktaz ile ilişkilendirilmiştir.

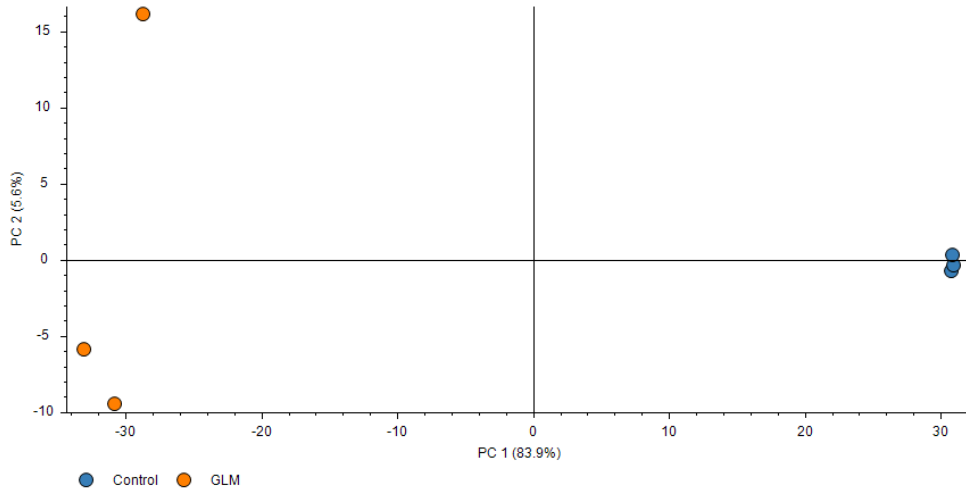


Şekil 4.9. MALDI-TOF/TOF analiz sonuçlarının PANTHER biyoinformatik programı ile analizi sonuçları

4.5. LC-MS/MS Analizi

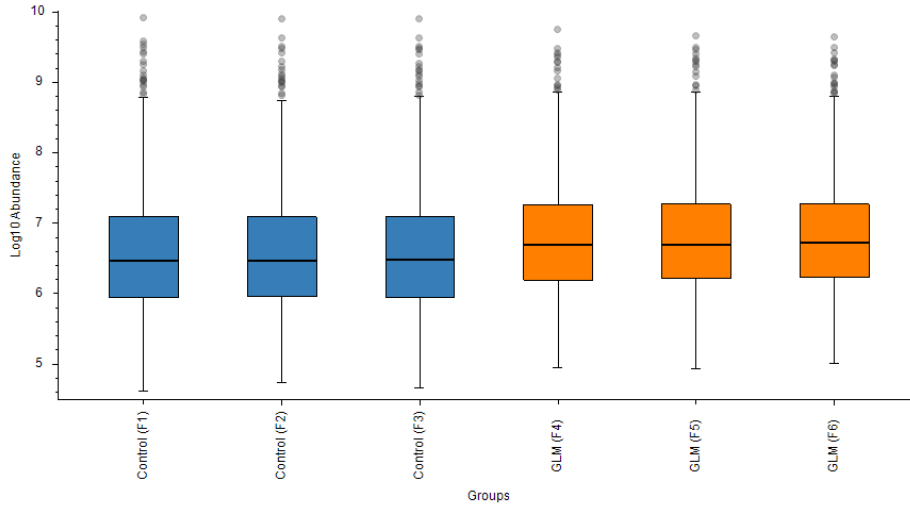
4.5.1. Proteinlerin Tanımlanması

İkinci proteomik yaklaşım olarak IGLM hastalığının daha ileri olarak araştırılabilmesi için LC-MS/MS yöntemi kullanıldı. Solüsyon içi triptik kesim ile gruplara özgü havuz proteinleri kesildikten sonra LC-MS/MS ile protein tanımlaması yapılmıştır. Bunun için etiketsiz (Label-free) kantitasyon ile ifadesi düzenlenen proteinler belirlenmiştir. Yüklenen örneklerin gruplar içi korele olup gruplar arası ayrıştığı temel bileşen analizi (Principal Component Analysis-PCA) ile Şekil 4.10'da gösterilmiştir.



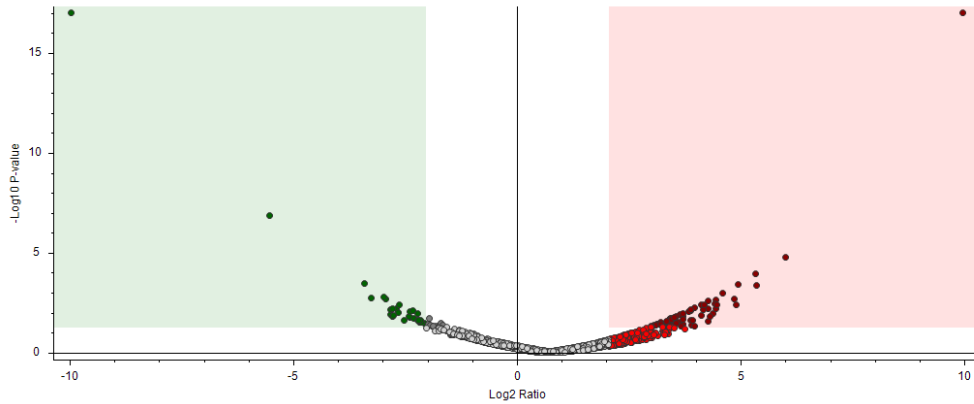
Şekil 4.10. LC-MS/MS analiz örneklerinin PCA analizi

Ek olarak her bir örneğin normalizasyonu sonucu dağılımını logaritmik skalada gösteren örnek miktar (sample abundances) grafiği Şekil 4.11.'de görülmektedir. Bu grafik yüklene proteinin internal kontrol olarak eşit miktarda yüklendiğini göstermektedir.



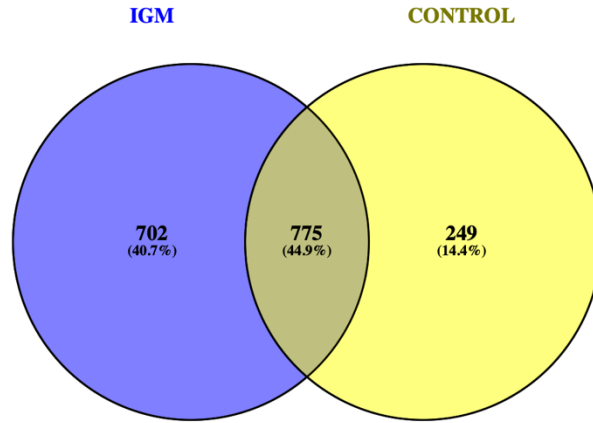
Şekil 4.11. Normalize edilmiş örneklerin logaritmik miktar grafiği

Volcano plot analizi ise tanımlanan proteinlerin dağılımının kat artışına göre istatistiksel önemini (p değeri) gösteren bir dağılım grafiğidir. Yüksek kat artışına sahip ve istatistiksel olarak da önemli görülen proteinlerin hızlı bir şekilde görsel oluşturulmasını sağlamaktadır (Doyle, 2021). Analiz edilen proteinlerin volcano plot grafiği Şekil 4.12’de gösterilmektedir.



Şekil 4.12. LC-MS/MS analizi sonucu tanımlanan proteinlerin Volcano Plot dağılımı

LC-MS/MS analizi sonucunda 1477 master protein IGLM grubun da tanımlanırken bu sayı kontrol grubunda 1024’tü. Bu proteinler birlikte değerlendirildiğinde ise bunlardan 775 tanesi her iki grup için de ortak proteinlerdir. Tanımlanan tüm proteinlerin verisi Ek-3’te verilmiştir. Venn şeması bu dağılımı göstermektedir (Şekil 4.13).



Şekil 4.13. LC-MS/MS ile tanımlanan proteinlerin dağılımının Venn şeması

Tanımlanan proteinlerin analizi yapılırken 2 kat ve üzeri artış ve 0.05 kat azalma olan master proteinler anlamlı kabul edilmiştir. Bu 2 kat oranı gen ekspresyon farklılıklarında anlamlı kabul edilmektedir (log2 skalası) (Robinson ve Smyth, 2008). Bu sonuca göre 482 protein anlamlı kabul edilmiştir. Ancak bu sayı biyoinformatik analizler için oldukça yüksek olduğundan anlamlı aralığı daraltmak, güvenilirliği artırmak ve hata keşif oranını azaltmak için kat artış oranı 10 kattan fazlası yukarı ifadelenen ve 0.1 kattan daha azı aşağı ifadelenen olarak belirlenmiştir (log10 skalası) (Mutch, Berger, Mansourian, Rytz, & Roberts, 2002). Bu daralma sonucu 60 protein (56 yukarı-ifadelenen ve 4 aşağı-ifadelenen) ifadesi değişen olarak belirlenmiş ve biyoinformatik analizlerde kullanılmıştır. Bu proteinlerin listesi Tablo 4.3.'te görülmektedir.

Tablo 4.3. LC-MS/MS analizi sonucu IGLM dokularında kontrole kıyasla 10 kat üzeri ve 0.1 altı anlamlı kabul edilen 60 protein, ↑:yukarı ifadelenen, ↓:aşağı ifadelenen

Aksiyon Numaraları	Protein Adı	Kat Farkı (IGM/Kontrol)		Aksiyon Numaraları	Protein Adı	Kat Farkı (IGM/Kontrol)	
D7NNS0	HLA-A	1000	↑	A8K6Q8	-	21,449	↑
B2RAK1	-	1000	↑	P02792	FTL	19,443	↑
A0A024R0Q4	PLD3	1000	↑	H9STE0	COX2	19,376	↑
A0A0A0MTJ9	NCEH1	1000	↑	D5H3J4	HLA-DQA1	18,305	↑
Q6P4A8	PLBD1	1000	↑	A8K769		17,965	↑
P36222	CHI3L1	1000	↑	Q2TU34	FBP1	17,271	↑
Q9Y6W5	WASF2	1000	↑	P42224	STAT1	15,608	↑
Q30030	HLA-DPB1	1000	↑	Q32P28	P3H1	15,175	↑
P55160	NCKAP1L	1000	↑	Q6PJ75	-	14,723	↑
P30536	TSPO	1000	↑	Q16822	PCK2	12,996	↑
P20701	ITGAL	1000	↑	Q9BY50	SEC11C	12,781	↑
E9PI68	SPCS2	1000	↑	E9BVF4	HLA-B	12,552	↑
J3KPF3	SLC3A2	1000	↑	Q00325	SLC25A3	12,452	↑
Q8N7G1	PNP	1000	↑	Q13724	MOGS	12,105	↑
P04839	CYBB	1000	↑	P04179	SOD2	11,843	↑
A8K2Y2	EIF2S3	1000	↑	A0A024R4H0	PTPRC	11,716	↑
B4DWA5	-	1000	↑	A0A0A0MT22	PBEF1	11,673	↑
Q13488	TCIRG1	1000	↑	B2RBL3	-	11,355	↑
A0A0A0MSV9	TAPBP	1000	↑	A0A024R718	PBEF1	10,999	↑
A0A090N8Z4	IMAP1	1000	↑	P21281	ATP6V1B2	10,862	↑
P46977	STT3A	1000	↑	Q2PP85	HLA-A	10,857	↑
P78527	PRKDC	1000	↑	P23381	WARS1	10,786	↑
P27708	CAD	1000	↑	Q96HE7	ERO1A	10,634	↑
P09917	ALOX5	40,852	↑	P61160	ACTR2	10,588	↑
Q03518	TAP1	40,524	↑	A0A024R9G4	FAM49B	10,564	↑
F8RHL1	HLA-DRB1	30,935	↑	A0A090KQC4	HLA-DRB1	10,369	↑
P17213	BPI	29,769	↑	P04271	S100B	45,455	↓
G9I2K8	HLA-B	24,175	↑	B8Q183	GYPA	1000	↓
Q92930	RAB8B	22,264	↑	P11171	EPB41	1000	↓
P15104	GLUL	21,647	↑	P43652	AFM	1000	↓

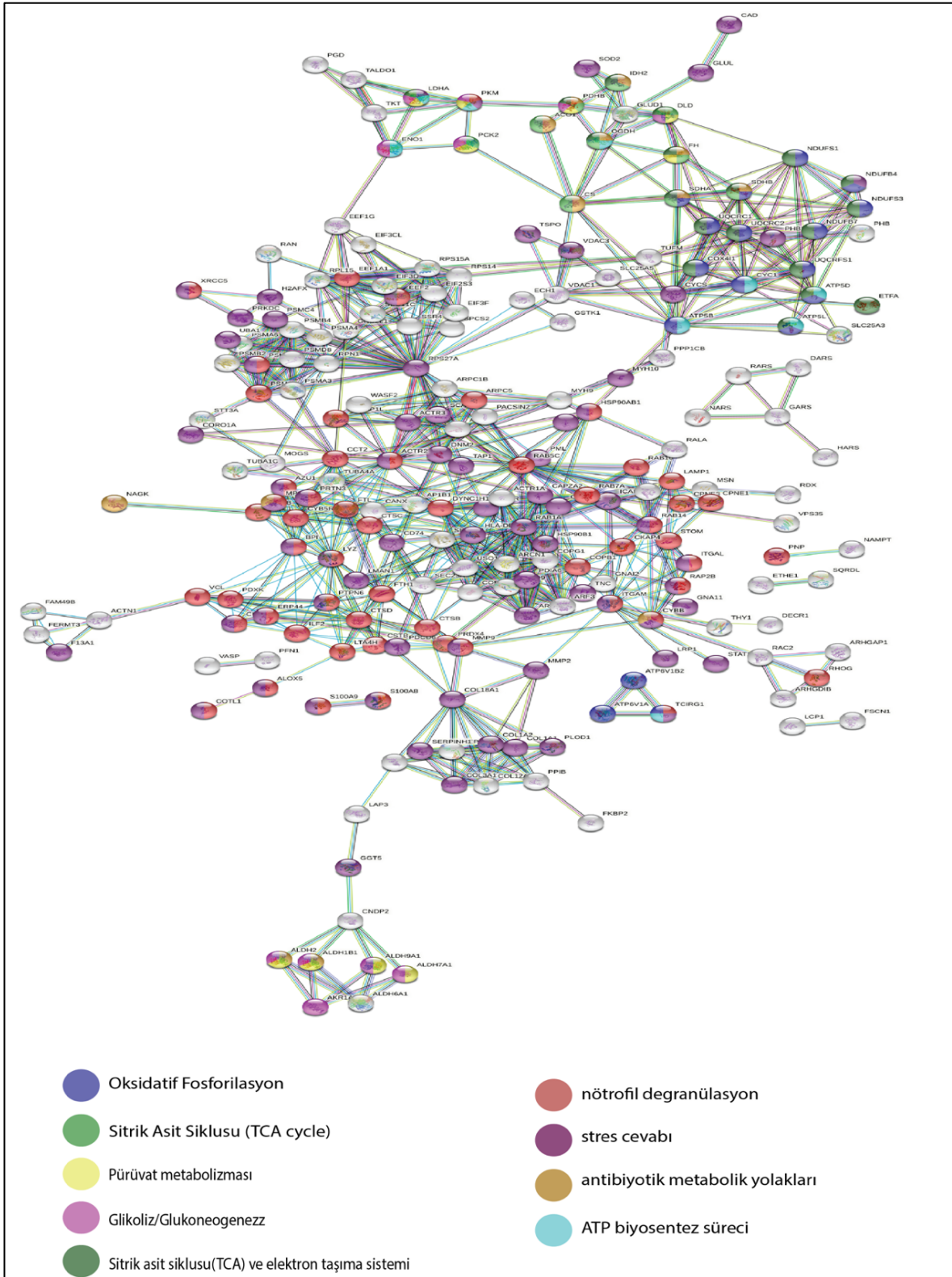
4.5.2. Biyoinformatik Analizler

4.5.2.1. Heatmap (Isı Haritası) analizi

Gruplar arası tanımlanan proteinlerin farklılıklarını görsel olarak sunan ve grup içi ve gruplar arası benzerliklerin belirlenebildiği heatmap (ısı haritası) analizi sonucu elde edilen grafik Şekil 4.14.'de sunulmuştur. Üst kısımda gösterilen dendrogram grupların kendi içlerinde ne kadar tutarlı ve birbirlerinden de ne kadar farklı olduğunu net bir şekilde göstermektedir. Sol taraftaki dendrogram ise regülasyonu artan ve azalan proteinlerin oluşturduğu iki gruba

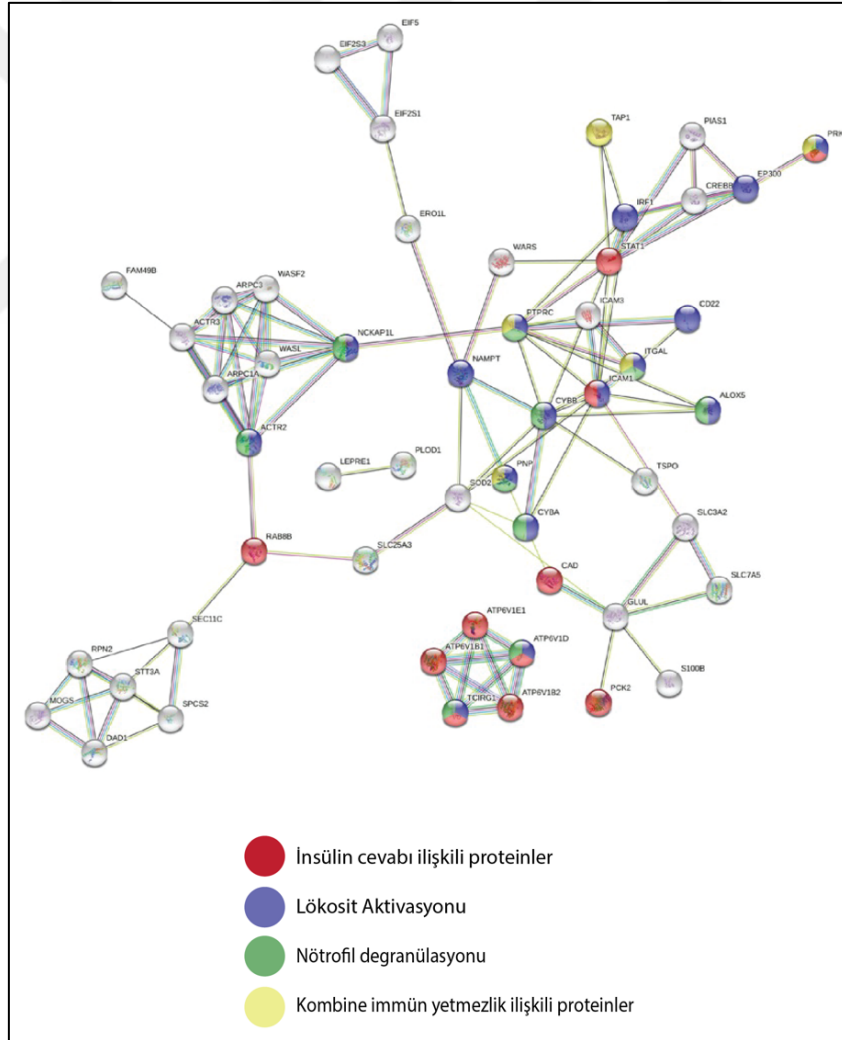
4.5.2.2. *STRING analizi*

LC-MS/MS analizi sonucu tanımlanan ve regülasyon oranı 10 kat artan ve azalan olarak belirlenen proteinler UniProt erişim numaraları kullanılarak STRING analizi yapıldı. Analiz parametreleri olarak yüksek düzeyde güven etkileşimi seçilerek, 1. ve 2. kabuklar için seçilen maksimum etkileşim sayısı 5'ten fazla olmayacak şekilde belirlendi. FDR değeri 10^{-4} 'ten küçük olan veriler dikkate alındı. Bu analiz ile, ifadesi düzenlenen proteinlerin biyolojik süreçler ve hücresel bileşen analizleri Gene Ontology analizinden elde edilmiştir. Ayrıca, STRING analizi, KEGG Pathway, Reactome Pathway ve Hastalık-Gen Dernekleri (Disease-Gene Associations-DISEASES) veri tabanlarından gelen verileri değerlendirmektedir. STRING analizinde elde edilen tüm veriler Ek-4'de listelenmiştir. 2 kat ve üzeri olarak artış gösteren proteinler STRING analizinde değerlendirildiğinde Şekil 4.15.'teki grafik elde edilmektedir.



Şekil 4.15. LC-MS/MS analizi sonucu en az 2 artan ve azalan tüm proteinlerin STRING biyoinformatik programı ile analizi sonuçları

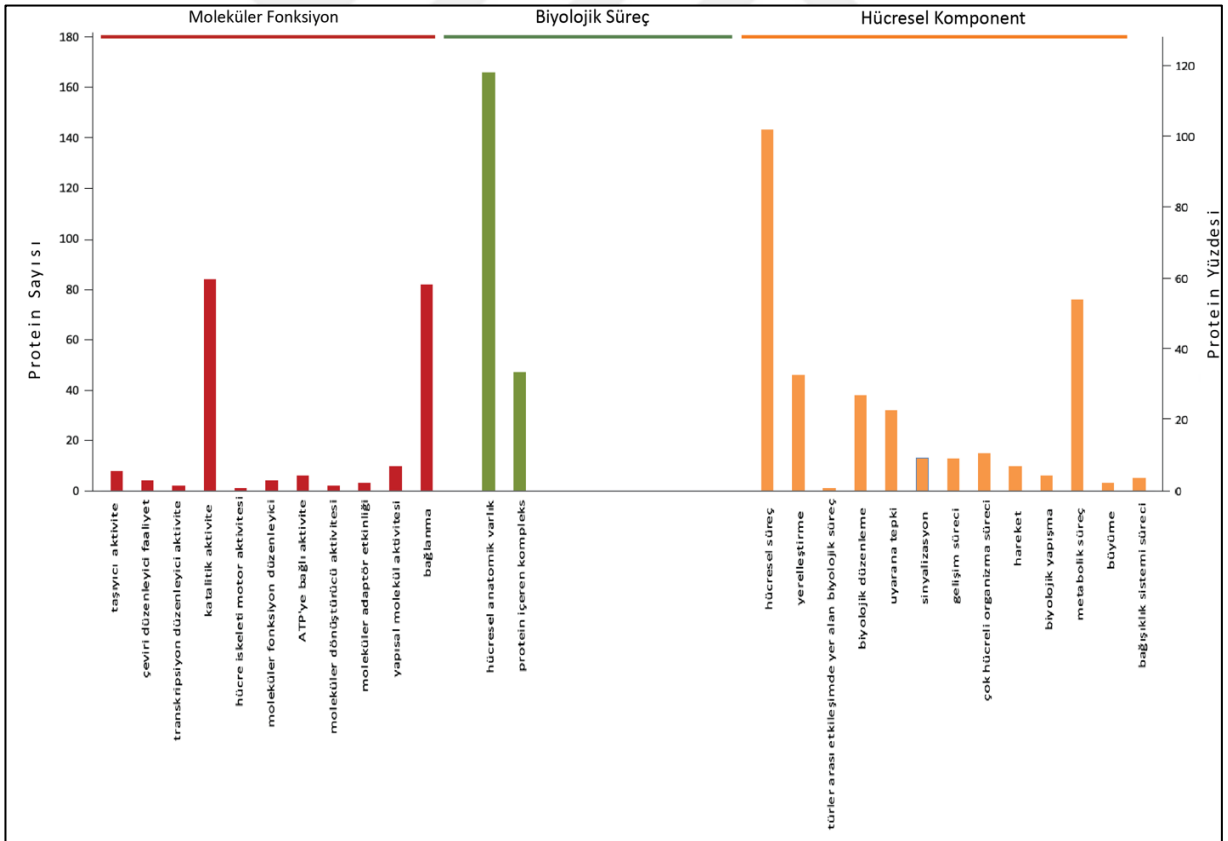
Bu analiz daraltılıp sadece 60 ifadesi düzenlenen protein değerlendirildiğinde ise Şekil 4.17 elde edilmektedir. Biyolojik süreçte, esas olarak bağışıklık sistemi mekanizmaları, özellikle lökosit aktivasyonu yer almıştır. Hücresel bileşen analizleri, ifadesi düzenlenen proteinlerin çoğunlukla hücre dışı keseciklere ve salgı bölmelerine ait olduğunu ortaya çıkardı. Ayrıca, ifadesi düzenlenen proteinlerin KEGG yolak analizlerinde; enfeksiyonlara tepkiler ve toplama kanalı asit salgılama süreci önemli bulunmuştur. Reactome analizinde ise bağışıklık sistemi süreçleri ile birlikte nötrofil degranülasyonu ve insülin reseptör geri dönüşüm süreçleri yer almıştır. Son olarak Gen-Hastalık Dernekleri (DISEASES) analizi ise bu proteinlerden 5'ini kombine immün yetmezlik ile ilişkilendirmiştir (Şekil 4.16).



Şekil 4.16. LC-MS/MS analizi sonucu en az 10 kat artan ve azalan proteinlerin STRING biyoinformatik programı ile analizi sonuçları

4.5.2.3. PANTHER analizi

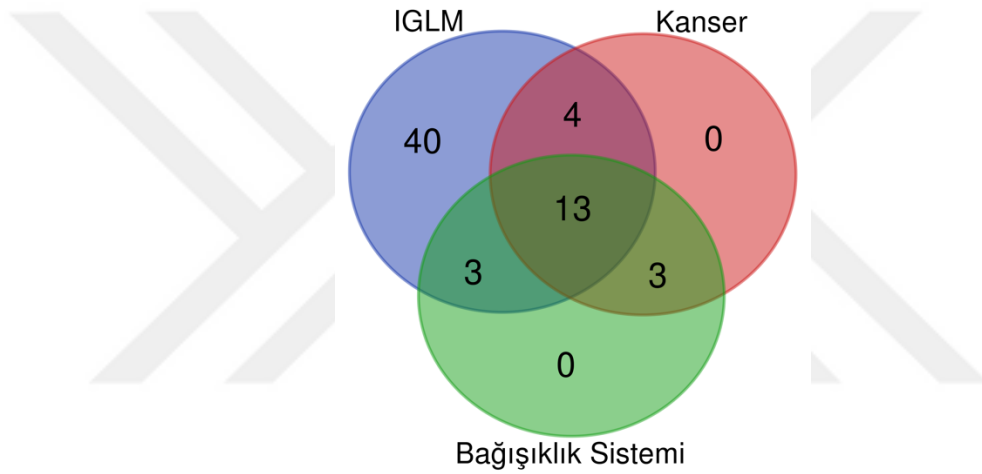
PANTHER analizi ifadesi düzenlenen proteinlerin bulundukları biyolojik süreçleri, görev yaptıkları hücresel bileşenleri ve proteinlerin moleküler işlevlerini ortaya çıkarmak için yapıldı. Moleküler fonksiyon analizi, ifadesi düzenlenen proteinlerin bazılarının oksidaz, ligaz, kinaz veya oksidoredüktaz (P04839, P15104, Q16822, Q96HE7) gibi katalitik aktiviteye sahip olduğunu, bazılarının ise integrin, glukosidaz veya ATP sentaz (P20701, P36222, Q13488) olarak bağlayıcı aktiviteye sahip olduğunu göstermiştir. Hücresel bileşen analizlerinde, proteinlerin çoğunlukla hücresel ve metabolik süreçlerde işlev gördüğü ve bunu takiben lokalizasyon, uyarana yanıt, biyolojik düzenleme ve bağışıklık sistemi süreçlerinin izlediği tespit edilmiştir (Şekil 4.17). Bu tür protein çeşitliliği, IGLM oluşumunun bir bütün olarak hücreleri etkilediğini göstermektedir.



Şekil 4.17. LC-MS/MS ile tanımlanan proteinlerin moleküler fonksiyon, biyolojik süreç ve hücresel bileşenlerini gösteren PANTHER analizi

4.5.2.4. DAVID analizi

İfadesi düzenlenen proteinlerin hastalıklarla ilişkisini anlamak için DAVID analizi yapıldı. Bu analiz ile kanser ve bağışıklık ile ilgili ifadesi düzenlenen proteinler GAD Hastalık Sınıfı sınıflandırması ile tanımlandı. 60 proteinden 20'si kanserle ilgili bulundu ve 60 proteinden 19'u bağışıklık sistemi ile ilişkili bulundu. Bu proteinlerin yüzde benzerliği VENN diyagramında belirtilmiştir (Şekil 4.18). (Kanserle ilgili ve bağışıklıkla ilgili tüm proteinler Ek-5'te listelenmiştir.)



Şekil 4.18. LC-MS/MS ile tanımlanan proteinlerin DAVID analizi sonucu kanser ve bağışıklık sistemi ile ilişkisi

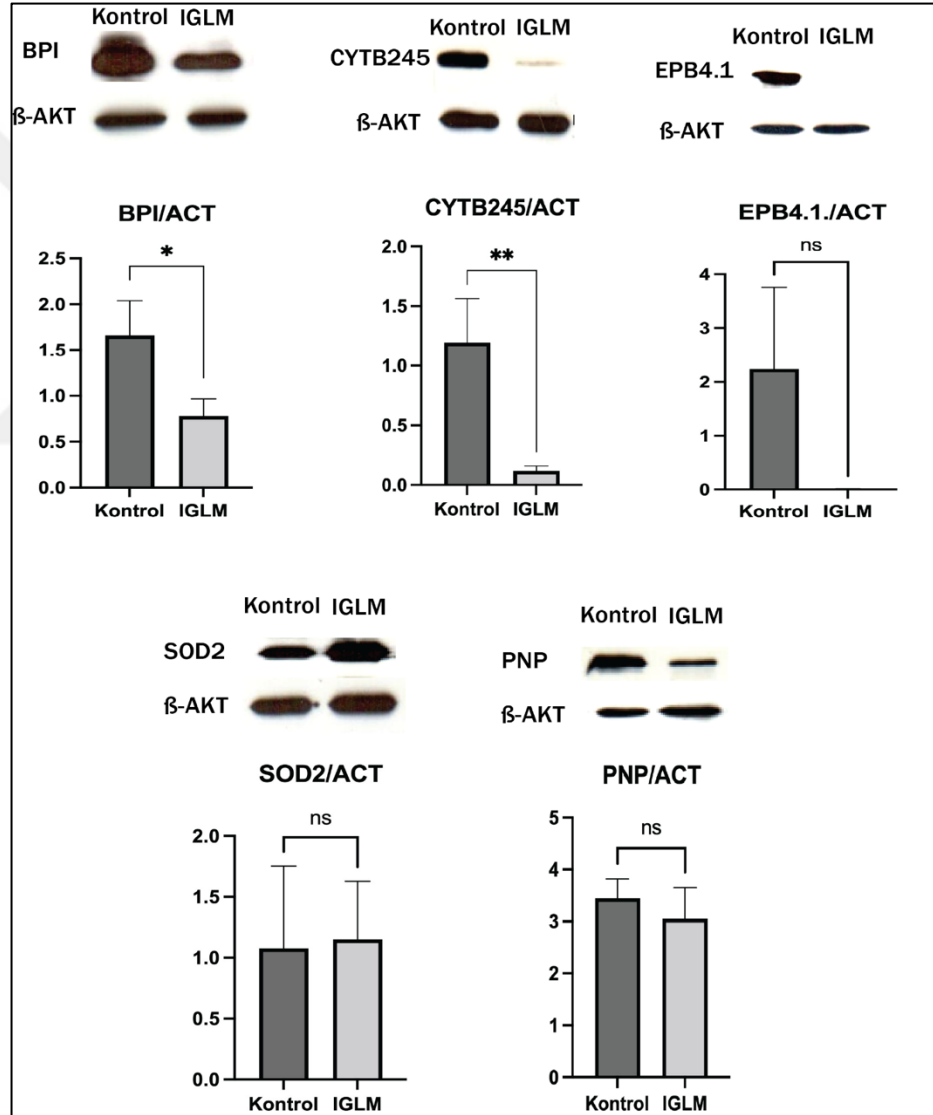
İki farklı proteomik yaklaşım olan MALDI-TOF/TOF ve LC-MS/MS analizleri sonucu elde edilen veriler biyoinformatik olarak değerlendirildiğinde benzer bulgular elde edilmesine karşın kapsam olarak farklılıklar bulunmaktadır. Bu iki yaklaşım hastalığın proteomik temeline yönelik kapsamlı bir tarama sağlamaktadır.

4.6. MS/MS Verilerinin Western Blotlama ile Doğrulanması

MALDI-TOF/TOF ve LC-MS/MS verilerinin doğrulanması için tanımlanan ve anlamlı bulunan proteinlerden bazıları seçilerek Western Blot ile analiz edildi. MALDI-TOF/TOF doğrulanması için anti-SOD2 antikor, LC-MS/MS verilerinin doğrulanması için Anti-EPB41, Anti-BPI, Anti-Cytochrome b ve Anti- PNP monoklonal antikorları kullanıldı. Tüm antikorlar

için housekeeping gen olarak β -aktin kullanıldı ve buna göre normalizasyon sağlandı (Şekil 4.19).

Western Blot sonucunda elde edilen bantların kantitasyon analizleri ImageJ yazılımı kullanılarak hesaplandı. Eş zamanlı olarak β -aktin bantları da analiz edilerek normalizasyon yapıldı. Ek olarak, her bir blotlama en az üç kez tekrarlandı ve GraphPad Prism programı ile istatistik hesaplaması yapıldı.



Şekil 4.19. Çalışma gruplarının Western Blot doğrulama analizi

5. TARTIŞMA

IGLM, çoğunlukla üreme çağındaki kadınlarda görülen bir meme hastalığıdır. Hastalığın karakterizasyonuna dair çalışmalar bulunsa da etiyolojisi halen tam olarak bilinmemektedir. IGLM'nin bakteriyel enfeksiyon sonucu meydana geldiğini belirten çalışmaların sayısı azımsanmayacak düzeyde olmasına rağmen IGLM, mastit sınıflandırmalarından enfeksiyöz olmayan mastit olarak tanımlanmaktadır (Kamal ve ark., 2009). Öte yandan, hastalık semptomları arasında apse etrafında sıvı birikmesi sonucu oluşan ödemden dolayı IGLM'nin inflamasyon ilişkili bir hastalık olabileceği öne sürülmektedir (Limnintart ve ark., 2021). Ancak inflamasyon IGLM ilişkisi yeteri kadar aydınlatılmamıştır. Bunlara ek olarak, IGLM mastit kitlelerin agresif büyümesi, kızarıklık ve ödem oluşumu, hastalığın hızlı ilerlemesi gibi benzer sonuçlardan dolayı IGLM'nin kanser benzeri bir hastalık olduğu da bildirilmektedir. Ancak IGLM'nin kanser ile doğrudan ilişkili olup olmadığına ilişkin ileri çalışmalar ile desteklenmesi gerekmektedir.

Hastalığın klinik bulguları ağrı, kızarıklık, kitle oluşumu, ödem, meme başı çekilmesi vb. olarak sıralansa da hastalığın oluşumunun altında yatan sebepleri veya gelişimini etkileyen faktörleri araştırmaya yönelik moleküler çalışmalar oldukça sınırlıdır (Kaviani ve Vasigh, 2021; Steuer ve ark., 2020). Protein düzeyinde IGLM hastalarından toplanan serum düzeyleri araştırılmıştır (Y.-M. Huang ve ark., 2021), ancak IGLM'yi doku örnekleri ile protein düzeyinde inceleyen bir çalışma bu tez yazıldığı tarihte henüz bulunmamaktadır. Bu anlamda bu tez çalışması IGLM'yi proteom düzeyinde inceleyen literatürdeki **ilk** çalışma olacaktır.

5.1. MALDI-TOF/TOF analiz sonuçlarının değerlendirilmesi

Bu tez çalışmasında IGLM hastalığının doku örnekleri ile protein düzeyindeki ekspresyon farklılıklarının araştırılması için, 15 IGLM hastasından hasta ve kontrol dokuları alınmıştır. Bu doku örnekleri ile IGLM ve kontrol olmak üzere iki deney grubu oluşturulmuştur. Bu grupların protein ekspresyon karşılaştırmaları iki farklı proteomik yaklaşım ile incelenmiştir. Bunlardan ilki olan MALDI-TOF/TOF analizi sonrası iki grup arasında nicel olarak farklılık gözlenen 50 benek jellerden kesilip tanımlanmıştır. Bu

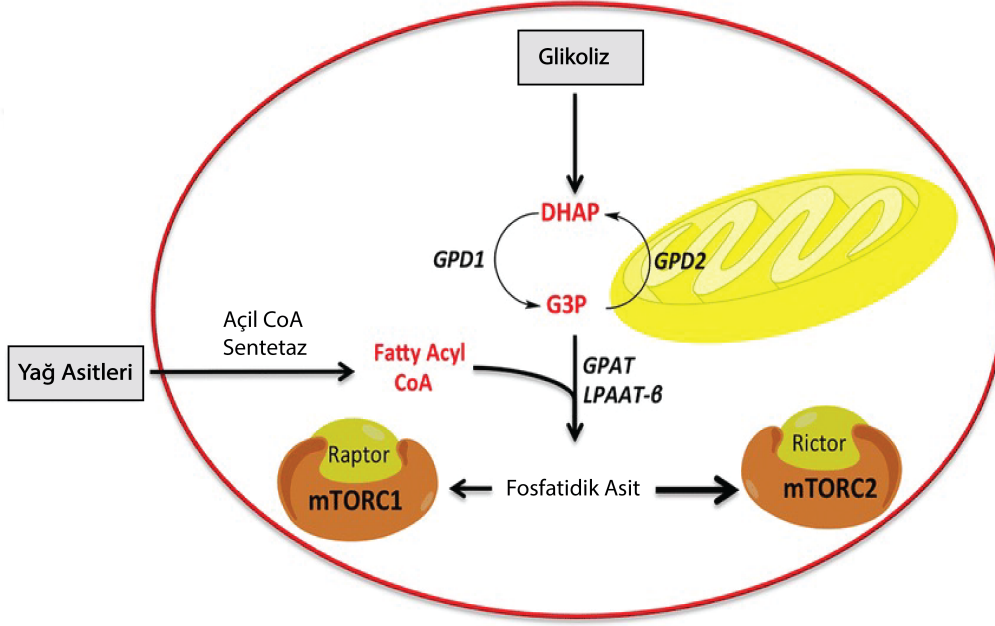
tanımlama sonrası tanımlanan proteinleri büyük bir kısmını kan proteinlerinin (Albumin, Serrotransferrin, Ferritin, Fibrinojen B zincir, Apolipoprotein vs.) oluşturduğu belirlenmiştir (Gianazza, Miller, Palazzolo, Parravicini, & Eberini, 2016). Hastalığın ödem ve kanlı bir doku olması sebebi ile – her ne kadar gerekli uzaklaştırma işlemleri yapılmış olsa da- bu beklenen bir durumdur. Ek olarak hastalığın nüksetmesi görüldüğünden kanser benzeri bir anjiyogenez mekanizmasının varlığı da sorgulanmaktadır. Bu proteinlere ek olarak Peroxiredoxin 1 (PRDX1, 11 kat artış), Peroxiredoxin 2 (PRDX2, 12 kat azalma), Gliserol 3 fosfat dehidrogenaz (GPD1, 8.2 kat azalma), Speroksit Dismütaz (SOD2 12 kat artış) ve L-laktat dehidrogenaz B (LDHB, 2.4 kat azalma) (Tablo 4.2.) proteinlerinin ifadeleri düzenlenmektedir. MALDI analiz sonuçlarında tanımlanan proteinlerin büyük bir çoğunluğu (SOD2 proteini ve PRDX2 hariç) kontrole göre azalan regülasyon göstermiştir. Bu proteinlerin biyoinformatik analizi değerlendirildiğinde elde edilen mekanizmalar IGLM de azalan olarak yorumlanmıştır.

5.1.1. Enerji Metabolizmaları İlişkili Düzenlemeler

Yapılan STRING analizi sonucunda sitrik asit döngüsü ve elektron taşıma sistemi, ATP bağlı proton taşınması ve oksidatif fosforilasyon gibi hücrelere enerji sağlayan mekanizmalarda azalma saptanmıştır. Ancak IGLM hücrelerinin proliferasyon kapasitesi oldukça yüksektir ve enerji ihtiyacı bulunmaktadır. Bu bilgiler ışığında IGLM hücrelerinin kolay enerji üretebilmek için alternatif yolları kullandığı sonucuna varılabilir. IGLM hastalığı sıklıkla meme kanserine benzetildiği için enerji metabolizmaları açısından meme kanseri ile birlikte araştırılmıştır. Bu yollarla görev alan GPD1 ve LDHB proteinlerinin ifadeleri düzenlenmektedir.

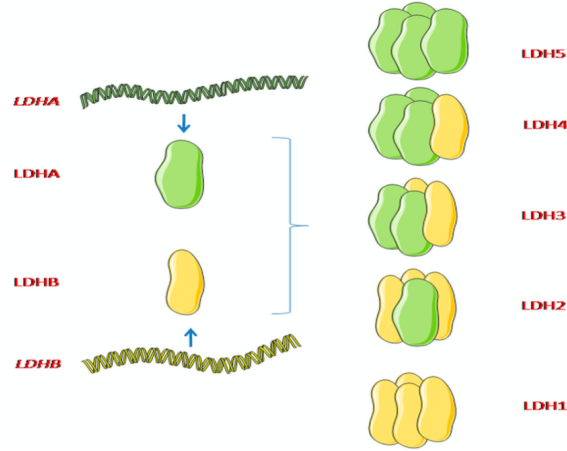
GPD1, glikolizde önemli bir basamak olan dihidroksiaseton fosfat (DHAP)'ın NAHD ile birlikte katalizlenmesi ve gliserol 3 fosfata NAD⁺ ile birlikte dönüştürülmesinde rol oynamaktadır. GPD1 ayrıca yağ metabolizması için de önemli bir basamak oluşturmaktadır (Menon ve ark., 2017) (Şekil 5.1.). GPD1'in yüksek ifadesinin bir terapötik ajan olan metforminin anti-kanser etkisini artırdığı bildirilmiştir (Xie ve ark., 2020). Yöneten ve arkadaşlarının yaptığı çalışmada ise GPD1 5 farklı meme kanseri alt-tipinde kontrole kıyasla düşük ifadelendiği bildirilmiş ve önemli bir biyobelirteç olduğu vurgulanmıştır (YONETEN

ve ark., 2019). Yine bir diğer meme kanseri alt-tipleri ve hücre hatları ile yapılan çalışmada GPD1'in tümör baskılayıcı olarak kabul edilebileceği bildirilmiştir (C. Zhou ve ark., 2017). Bu çalışmada da GPD1 kontrole kıyasla IGLM hastalarında MALDI-TOF/TOF sonuçlarına göre 8.2 kat azalma görülürken LC-MS/MS sonuçlarında 2.33 kat azalma olarak saptanmıştır. Bu düşük ifade hücrenin enerji metabolizması hakkında fikir verirken yüksek proliferasyonla da ilişkilendirilebilir.



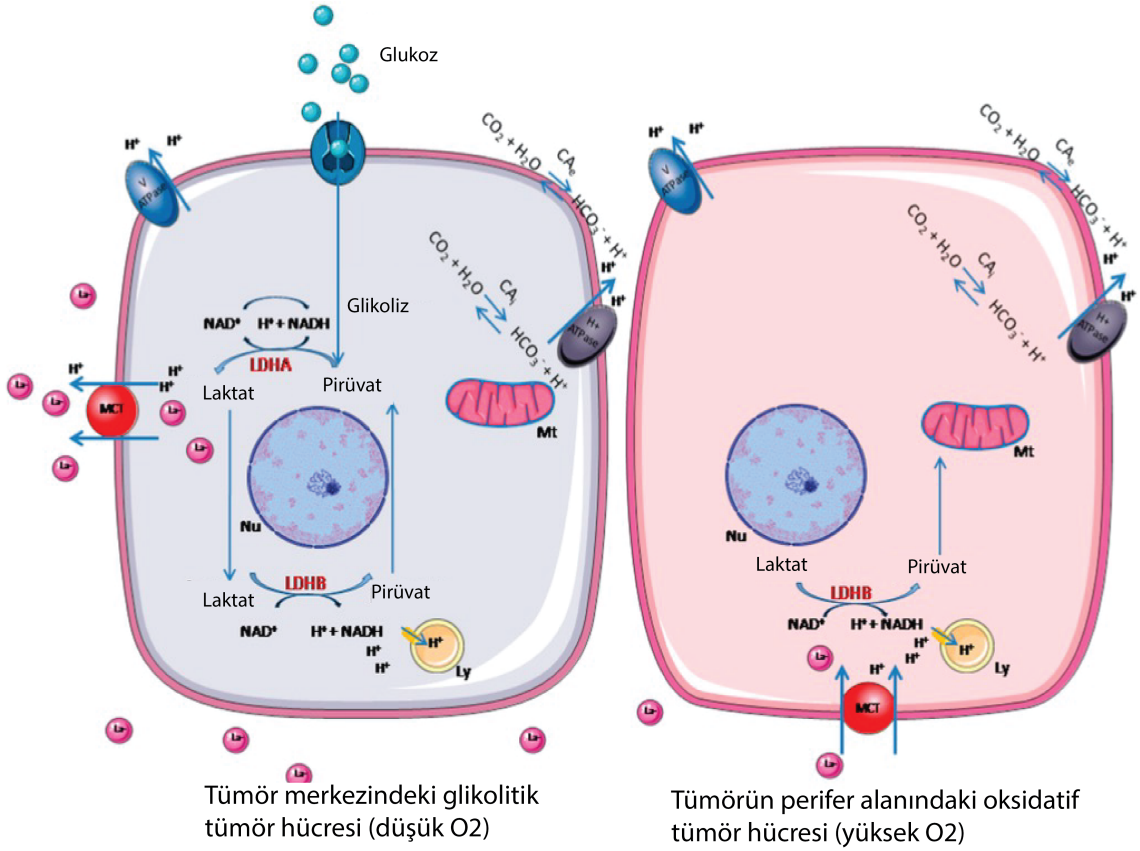
Şekil 5.1. Glikoliz ve yağ metabolizmasında GPD1, (Menon ve ark., 2017)

Bir diğer enerji metabolizmaları ilişkili protein olan LDHB de IGLM'de düşük ifadeli olarak saptanmıştır. LDH proteini LDHA ve LDHB olmak üzere iki farklı protein alt ünitesinden oluşmaktadır. Bu iki proteinin farklı kombinasyonları sonucu 5 farklı tipte LDH proteini meydana gelmektedir; LDH1, LDH2, LDH3, LDH4 ve LDH5 (Şekil 5.2).



Şekil 5.2.LDH enziminin alt üniteleri, (Urbańska ve Orzechowski, 2019)

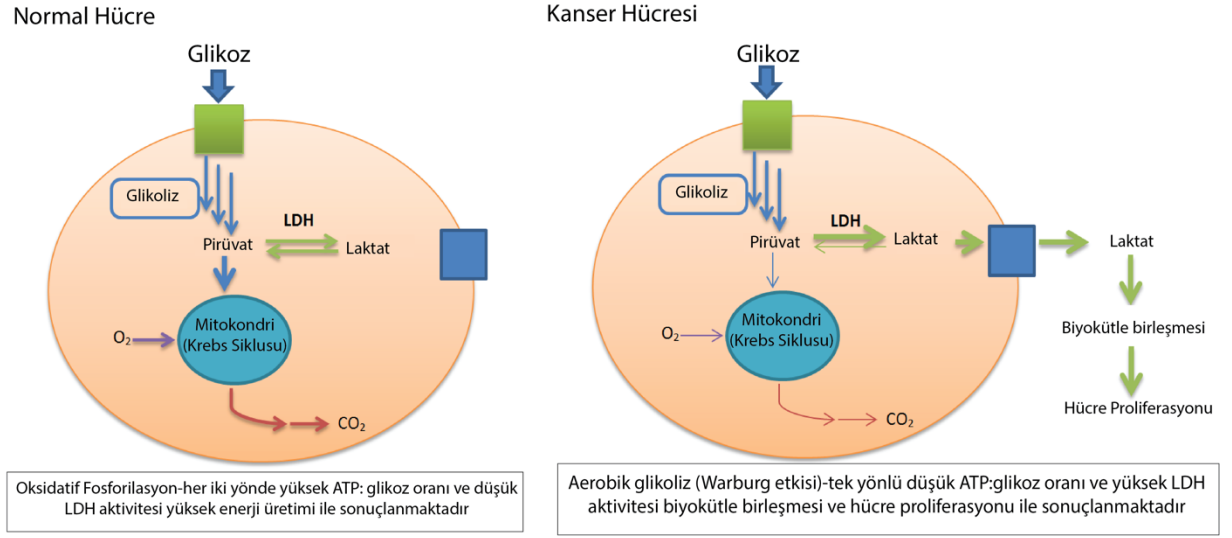
LDH enzimi glikoliz esnasında NADH ile birlikte piruvatın laktata çevrilmesinden sorumludur. Bu fonksiyon hem LDHA hem de LDHB için geçerlidir. Farklı kanser türlerinde bu iki protein de çalışıldığında LDHA'nın birçok kanser tipinde benzer şekilde yüksek eksprese olduğu gözlemlenirken bu durum LDHB için değişkendir (Mohammad, Damink, Malago, Dhar, & Pereira, 2016). LDHB, bazı kanser tiplerinde promotörün asetillenmesi sonucu susturulurken bazı tiplerde ise yüksek ifade olmaktadır. LDHB ifadesi aerobik glikolize bağlı olarak değişmektedir (McClelland ve ark., 2012; Sun ve ark., 2015; Urbańska ve Orzechowski, 2019). Buna göre oksijen azlığı olan tümörlerde daha çok anaerobik glikolizasyon ile birlikte her iki proteinde aktif çalışırken oksijen bolluğu olan oksidatif tümörlerde daha çok LDHB kullanımı görülmektedir (Urbańska ve Orzechowski, 2019)(Şekil 5.3). Bizim çalışmamızda LDHA 2.25 kat artarken (LC-MS/MS sonuçları) LDHB 2.5 kat azalıyor (MALDI-TOF/TOF sonuçları) görülmektedir. Bu bilgiler ışığında IGLM hücreleri kanser hücrelerinin hipoksik ortamda davrandığı gibi davrandığı sonucuna varılmaktadır.



Şekil 5.3. LDHA ve LDHB enzimlerinin oksijene bağımlı tümör alanındaki davranışları, (Urbańska ve Orzechowski, 2019)

Bu proteinlerin regülasyonu IGLM hücrelerinde sağlıklı hücrelere kıyasla farklı enerji metabolizmalarının etkin olduğunu göstermektedir. Enerji üretimi için sağlıklı hücrelerde kullanılan ve çok daha verimli ATP üretimi sağlanan glikoliz yolağının yanı sıra piruvat-laktat yolağının aktif olması kanser hücrelerinde kabul gören Warburg Hipotezi'ni aklı getirmektedir. 1924 yılında Dr. Otto Warburg tarafından ortaya atılan “Warburg Hipotezi”ne göre kanser hücreleri çok daha verimli ATP üretebileceği oksidatif fosforilasyon yolağı yerine aerobik glikoliz ile ATP üretimini sağlamaktadırlar (Şekil 5.4). Tümör gibi proliferasyon kapasitesi yüksek olan hücrelerde glikozun hızlı tüketimi sonucu oksijen varlığında dahi laktat birikimi olur. Bu fenomen aerobik glikolizasyon olarak adlandırılır. Bu tercihin sebebi henüz tam olarak bilinmese de uzun vadede hücrenin devamlılığı için yararlı olduğu düşünülmektedir (Liberti ve Locasale, 2016; Warburg, 1925). Glikozun oksidatif fosforilasyonda çok daha fazla ATP ürettiği aşıkardır. Ancak birim zamanda glikozdan laktat

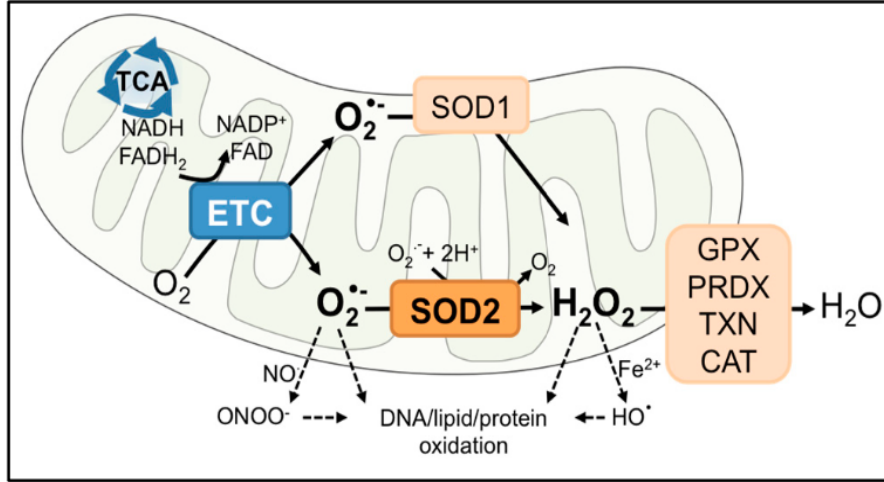
üretimi çok daha hızlı olduğu için proliferatif hücreler bu mekanizmayı tercih ediyor olabilir. IGLM, hastalığı da hızlı büyüyen kitle oluşumu ile karakterize olduğundan kanser hücreleri ile benzer mekanizmaları tercih ettikleri söylenebilir.



Şekil 5.4. Kanser hücrelerindeki Warburg Hipotezi ve kullanılan enerji yollarının gösterimi (Commons, 2020)

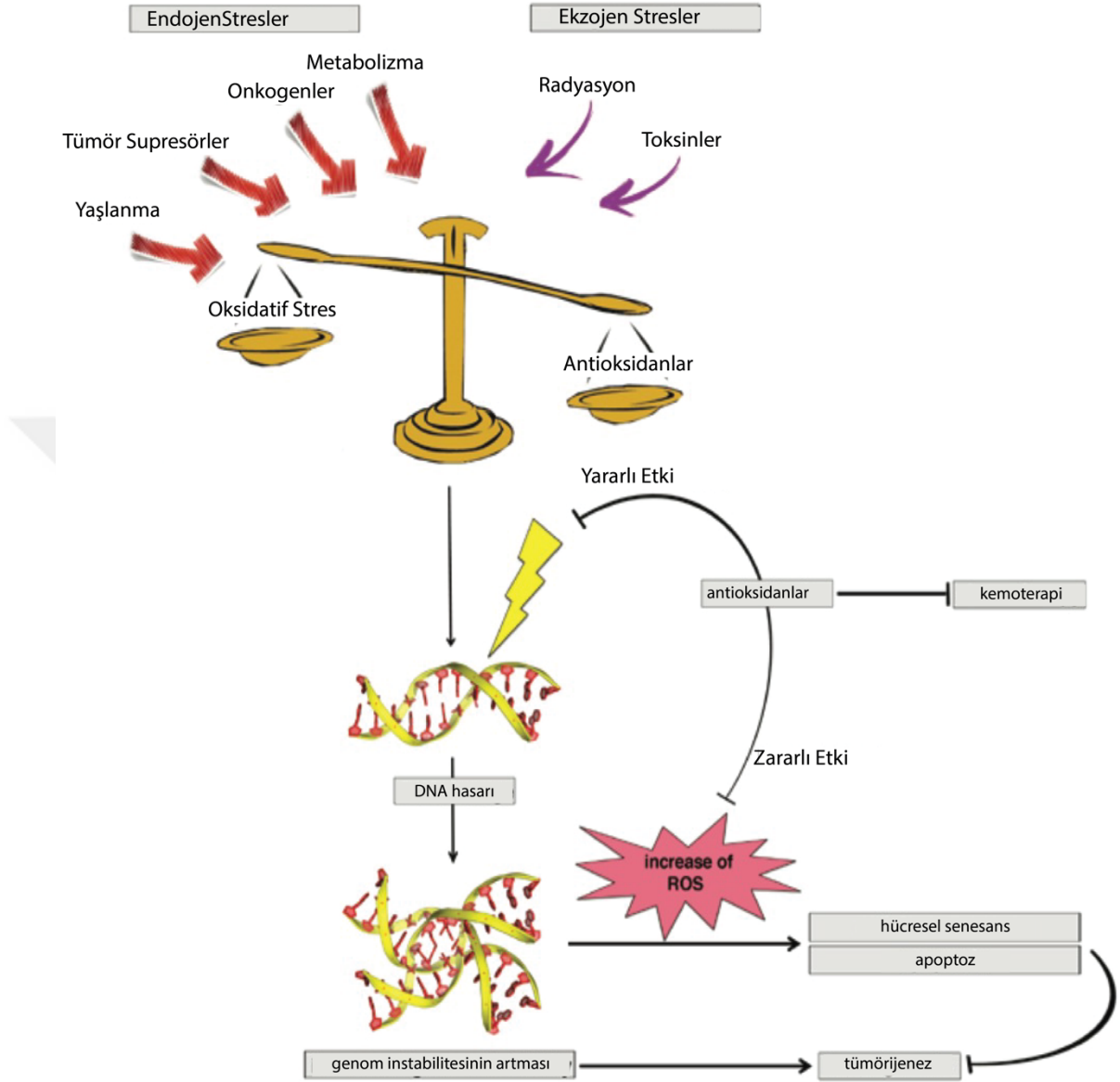
5.1.2. Detoksifikasyon Mekanizmaları İlişkili Proteinler

MALDI-TOF/TOF analizi sonrası STRING analizi sonucu elde edilen sonuçlardan bir diğeri ise süperoksit radikallerinin kaldırılması ve hücre detoksifikasyonu mekanizmalarıydı. Aerobik hücrelerde mitokondrideki oksidatif fosforilasyon sonucu reaktif oksijen türlerinin (ROS) birikimi uzun vadede hücreye zarar vereceğinden apoptoz mekanizmaları tetiklenmektedir. Bu sebeple hücreler koruyucu mekanizma olarak reaktif oksijen türlerinin dönüştürülmesi ile redoks dengesi sağlayarak savunma mekanizmaları geliştirmişlerdir. Bunun için mitokondriyel zarlar arası boşlukta ve matrikste antioksidan enzimleri; SOD (SOD1 ve SOD2), PRDX, thioredoxin (TXN2), glutathione peroxidase (GPX1) bulunmaktadır (Y. S. Kim, Vallur, Phaëton, Mythreye, & Hempel, 2017) (Şekil 5.5). Bu proteinlerden SOD2 (12 kat artış), PRDX1 (11 kat artış) ve PRDX2 (12 kat azalma), bu çalışmada IGLM hücrelerinde ifadeleri düzenlenenler olarak belirlendi.



Şekil 5.5.Hücresel antioksidan enzimlerinin çalışma mekanizması, (Y. S. Kim ve ark., 2017)

Antioksidan proteinlerin hücrelerdeki rolü değerlendirildiğinde özellikle tümörijenenez açısından zıt etkileri görülebilmektedir. Şekil 5.6’da da belirtildiği gibi bu proteinlerin yararlı etki olarak reaktif oksijen türlerini azaltarak oksidatif DNA hasarına ve genomik kararsızlığa karşı hücreleri korurken tümör oluşumunu hızlandırıp, proliferasyonu artırarak yaşlanma veya apoptotik süreçleri inhibe ederek zararlı etkiye sahip olabilirler. Bu sebeple bu proteinlerin farklı tümörlerde davranışları farklı olabilir. Moleküler hedefleme yapılırken de bu etkiler göz önünde bulundurulması gerekmektedir (Nicolussi, D’Inzeo, Capalbo, Giannini, & Coppa, 2017).



Şekil 5.6. Antioksidan proteinlerin iki yönlü davranışları, (Nicolussi ve ark., 2017)

Bu proteinlerden SOD2 hücrede toksik süperoksitin H_2O_2 'ye dönüştürülmesinden ve dolayısı ile hücredeki ROS temizlenmesinden sorumludur. Bu etki hücrelerde koruyucu etkiye sahiptir. Ancak tümör hücrelerinde SOD2 enzimi iki taraflı davranarak hem tümör baskılayıcı hem de onkogen davranışı sergileyebilmektedir. Bunun sebebi SOD2 geni diğer onkogen veya tümör baskılayıcı genlerin aksine tamamen mutasyona uğramamakta, kaybolmamakta ya da amplifiye olmamaktadır. Bu da genin dışardan gelen uyarana göre davranması ile sonuçlanmaktadır. Burada gen aktivasyonunda görev alan transkripsiyon faktörleri önem arz

etmektedir. Kanserde SOD2 enziminin hücre koruyucu etkisi sebebi ile yüksek ifadelerinde de hücre büyümesini yavaşlattığından tümör baskılayıcı olarak kabul edilirken düşük ifadeleneğinde ise ROS birikimi artacağından tümörigenez arttığından onkogen olarak da kabul edilmektedir. IGLM hastalığında ise MALDI-TOF/TOF sonuçlarında değişken olmayan bir ifade gözlemlenirken (0.7 kat <2 kat önemli aralık değil), LC-MS/MS sonuçlarında bu oran 12 kat artış olarak saptanmıştır. Bu artış hücrelerin proliferasyon kapasitesi yüksek olduğundan artan ROS üretimi ile SOD2 enzimin aktif kullanımı olarak yorumlanabilir.

Peroksiredoksinler altı protein ailesinden oluşan ve hücrede redox düzenlenmesi ve antioksidan korumadan sorumlu proteinlerdir. SOD proteinlerine benzer şekilde peroksitleri katalizleyerek hücrede H_2O_2 dengelenmesinden sorumlulardır (Cao ve ark., 2009). Kanserde bu proteinler hedeflenebilecek proteinler olarak literatürde sunulmuştur. Burkitt lenfomada PRDX1 ve PRDX2 birlikte yüksek ifadeli olarak görünürken, meme kanserinde sadece PRDX1 yüksek bulunmuştur (O'Leary ve ark., 2014; Trzeciecka ve ark., 2015). Bir diğer çalışmada ise meme kanserinde PRDX1'in oksidatif stresi azalttığı için hedeflenmesi gerektiği vurgulanmıştır (Bajor ve ark., 2018). Yine antioksidan proteinlerin iki yönlü davranışlarından dolayı PRDX proteinleri de farklı tümörlerde farklı etki göstermektedirler. Bu protein ailesinden PRDX1 ve PRDX2 hem tümör baskılayıcı hem de tümör arttırıcı etki gösterebilirken diğer dört PRDX proteinleri tümörde çoğunlukla tümör arttırıcı etki göstermektedirler. Bu çalışmada ise proliferasyon kapasitesi oldukça yüksek olan IGLM hücrelerinde PRDX1 proteininde 11 kat artış gözlemlenirken PRDX2 proteininde ise 12 kat azalma gözlemlenmiştir. SOD2 proteinin de ifadesindeki artış sebebiyle antioksidan proteinlerin hücre koruyucu etkisinde genel olarak artış olduğu söylenebilir. Ayrıca bu iki yönlü davranışları sebebiyle hücrelerin proliferasyon kapasitesi artarken hücre koruyucu etkiyi de korudukları sonucuna varılabilir.

5.2. LC-MS/MS Sonuçlarının Değerlendirilmesi

LC-MS/MS analizi IGLM ve kontrol dokularından elde edilen protein örneklerinin solüsyon içi kesim yapılarak kütle spektrometresiyle değerlendirilmesi ile yapıldı. Elde edilen veriler ile protein tanımlaması yapıldığında etiketsiz kantitasyon metodu ile gruplar arası karşılaştırma yapıldı. Analiz sonucu 1477 ana protein ana protein tanımlandı. Bu proteinler

arasında ise gruplar arası istatistiksel olarak anlamlı kabul edilen proteinler belirlendi. Anlamlı aralık olarak öncelikle 2 kat ve üzeri ve 0.5 kat ve altı belirlendiğinde 482 protein anlamlı bulundu. Anlamlı olarak kabul edilen proteinler, gruplar içi ve gruplar arası protein profil farklılığını görsel olarak sunabilmek için heatmap analizine tabi tutuldu. Şekil 4.14'te görülen dendrogram ile kontrol ve hasta gruplarının birbirlerinden tamamen farklı bir protein profili sergilerken grup içi replikaların da oldukça tutarlı olduğu görülmektedir. Ayrıca şekilde yukarı ve aşağı ifadelenen proteinler de yatay blokta net bir şekilde ayırım gösterdi. Bu analiz ileri analizler öncesi elimizdeki verinin güvenilirliğini görsel olarak bizlere sunmaktadır.

Biyoinformatik analizlerin tarama aralıklarını daraltarak daha anlamlı sonuçlar elde etmek adına kat artış aralığı 10 kat artış ve 0.1 kat azalış olarak daraltıldı ve bu kez tanımlanan protein sayısı 60 olarak belirlendi (56 yukarı-ifadelenen ve 4 aşağı-ifadelenen). (Tablo 4.3.). Biyoinformatik analiz programları ile değerlendirme yapılırken bu 60 protein değerlendirildi.

5.2.1. Bağışıklık Sistemi ile İlişkili Proteinler

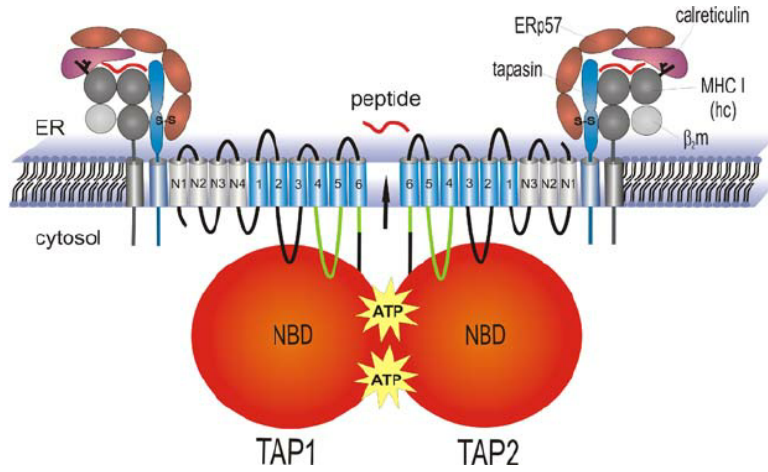
IGLM hastalığı inflamatuvar bir yanıt oluşturduğu için bağışıklık sistemi ile ilişkili proteinlerin regülasyonu beklenen bir sonuçtur. Literatürde bu çalışmaya benzer, Zhu ve arkadaşları üç IGLM hastasından elde edilen dokularda RNA analizi yapmıştır. Bu çalışmada, 12.115 mRNA analiz edildi ve 207 mRNA'nın (136 yukarı ifadelenen ve 71 aşağı ifadelenen) kontrollere kıyasla IGLM'de düzenlendiği bulundu. Bunlar arasında 40 mRNA'nın bağışıklık sistemi ile ilgili olduğu bulundu. Ek olarak bu çalışmada, meme kanseri mRNA veri tabanlarında ifadesi düzenlenen mRNA'lar da araştırıldı ve 19 mRNA yaygın olarak ifadesi düzenlenen bulundu. 19 mRNA'nın ilk 5'i, belirtilen çalışmada MUCL, AP1M2, S100A1, MMP9 ve CYP27B1 idi. Bunların arasında, S100A1 ve MMP9'un, kontrollere kıyasla IGLM'de S100A1'in aşağı ifadelenmesi ve MMP9'un yukarı ifadelenmesiyle aynı eğilimde, sonuçlarımızda da düzenlendiği bulundu (Zhu ve ark., 2021).

60 ifadesi düzenlenen protein STRING analizi ile değerlendirildiğinde bu proteinlerden 16 protein bağışıklık sistemi ile ilişkili bulundu. Bunların içinde 5 protein, PNP, TAP1, ITGAL, PRKDC ve PTPRC, kombine immün yetmezlik ile ilgiliydi. Literatürde bu proteinlerin fonksiyon kayıpları immün yetmezlikle ilişkilendirilmiştir. Bu çalışmada ise bu proteinlerde yüksek ifadelenme saptanmıştır. IGLM hastalığı inflamatuvar bir hastalık

olduğundan, bu hastalıkta immün yanıtın bu kadar artmasında bu proteinlerin etkin olabileceği düşünülmektedir. Bu sebeple bu 5 protein detaylı araştırılmıştır.

PNP, pürin eldesi yolağında anahtar bir enzimdir. PNP ekspresyonundaki eksiklik, ciddi kombine immün yetmezliğe (SCID) neden olur (Torun ve ark., 2022). PNP eksikliği, T hücresi immün yetmezliğine yol açtığından, T hücresi immün yetmezliğini simüle etmek için BCX-1777 gibi PNP inhibitörleri kullanılmaktadır (Bantia ve ark., 2001). Ek olarak, lösemi gibi çoğu tümörde PNP seviyeleri yükseldiğinden, lösemiye tedavi etmek için forodesin gibi PNP inhibitörleri kullanılmaktadır (Balakrishnan, Nimmanapalli, Ravandi, Keating, & Gandhi, 2006). Bu çalışmada kontrollere kıyasla IGLM dokularında PNP seviyesinde artış gözlenmiştir (11,67 kat). IGLM’de immün tetiklenmesinde PNP’nin rolü olduğu düşünülmektedir. Bu sebeple hastalık için moleküler bir hedef olarak seçilebilir. Ayrıca IGLM’de forodesin gibi PNP inhibitörlerini kullanarak hem bu enzimin yolağı hem de hastalık gelişimindeki rolü aydınlatılabilir.

Peptid yükleme kompleksi (PLC), TAP (TAP1 ve TAP2), ERp57, MHC-I heterodimer ve şaperonlar tapasin ve kalretikülin dahil olmak üzere yedi farklı proteinden oluşan çok alt birimli bir protein kompleksidir (Şekil 5.7). Bu kompleks, özellikle enfekte veya habis hücrelere karşı bağışıklık tepkisinin oluşumunda önemli bir rol oynar (Blees ve ark., 2017). Bu araştırmada Tapasin, TAP1 ve kalretikülin, kontrol dokularına kıyasla IGLM dokularında yüksek bulunmuştur (sırasıyla 1000 kat, 40,524 kat ve 3,5 kat). TAP1 geninin fonksiyon kaybı, yapılan bir çalışmada insan immün yetmezlik virüsü ve tüberküloz ko-enfeksiyonu ile ilişkilendirilmiştir (Sunder, Hanumanth, Gaddam, Jonnalagada, & Valluri, 2011). PLC kompleksindeki bu proteinlerdeki önemli artışlar, IGLM’nin enfeksiyon kaynaklı olduğu görüşünü destekleyebilir veya IGLM’nin kötü seyri ile ilişkilendirilebilir.



Şekil 5.7. Peptit yükleme kompleksinin yapısı (Herget ve Tampé, 2007)

Diğer immün yetmezlikle ilişkilendirilen proteinler ITGAL ve PTPRC'dir (sırasıyla 1000 kat ve 11,6 kat). PTPRC (CD45), T hücresi aktivasyonu için reseptör aracılı bir protein görevi görürken, ITGAL (CD11A), hücresel yapışma ve CD4⁺ T hücreleri ile diğer hücreler arasındaki etkileşimler için sinyalleme için bir ICAM reseptörü olarak işlev görür (Wang ve ark., 2014). Twigger ve arkadaşlarının yaptığı çalışmada, mastitisli hastalardan insan sütü toplanmıştır ve kontrollere kıyasla mastit örneklerinde hem RT-PCR hem de akış sitometrisi analizinde PTPRC ve EPCAM düzeylerinin yukarı ifadelendiği bulunmuştur (Twigger, Küffer, Geddes, & Filgueria, 2018). Diğer çalışmada ise erişkin bir koyun hastalığı olan ve semptomlarında mastit lezyonları gözlemlenen Visna/Maedi'nin akciğerlerinden örnekleri çalışılmıştır. Daha sonra, toplanan dokuların RNA'larından mikroarray ve RT-PCR gerçekleştirilmiştir. CTLA4, TLR8, SAMHD1, ITGAL ve STAT1'in yukarı ifadelendiği saptanmıştır (Abendaño ve ark., 2021). Bu iki proteinin ekspresyon seviyelerindeki yükselme, IGLM dokularında T hücresi aktivasyonu olduğunun göstergesi olarak kabul edilebilir. Bu ekspresyon yükselmeleri, hastalıklı dokuda şiddetli inflamasyon ve immün yanıtın varlığı ile ilişkili olabilir.

PRKDC ise DNA çift sarmal tamir mekanizmasına katılan ve otoimmün düzenleyici (AIRE) için transkripsiyon faktör olarak görev alan bir proteindir. SCID hastalarının karakterize edildiği çalışmada, PRKDC proteinindeki eksikliğin diğer 20 proteinle birlikte immün baskılanma ile ilişkili bulunmuştur. Bu çalışmada ayrıca primer immün yetmezliklerin son aşamalarında granülom oluşumu, tekrarlayan enfeksiyonlar ve otoimmünite ile

sonuçlanabileceği belirtilmektedir (Mathieu ve ark., 2015). Bu çalışmada, PRKDC, IGLM dokularında (1000 kat) yukarı ifadelendiği gösterilmiştir. Bu nedenle, IGLM oluşumunda, bağışıklıktaki rolü nedeniyle bu genin aşırı ekspresyonunun rol oynayabileceği düşünülmektedir.

IGLM'nin inflamasyon ile ilişkili olduğu açıktır ancak hangi mekanizmaların bu sonuca neden olduğu henüz belirsizliğini korumaktadır. Yukarıda tartışılan ve IGLM örneklerinde ekspresyonunun arttığını tespit ettiğimiz beş protein, bağışıklık sistemi ve inflamasyon için gereklidir. Bu proteinler, hangi hücresel mekanizmaların bağışıklık sistemini tetiklediğini ve diğer hangi proteinlerin inflamasyon ile ilişkili olduğunu aydınlatmak için hedef olarak kullanılabilir. Pek çok çalışma mikrobiyal enfeksiyonun, IGLM'de immün sistemi uyardığı sonucuna varılsa da, bu çalışmada elde ettiğimiz bağışıklıkla ilgili proteinler, enfeksiyonda rol oynayan moleküler mekanizmaları aydınlatmaya aday olabilir.

5.2.2.IGLM ve Kanser İlişkili Proteinler

IGLM de kanser benzeri bir hastalık olarak kabul edildiğinden sonuçlarımızı bu perspektiften de tartıştık. Diferansiyel olarak düzenlenmiş 60 protein ayrıca DAVID Biyoinformatik Veri Tabanı Analizine tabi tutuldu. Bu analizde, GAD Hastalık Sınıfı, bu 60 proteinden 20'sini kansere yönlendirdi (Ek-5). Daha önce bağışıklık ile ilişkili olduğunu saptadığımız iki protein olan TAP1 ve PRKDC'nin de DAVID analizi ile kanserle ilişkili proteinlerden olduğu tespit edildi.

Daha önce de belirttiğimiz gibi, IGLM dokularımızda kontrollere kıyasla TAP1 ve PRKDC ekspresyon seviyeleri arttı. Blees ve arkadaşları tarafından yapılan bir araştırma, Tap1'in aşırı ekspresyonunun meme kanserinde kötü prognoz ve düşük sağkalım oranı ile ilişkilendirilmektedir (Blees ve ark., 2017). Benzer şekilde, bulgularımızla uyumlu olarak, yüksek PRKDC ekspresyonu, meme kanseri hastalarının kötü sağ kalımıyla da ilişkili bulunmuştur (Zhang ve ark., 2019). Bulgularımızda gözlenen TAP1 ve PRKDC'deki bu artışlar henüz IGLM'yi meme kanseri ile doğrudan ilişkilendirmese de her iki hastalığın altında yatan benzer moleküler mekanizmaların olabileceğini göstermektedir. Ek olarak, daha önce belirtildiği gibi, sonuçlarımızda IGLM dokularında ITGAL, PTPRC ve PNP protein seviyelerinin yukarı ifade edildiği bulundu. ITGAL geni çoğunlukla hipermetiledir ve çeşitli

tümörlerde yüksek edildiği bildirilmiştir (Richardson ve Yung, 1999). Farklı şekilde eksprese edilen PTPRC proteininin meme kanseri lenf nodu metastazı ile ilişkili olduğunu gösteren çalışmalar da bulunmaktadır (J.-Y. Kim ve ark., 2020; Xu ve ark., 2021). Son olarak, PNP proteininin de tümörde yüksek ifadelendiği daha önce bahsedilmiştir. İmmün yetmezlik ile ilgili bulunan proteinlerin kanserle de ilişkisi var gibi görünmektedir. Bu sonuç, bu proteinleri, ödem, meme başı akıntısı ya da ağrı gibi inflamasyon ile ilgili semptomları veya agresif büyüme veya nüksetme gibi kansere benzer semptomları azaltmak için IGLM'ye moleküler hedefler olarak sunabilir.

5.2.3. Nötrofil Degranülasyon İlişkili Proteinler

STRING analizine sonuçlarına göre, IGLM dokularında lökosit aktivasyonu ve nötrofil degranülasyon süreçleri düzenlendiği görülmektedir. Nötrofiller kısa ömürlü ve çoğalmayan ancak kanser hücreleri gibi infiltre edici hücreler olduklarından, nötrofillerin tümör metastaz sürecine katkıda bulunabileceği belirtilmektedir (Mollinedo, 2019). Sonuçlarımızda nötrofil granüllerinin birincil granülü olan azurofil granül ile ilgili proteinler yukarı ifadelendiği tespit edilmiştir. Bu proteinler Myeloperoksidaz (5.95 kat), Azurocidin (5.8 kat), Laktoferrin (7.45 kat), fosfolipaz (1000 kat) ve Bakterisidal geçirgenliği artırıcı protein -BPI (29,76 kat) idi. Bu sonuçlar ışığında IGLM'deki immün sistem tetiklenmesinde nötrofilik azurofil granüllerinin anahtar olabileceği düşünülmektedir. Bu hücrelerin infiltrasyon özellikleri sayesinde IGLM'de kanserdeki metastaz benzeri yapının var olabileceği ve hatta nüksetmeden sorumlu olabileceği hipotezlerimiz arasındadır.

5.2.4. IGLM ve İnsülin İlişkisi

Biyoinformatik analiz sonuçlarımız ayrıca IGLM'de yukarı ifadelenen proteinlerden 8 tanesinin (Şekil 4.16'da kırmızı olarak gösterilen proteinler) insülin cevabı oluşumu ile ilişkili olduğunu göstermektedir. Literatür taraması yapıldığından IGLM ile insülin seviyeleri arasındaki ilişkiyi gösteren bir çalışma henüz bulunmamaktadır ancak inflamasyon ile insülin arasında bir bağlantı olduğu belirtilmektedir (Shoelson, Lee, & Goldfine, 2006). Obezitede sistemik insülin direnci ile birlikte inflamasyon tetiklenir ve bu hastalar inflamasyona bağlı hastalıklara çok daha yatkındır (Luca ve Olefsky, 2008; Shoelson, Herrero, & Naaz, 2007). IGLM inflamasyonla ilişkili bir hastalık olduğundan, bunun altında yatan mekanizmalar bu

hastaların insülin seviyeleriyle alakalı olabilir. IGLM'nin insülin direnci nedeniyle oluştuğu ve insülin düzeyindeki değişikliklerle hastalığın önlenebileceği speküle edilebilir.

Son olarak, PANTHER analizi sonuçları değerlendirildiğinde, hücresel yanıt oluşturan ve metabolik reaksiyonları etkileyen bir uyarının olduğu görülmektedir. Bunun bir sonucu olarak, katalitik ve bağlanma aktiviteleri yukarı ifadelenebilir ve bir immün yanıt tetiklenmektedir. Bu değişiklikler bir bütün olarak hücresel süreçleri etkiliyor ve hücresel düzeyde anormallikler oluşturuyor gibi görünmektedir. Bununla birlikte, bu dış uyarıların neler olduğu ve hangi hücresel yolların öncelikle değişikliğe uğradığı açıklığa kavuşturulmalıdır.

6. SONUÇ ve ÖNERİLER

IGLM, semptomatik olarak inflamatuvar hastalık olarak seyretse de birçok çalışmada kanser-benzer olarak karakterize edilmektedir. Hastalığın nasıl meydana geldiği ve prognozunun nelerden etkilenecek ilerlediği henüz tam olarak anlaşılamamıştır. Klinik veriler ve görüntüleme yöntemleri ile teşhisi netleşmeye başlamış olsa da moleküler alt yapısı, hastalığa neden olan gen-protein değişimleri literatürde henüz aydınlatılmamıştır. Bu çalışmada IGLM hastalığında kontrol dokulara kıyasla değişime uğrayan proteinler ve bunların ilişkili olduğu hücresel ve moleküler yollar aydınlatılmaya çalışılmıştır.

IGLM, hastalık oluşumu ve seyri açısından kanser prognozuna benzemektedir. Bununla birlikte, bu benzerliğin altında yatan moleküler mekanizmalar bilinmemektedir. İkinci olarak, IGLM'nin bağışıklıkla ilgili olup olmadığı veya mikrobiyal enfeksiyon sonrası bir neden olup olmadığı açık değildir. Bu araştırmada bulunan ve ifadesi düzenlenen proteinler arasında bağışıklıkla ilgili proteinler bulunmaktadır. Bu proteinlerin IGLM ile ilişkili olduğu açıktır ancak sadece regülasyonları göz önünde bulundurarak, hastalığın inflamasyon ile ilişkisi hakkında bir sonuca varmak zordur. Bunun nedeni, IGLM hastalığı oluşuktan sonra bağışıklık sisteminin tepki olarak inflamasyonu tetiklemiş olması da olasıdır. IGLM'nin kanser benzeri veya iltihaplanma ile ilgili bir hastalık olup olmadığını ortaya çıkarmak için daha ayrıntılı analizlere ihtiyaç vardır. Ek olarak, lökositler aktive olmuş gibi görüldüğü ve nötrofil degranülasyonu yükseldiği için, bu bağışıklık sistemi modulatorleri ile IGLM oluşumu, agresifliği veya nüksetmesi arasında bir bağlantı olabilir.

Öte yandan, IGLM hücrelerinde insüline hücresel yanıtın arttığı, bu mekanizma ilgili proteinlerin ifadelerinin düzenlendiğinin tespiti ile belirlenmiştir. İnsülin, inflamasyon ve IGLM oluşumu arasındaki doğrudan ilişkiyi ortaya koymak için, IGLM hastalarının insülin düzeylerinin daha büyük verilerle yürütülmesi gerekmektedir. Ayrıca, obezite veya Diabetes Mellitus gibi insüline bağlı hastalıklar IGLM popülasyonlarında araştırılarak bu hastalıklara sahip hastaların IGLM eğilimi de olup olmayacağı hakkında fikir edinilebilir.

Bu çalışma ile hastalığın oluřum ve ilerlemesi ile ilgili olabilecek proteinler tespit edilerek sunulmuřtur. Bu mekanizmaların aydınlatılabilmesi iin bu alıřma ileri alıřmalara temel niteliğinde veri sunacaktır. Ek olarak one srlen bu proteinler hastalığın ileri arařtırılabilmesi iin olası molekler hedefler olarak literatre kazandırılmıştır. Bu tez kapsamında ilk defa IGLM hastalığı ile iliřkisi olduėu gsterilen proteinler, IGLM'nin tanı, prognoz ve tedavisi iin kullanılabilecek potansiyel hedef molekllerdir. Bu molekllerin klinik uygulamaları olabilmesi iin ok merkezli, ok disiplinli ve daha kapsamlı alıřmalara ihtiya vardır.



7. KAYNAKLAR

- Abendaño, N., Esparza-Baquer, A., Bernales, I., Reina, R., Andrés, D. de, & Jugo, B. M. (2021). Gene Expression Profiling Reveals New Pathways and Genes Associated with Visna/Maedi Viral Disease. *Animals: An Open Access Journal from MDPI*, 11(6), 1785. Retrieved from <https://doi.org/10.3390/ani11061785>
- Aghajanzadeh, M., Hassanzadeh, R., Sefat, S. A., Alavi, A., Hemmati, H., Delshad, M. S. E., (2015). Granulomatous mastitis: Presentations, diagnosis, treatment and outcome in 206 patients from the north of Iran. *The Breast*, 24(4), 456–460. Retrieved from <https://doi.org/10.1016/j.breast.2015.04.003>
- Akbulut, S., Arikanoğlu, Z., Senol, A., Sogutcu, N., Basbug, M., Yeniaras, E., & Yagmur, Y. (2011). Is methotrexate an acceptable treatment in the management of idiopathic granulomatous mastitis? *Archives of Gynecology and Obstetrics*, 284(5), 1189–1195. Retrieved from <https://doi.org/10.1007/s00404-010-1825-2>
- Aksan, H., Kundaktepe, B. P., Sayili, U., Velidedeoglu, M., Simsek, G., Koksall, S., ... (2020). Circulating miR-155, let-7c, miR-21, and PTEN levels in differential diagnosis and prognosis of idiopathic granulomatous mastitis and breast cancer. *BioFactors*, 46(6), 955–962. Retrieved from <https://doi.org/10.1002/biof.1676>
- Al-Khaffaf, B., Knox, F., & Bundred, N. J. (2008). Idiopathic Granulomatous Mastitis: A 25-Year Experience. *Journal of the American College of Surgeons*, 206(2), 269–273. Retrieved from <https://doi.org/10.1016/j.jamcollsurg.2007.07.041>
- Altintoprak, F., Karakece, E., Kivilcim, T., Dikicier, E., Cakmak, G., Celebi, F., & Ciftci, I. H. (2013). Idiopathic Granulomatous Mastitis: An Autoimmune Disease? *The Scientific World Journal*, 2013, 148727. Retrieved from <https://doi.org/10.1155/2013/148727>
- Altintoprak, F., Kivilcim, T., & Ozkan, O. V. (2014). Aetiology of idiopathic granulomatous mastitis. *World Journal of Clinical Cases*, 2(12), 852. Retrieved from <https://doi.org/10.12998/wjcc.v2.i12.852>
- Aydin, I., Kesicioglu, T., Vural, S., Sengul, I., Yilmaz, K., & Sengul, D. (2021). Idiopathic Granulomatous Lobular Mastitis: An Imitation of Breast Carcinoma. *Cureus*, 13(5), e15206. Retrieved from <https://doi.org/10.7759/cureus.15206>
- Bajor, M., Zych, A. O., Graczyk-Jarzynka, A., Muchowicz, A., Firczuk, M., Trzeciak, L., ... (2018). Targeting peroxiredoxin 1 impairs growth of breast cancer cells and potently sensitises these cells to prooxidant agents. *British Journal of Cancer*, 119(7), 873–884. Retrieved from <https://doi.org/10.1038/s41416-018-0263-y>
- Balakrishnan, K., Nimmanapalli, R., Ravandi, F., Keating, M. J., & Gandhi, V. (2006). Forodesine, an inhibitor of purine nucleoside phosphorylase, induces apoptosis in chronic lymphocytic leukemia cells. *Blood*, 108(7), 2392–8. Retrieved from <https://doi.org/10.1182/blood-2006-03-007468>
- Bani-Hani, K. E., Yaghan, R. J., Matalka, I. I., & Shatnawi, N. J. (2004). Idiopathic granulomatous mastitis: time to avoid unnecessary mastectomies. *The Breast Journal*, 10(4), 318–22. Retrieved from <https://doi.org/10.1111/j.1075-122x.2004.21336.x>

- Bantia, S., Miller, P. J., Parker, C. D., Ananth, S. L., Horn, L. L., Kilpatrick, J. M., ... (2001). Purine nucleoside phosphorylase inhibitor BCX-1777 (ImmuCellin-H)—a novel potent and orally active immunosuppressive agent. *International Immunopharmacology*, 1(6), 1199–1210. Retrieved from [https://doi.org/10.1016/s1567-5769\(01\)00056-x](https://doi.org/10.1016/s1567-5769(01)00056-x)
- Bässler, R. (1997). [Mastitis. Classification, histopathology and clinical aspects]. *Der Pathologe*, 18(1), 27–36. Retrieved from <https://doi.org/10.1007/s002920050193>
- Benson, J. R., & Dumitru, D. (2016). Idiopathic granulomatous mastitis: presentation, investigation and management. *Future Oncology (London, England)*, 12(11), 1381–1394. Retrieved from <https://doi.org/10.2217/fon-2015-0038>
- Blees, A., Janulienė, D., Hofmann, T., Koller, N., Schmidt, C., Trowitzsch, S., ... (2017). Structure of the human MHC-I peptide-loading complex. *Nature*, 551(7681), 525–528. Retrieved from <https://doi.org/10.1038/nature24627>
- Boufettal, H., Essodegui, F., Noun, M., Hermas, S., & Samouh, N. (2012). Idiopathic granulomatous mastitis: a report of twenty cases. *Diagnostic and Interventional Imaging*, 93(7–8), 586–96. Retrieved from <https://doi.org/10.1016/j.diii.2012.04.028>
- Calis, H., & Kilitci, A. (2018). Granulomatous Mastitis Concurrence with Breast Cancer. *European Journal of Breast Health*, 14(1), 58–60. Retrieved from <https://doi.org/10.5152/ejbh.2017.3804>
- Cao, J., Schulte, J., Knight, A., Leslie, N. R., Zagazdzon, A., Bronson, R., ... (2009). Prdx1 inhibits tumorigenesis via regulating PTEN/AKT activity. *The EMBO Journal*, 28(10), 1505–1517. Retrieved from <https://doi.org/10.1038/emboj.2009.101>
- (CDC), C. for D. C. and P. (2009). Idiopathic granulomatous mastitis in Hispanic women - Indiana, 2006–2008. *MMWR. Morbidity and Mortality Weekly Report*, 58(47), 1317–21.
- Commons, W. (2020). File:LDH activity- normal vs canceous cells.png. Retrieved August 25, 2022, from https://commons.wikimedia.org/w/index.php?title=File:LDH_activity-_normal_vs_canceous_cells.png&oldid=491099024
- Conte, A. B., Nyingone, S., Jayi, S., Soule, H. M., Alaoui, F. Z. F., Chaara, H., & Melhouf, M. A. (2020). Therapeutic and Diagnostic Challenge of Idiopathic Granulomatous Mastitis: A Case Report and Review of the Literature. *Journal of Women's Health and Development*, 03(03). Retrieved from <https://doi.org/10.26502/fjwhd.2644-28840030>
- Deng, J. Q., Yu, L., Yang, Y., Feng, X. J., Sun, J., Liu, J., ... (2017). Steroids administered after vacuum-assisted biopsy in the management of idiopathic granulomatous mastitis. *Journal of Clinical Pathology*, 70(10), 827. Retrieved from <https://doi.org/10.1136/jclinpath-2016-204287>
- Ding, S., Gao, Y., Qin, C., Liu, H., Zhang, H., Li, Y., & Zhang, Y. (2021). Granulomatous mastitis in multiparae during pregnancy and lactation. *Medicine*, 100(25), e25912. Retrieved from <https://doi.org/10.1097/md.00000000000025912>
- Dobinson, H. C., Anderson, T. P., Chambers, S. T., Doogue, M. P., Seaward, L., & Werno, A. M. (2015). Antimicrobial Treatment Options for Granulomatous Mastitis Caused by *Corynebacterium* Species. *Journal of Clinical Microbiology*, 53(9), 2895–2899. Retrieved from <https://doi.org/10.1128/jcm.00760-15>

- Doyle, M. (2021). Visualization of RNA-Seq results with Volcano Plot (Galaxy Training Materials). Retrieved July 1, 2022, from <https://training.galaxyproject.org/training-material/topics/transcriptomics/tutorials/rna-seq-viz-with-volcanoplot/tutorial.html>
- Elibol, F. D., Elibol, C., Tekin, L., & Dönmez, C. (2020). A very rare cause of male breast lump: Idiopathic granulomatous mastitis. *The Breast Journal*, 26(4), 778–779. Retrieved from <https://doi.org/10.1111/tbj.13571>
- Erhan, Y., Veral, A., Kara, E., Özdemir, N., Kapkac, M., Özdedeli, E., (2000). A clinicopathologic study of a rare clinical entity mimicking breast carcinoma: idiopathic granulomatous mastitis. *The Breast*, 9(1), 52–56. Retrieved from <https://doi.org/10.1054/brst.1999.0072>
- Fujii, M., Mizutani, Y., Sakuma, T., Tagami, K., Okamoto, K., Kuno, Y., ... (2018). *Corynebacterium kroppenstedtii* in granulomatous mastitis: Analysis of formalin-fixed, paraffin-embedded biopsy specimens by immunostaining using low-specificity bacterial antisera and real-time polymerase chain reaction. *Pathology International*, 68(7), 409–418. Retrieved from <https://doi.org/10.1111/pin.12683>
- Gianazza, E., Miller, I., Palazzolo, L., Parravicini, C., & Eberini, I. (2016). With or without you — Proteomics with or without major plasma/serum proteins. *Journal of Proteomics*, 140, 62–80. Retrieved from <https://doi.org/10.1016/j.jprot.2016.04.002>
- Gurleyik, G., Aktekin, A., Aker, F., Karagulle, H., & Saglamc, A. (2012). Medical and Surgical Treatment of Idiopathic Granulomatous Lobular Mastitis: A Benign Inflammatory Disease Mimicking Invasive Carcinoma. *Journal of Breast Cancer*, 15(1), 119–123. Retrieved from <https://doi.org/10.4048/jbc.2012.15.1.119>
- Huang, Y., & Wu, H. (2021). A retrospective analysis of recurrence risk factors for granulomatous lobular mastitis in 130 patients: more attention should be paid to prolactin level. *Annals of Palliative Medicine*, 0(0), 24–24. Retrieved from <https://doi.org/10.21037/apm-20-1972>
- Huang, Y.-M., Lo, C., Cheng, C.-F., Lu, C.-H., Hsieh, S.-C., & Li, K.-J. (2021). Serum C-Reactive Protein and Interleukin-6 Levels as Biomarkers for Disease Severity and Clinical Outcomes in Patients with Idiopathic Granulomatous Mastitis. *Journal of Clinical Medicine*, 10(10), 2077. Retrieved from <https://doi.org/10.3390/jcm10102077>
- Hur, S. M., Cho, D. H., Lee, S. K., Choi, M.-Y., Bae, S. Y., Koo, M. Y., ... (2013). Experience of treatment of patients with granulomatous lobular mastitis. *Journal of the Korean Surgical Society*, 85(1), 1–6. Retrieved from <https://doi.org/10.4174/jkss.2013.85.1.1>
- Imoto, S., Kitaya, T., Kodama, T., Hasebe, T., & Mukai, K. (1997). Idiopathic Granulomatous Mastitis: Case Report and Review of the Literature. *Japanese Journal of Clinical Oncology*, 27(4), 27–277. Retrieved from <https://doi.org/10.1093/jjco/27.4.27>
- Islam, R. A., Hossain, S., & Chowdhury, E. H. (2017). Potential Therapeutic Targets in Energy Metabolism Pathways of Breast Cancer. *Current Cancer Drug Targets*, 17(8), 707–721. Retrieved from <https://doi.org/10.2174/1568009617666170330150458>
- Kamal, R. M., Hamed, S. T., & Salem, D. S. (2009). Classification of Inflammatory Breast Disorders and Step by Step Diagnosis. *The Breast Journal*, 15(4), 367–380. Retrieved from <https://doi.org/10.1111/j.1524-4741.2009.00740.x>
- Kamyab, A. (2016). Granulomatous lobular mastitis secondary to *Mycobacterium fortuitum*. *World Journal of Clinical Cases*, 4(12), 409–412. Retrieved from <https://doi.org/10.12998/wjcc.v4.i12.409>

- Kaviani, A., & Vasigh, M. (2021). Classification of the Clinical Presentation, Severity, and Response to Treatment in Idiopathic Granulomatous Mastitis. *Archives of Breast Cancer*, 1–3. Retrieved from <https://doi.org/10.32768/abc.2021811-3>
- Kehribar, D. Y., Duran, T. I., Polat, A. K., & Ozgen, M. (2020). Effectiveness of Methotrexate in Idiopathic Granulomatous Mastitis Treatment. *The American Journal of the Medical Sciences*, 360(5), 560–565. Retrieved from <https://doi.org/10.1016/j.amjms.2020.05.029>
- Kessler, E., & Wolloch, Y. (1972). Granulomatous Mastitis: A Lesion Clinically Simulating Carcinoma. *American Journal of Clinical Pathology*, 58(6), 642–646. Retrieved from <https://doi.org/10.1093/ajcp/58.6.642>
- Kim, J.-Y., Jung, H. H., Sohn, I., Woo, S. Y., Cho, H., Cho, E. Y., ... (2020). Prognostication of a 13-immune-related-gene signature in patients with early triple-negative breast cancer. *Breast Cancer Research and Treatment*, 184(2), 325–334. Retrieved from <https://doi.org/10.1007/s10549-020-05874-1>
- Kim, Y. S., Vallur, P. G., Phaëton, R., Mythreye, K., & Hempel, N. (2017). Insights into the Dichotomous Regulation of SOD2 in Cancer. *Antioxidants*, 6(4), 86. Retrieved from <https://doi.org/10.3390/antiox6040086>
- Kiyak, G., Dumlu, E. G., Kilinc, I., Tokaç, M., Akbaba, S., Gurer, A., (2014). Management of idiopathic granulomatous mastitis: dilemmas in diagnosis and treatment. *BMC Surgery*, 14(1), 66. Retrieved from <https://doi.org/10.1186/1471-2482-14-66>
- Koksal, H. (2019). Human leukocyte antigens class I and II in patients with idiopathic granulomatous mastitis. *The American Journal of Surgery*, 218(3), 605–608. Retrieved from <https://doi.org/10.1016/j.amjsurg.2019.01.038>
- Larsen, L. J. H., Peyvandi, B., Klipfel, N., Grant, E., & Iyengar, G. (2009). Granulomatous lobular mastitis: imaging, diagnosis, and treatment. *AJR. American Journal of Roentgenology*, 193(2), 574–81. Retrieved from <https://doi.org/10.2214/ajr.08.1528>
- Latif, H., Qamar, S. R., Bano, R., Farrukh, N., Ali, K., & Sana, F. (2021). DIAGNOSTIC DILEMMA AND TREATMENT CHALLENGES IN IDIOPATHIC GRANULOMATOUS MASTITIS. *PAFMJ*, 71(2), 702–05. Retrieved from <https://doi.org/10.51253/pafmj.v71i2.6611>
- Lei, Q.-R., Yang, X., Miao, C.-M., Wang, J.-C., & Yang, Y. (2020). Relationship between granulomatous lobular mastitis and methylene tetrahydrofolate reductase gene polymorphism. *World Journal of Clinical Cases*, 8(18), 4017–4021. Retrieved from <https://doi.org/10.12998/wjcc.v8.i18.4017>
- Liberti, M. V., & Locasale, J. W. (2016). The Warburg Effect: How Does it Benefit Cancer Cells? *Trends in Biochemical Sciences*, 41(3), 211–218. Retrieved from <https://doi.org/10.1016/j.tibs.2015.12.001>
- Limninar, N., Harvey, J. A., Schultz, K. J., Mills, A. M., Noland, M. M. B., Schroen, A. T., & Rochman, C. M. (2021). “What Do You Mean It’s Not Cancer?” A Review of Autoimmune and Systemic Inflammatory Diseases Involving the Breast. *Journal of Breast Imaging*, 3(5), 612–625. Retrieved from <https://doi.org/10.1093/jbi/wbab029>
- Luca, C. de, & Olefsky, J. M. (2008). Inflammation and insulin resistance. *FEBS Letters*, 582(1), 97–105. Retrieved from <https://doi.org/10.1016/j.febslet.2007.11.057>
- Makal, G. B., & Güvenç, İ. (2021). The Role of Shear Wave Elastography in Differentiating Idiopathic Granulomatous Mastitis From Breast Cancer. *Academic Radiology*, 28(3), 339–344. Retrieved from <https://doi.org/10.1016/j.acra.2020.02.008>

- Manasra, A. R. A. A., & Al-Hurani, M. F. (2016). Granulomatous Mastitis: A Rare Cause of Male Breast Lump. *Case Reports in Oncology*, 9(2), 516–519. Retrieved from <https://doi.org/10.1159/000448990>
- Mashoori, N., Omranipour, R., & Assarian, A. (2021). Role of Tumor Subtypes in Response to Neoadjuvant Chemotherapy in Non-metastatic Breast Cancer. *Archives of Iranian Medicine*, 24(12), 881–886. Retrieved from <https://doi.org/10.34172/aim.2021.132>
- Mathieu, A.-L., Verronese, E., Rice, G. I., Fouyssac, F., Bertrand, Y., Picard, C., ... (2015). PRKDC mutations associated with immunodeficiency, granuloma, and autoimmune regulator-dependent autoimmunity. *Journal of Allergy and Clinical Immunology*, 135(6), 1578-1588.e5. Retrieved from <https://doi.org/10.1016/j.jaci.2015.01.040>
- Mazlan, L., Suhaimi, S. N. A., Jasmin, S. J., Latar, N. H. M., Adzman, S., & Muhammad, R. (2011). Breast carcinoma occurring from chronic granulomatous mastitis. *The Malaysian Journal of Medical Sciences : MJMS*, 19(2), 82–5.
- McClelland, M. L., Adler, A. S., Shang, Y., Hunsaker, T., Truong, T., Peterson, D., ... (2012). An Integrated Genomic Screen Identifies LDHB as an Essential Gene for Triple-Negative Breast Cancer. *Cancer Research*, 72(22), 5812–5823. Retrieved from <https://doi.org/10.1158/0008-5472.can-12-1098>
- Menon, D., Salloum, D., Bernfeld, E., Gorodetsky, E., Akselrod, A., Frias, M. A., ... (2017). Lipid sensing by mTOR complexes via de novo synthesis of phosphatidic acid. *Journal of Biological Chemistry*, 292(15), 6303–6311. Retrieved from <https://doi.org/10.1074/jbc.m116.772988>
- Mi, H., & Thomas, P. (2009). PANTHER pathway: an ontology-based pathway database coupled with data analysis tools. *Methods in Molecular Biology (Clifton, N.J.)*, 563, 123–40. Retrieved from https://doi.org/10.1007/978-1-60761-175-2_7
- Michie, C., Lockie, F., & Lynn, W. (2003). The challenge of mastitis. *Archives of Disease in Childhood*, 88(9), 818. Retrieved from <https://doi.org/10.1136/adc.88.9.818>
- Mohammad, G. H., Damink, S. W. M. O., Malago, M., Dhar, D. K., & Pereira, S. P. (2016). Pyruvate Kinase M2 and Lactate Dehydrogenase A Are Overexpressed in Pancreatic Cancer and Correlate with Poor Outcome. *PLoS ONE*, 11(3), e0151635. Retrieved from <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0151635>
- Mollinedo, F. (2019). Neutrophil Degranulation, Plasticity, and Cancer Metastasis. *Trends in Immunology*, 40(3), 228–242. Retrieved from <https://doi.org/10.1016/j.it.2019.01.006>
- Mutch, D. M., Berger, A., Mansourian, R., Rytz, A., & Roberts, M.-A. (2002). The limit fold change model: A practical approach for selecting differentially expressed genes from microarray data. *BMC Bioinformatics*, 3(1), 17–17. Retrieved from <https://doi.org/10.1186/1471-2105-3-17>
- Nicolussi, A., D’Inzeo, S., Capalbo, C., Giannini, G., & Coppa, A. (2017). The role of peroxiredoxins in cancer. *Molecular and Clinical Oncology*, 6(2), 139–153. Retrieved from <https://doi.org/10.3892/mco.2017.1129>
- Oddó, D., Domínguez, F., Gómez, N., Méndez, G. P., & Navarro, M. E. (2019). Granulomatous lobular mastitis associated with ductal carcinoma in situ of the breast. *SAGE Open Medical Case Reports*, 7, 2050313X19836583. Retrieved from <https://doi.org/10.1177/2050313x19836583>
- Oliveros, J. C. (2015). Venny. An interactive tool for comparing lists with Venn’s diagrams. Retrieved August 17, 2022, from <https://bioinfogp.cnb.csic.es/tools/venny/index.html>

- Oran, E. Ş., Gürdal, S. Ö., Yankol, Y., Öznur, M., Calay, Z., Tunacı, M., & Soybir, G. R. (2013). Management of Idiopathic Granulomatous Mastitis Diagnosed by Core Biopsy: A Retrospective Multicenter Study. *The Breast Journal*, 19(4), 411–418. Retrieved from <https://doi.org/10.1111/tbj.12123>
- Patel, R. A., Strickland, P., Sankara, I. R., Pinkston, G., Many, W., & Rodriguez, M. (2010). Idiopathic Granulomatous Mastitis: Case Reports and Review of Literature. *Journal of General Internal Medicine*, 25(3), 270–273. Retrieved from <https://doi.org/10.1007/s11606-009-1207-2>
- Pereira, F. A., Mudgil, A. V., Macias, E. S., & Karsif, K. (2012). Idiopathic granulomatous lobular mastitis. *International Journal of Dermatology*, 51(2), 142–151. Retrieved from <https://doi.org/10.1111/j.1365-4632.2011.05168.x>
- Robinson, M. D., & Smyth, G. K. (2008). Small-sample estimation of negative binomial dispersion, with applications to SAGE data. *Biostatistics*, 9(2), 321–332. Retrieved from <https://doi.org/10.1093/biostatistics/kxm030>
- Saydam, M., Yilmaz, K. B., Sahin, M., Yanik, H., Akinci, M., Yilmaz, I., ... (2020). New Findings on Autoimmune Etiology of Idiopathic Granulomatous Mastitis: Serum IL-17, IL-22 and IL-23 Levels of Patients. *Journal of Investigative Surgery*, 34(9), 993–997. Retrieved from <https://doi.org/10.1080/08941939.2020.1725190>
- Sherman, B. T., Hao, M., Qiu, J., Jiao, X., Baseler, M. W., Lane, H. C., ... (2022). DAVID: a web server for functional enrichment analysis and functional annotation of gene lists (2021 update). *Nucleic Acids Research*, 50(W1), W216–W221. Retrieved from <https://doi.org/10.1093/nar/gkac194>
- Sheybani, F., Naderi, H., Gharib, M., Sarvghad, M., & Mirfeizi, Z. (2016). Idiopathic granulomatous mastitis: Long-discussed but yet-to-be-known. *Autoimmunity*, 49(4), 236–239. Retrieved from <https://doi.org/10.3109/08916934.2016.1138221>
- Sheybani, F., Sarvghad, M., Naderi, H., & Gharib, M. (2015). Treatment for and Clinical Characteristics of Granulomatous Mastitis. *Obstetrics & Gynecology*, 125(4), 801–807. Retrieved from <https://doi.org/10.1097/aog.0000000000000734>
- Shoelson, S. E., Herrero, L., & Naaz, A. (2007). Obesity, Inflammation, and Insulin Resistance. *Gastroenterology*, 132(6), 2169–2180. Retrieved from <https://doi.org/10.1053/j.gastro.2007.03.059>
- Shoelson, S. E., Lee, J., & Goldfine, A. B. (2006). Inflammation and insulin resistance. *Journal of Clinical Investigation*, 116(8), 2308–2308. Retrieved from <https://doi.org/10.1172/jci29069c1>
- Steuer, A. B., Stern, M. J., Cobos, G., Castilla, C., Joseph, K.-A., Pomeranz, M. K., & Femia, A. N. (2020). Clinical Characteristics and Medical Management of Idiopathic Granulomatous Mastitis. *JAMA Dermatology*, 156(4), 460–464. Retrieved from <https://doi.org/10.1001/jamadermatol.2019.4516>
- Sun, W., Zhang, X., Ding, X., Li, H., Geng, M., Xie, Z., ... Huang, M. (2015). Lactate Dehydrogenase B Is Associated with the Response to Neoadjuvant Chemotherapy in Oral Squamous Cell Carcinoma. *PLoS ONE*, 10(5), e0125976. Retrieved from <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0125976>
- Sunder, S. R., Hanumanth, S. R., Gaddam, S., Jonnalagada, S., & Valluri, V. L. (2011). Association of TAP 1 and 2 gene polymorphisms with human immunodeficiency virus–tuberculosis co-infection. *Human Immunology*, 72(10), 908–911. Retrieved from <https://doi.org/10.1016/j.humimm.2011.07.304>
- Szklarczyk, D., Gable, A. L., Lyon, D., Junge, A., Wyder, S., Huerta-Cepas, J., ... (2019). STRING v11: protein–protein association networks with increased coverage, supporting functional discovery in genome-wide

- experimental datasets. *Nucleic Acids Research*, 47(Database issue), D607–D613. Retrieved from <https://doi.org/10.1093/nar/gky1131>
- Tauch, A., Fernández-Natal, I., & Soriano, F. (2016). A microbiological and clinical review on *Corynebacterium kroppenstedtii*. *International Journal of Infectious Diseases*, 48, 33–39. Retrieved from <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2016.04.023>
- Taylor, G. B., Paviour, S. D., Musaad, S., Jones, W. O., & Holland, D. J. (2003). A clinicopathological review of 34 cases of inflammatory breast disease showing an association between corynebacteria infection and granulomatous mastitis. *Pathology*, 35(2), 109–119. Retrieved from <https://doi.org/10.1080/0031302031000082197>
- Torun, B., Bilgin, A., Orhan, D., Gocmen, R., Kılıc, S. S., Kuskonmaz, B., ... (2022). Combined immunodeficiency due to purine nucleoside phosphorylase deficiency: Outcome of three patients. *European Journal of Medical Genetics*, 65(3), 104428. Retrieved from <https://doi.org/10.1016/j.ejmg.2022.104428>
- Turkan, H., & Gokgoz, S. (2022). Surgery or Medical Treatment in Idiopathic Granulomatous Mastitis? *International Journal of Academic Medicine and Pharmacy*, Volume: 4 Issue: 1(Volume: 4 Issue: 1), 1–4. Retrieved from <https://doi.org/10.29228/jamp.50768>
- Twigger, A.-J., Küffer, G. K., Geddes, D. T., & Filgueria, L. (2018). Expression of Granulysin, Perforin and Granzymes in Human Milk over Lactation and in the Case of Maternal Infection. *Nutrients*, 10(9), 1230. Retrieved from <https://doi.org/10.3390/nu10091230>
- Ucaryilmaz, H., Koksall, H., Emsen, A., Kadoglou, N., Dixon, J. M., & Artac, H. (2020). The Role of Regulatory T and B Cells in the Etiopathogenesis of Idiopathic Granulomatous Mastitis. *Immunological Investigations*, 51(2), 1–11. Retrieved from <https://doi.org/10.1080/08820139.2020.1832114>
- Urbańska, K., & Orzechowski, A. (2019). Unappreciated Role of LDHA and LDHB to Control Apoptosis and Autophagy in Tumor Cells. *International Journal of Molecular Sciences*, 20(9), 2085. Retrieved from <https://doi.org/10.3390/ijms20092085>
- Uysal, E., Soran, A., Sezgin, E., & Group, G. M. S. (2018). Factors related to recurrence of idiopathic granulomatous mastitis: what do we learn from a multicentre study? *ANZ Journal of Surgery*, 88(6), 635–639. Retrieved from <https://doi.org/10.1111/ans.14115>
- Vanovcanova, L., Lehotska, V., Machalekova, K., Waczulikova, I., Minarikova, E., Rauova, K., & Kajo, K. (2019). Idiopathic granulomatous mastitis - a new approach in diagnostics and treatment. *Neoplasma*, 66(04), 661–668. Retrieved from https://doi.org/10.4149/neo_2019_190201n100
- Wang, J., Xu, H., Li, Z., Li, F., Yang, Y., Yu, X., ... (2019). Pathogens in patients with granulomatous lobular mastitis. *International Journal of Infectious Diseases*, 81, 123–127. Retrieved from <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2019.01.034>
- Wang, S., Lin, J., Li, C., & Lee, Y.-H. (2019). A successful case of etanercept used for idiopathic granulomatous mastitis. *The Breast Journal*, 25(2), 343–345. Retrieved from <https://doi.org/10.1111/tbj.13219>
- Wang, YaoYao, Shu, Y., Xiao, Y., Wang, Q., Kanekura, T., Li, Y., ... (2014). Hypomethylation and overexpression of ITGAL (CD11a) in CD4+ T cells in systemic sclerosis. *Clinical Epigenetics*, 6(1), 25. Retrieved from <https://doi.org/10.1186/1868-7083-6-25>

- Wang, Ye-sheng, Li, Q., Zhou, L., Guan, R., Zhou, X., Wu, J., ... (2017). Granulomatous Lobular Mastitis Associated with Mycobacterium abscessus in South China: A Case Report and Review of the Literature. *Case Reports in Infectious Diseases*, 2017, 7052908. Retrieved from <https://doi.org/10.1155/2017/7052908>
- Warburg, O. (1925). The Metabolism of Carcinoma Cells. *The Journal of Cancer Research*, 9(1), 148–163. Retrieved from <https://doi.org/10.1158/jcr.1925.148>
- Xie, J., Ye, J., Cai, Z., Luo, Y., Zhu, X., Deng, Y., ... (2020). GPD1 Enhances the Anticancer Effects of Metformin by Synergistically Increasing Total Cellular Glycerol-3-Phosphate. *Cancer Research*, 80(11), 2150–2162. Retrieved from <https://doi.org/10.1158/0008-5472.can-19-2852>
- Xu, K., Wang, R., Xie, H., Hu, L., Wang, C., Xu, J., ... (2021). Single-cell RNA sequencing reveals cell heterogeneity and transcriptome profile of breast cancer lymph node metastasis. *Oncogenesis*, 10(10), 66. Retrieved from <https://doi.org/10.1038/s41389-021-00355-6>
- Yigitbasi, M. R., Guntas, G., Atak, T., Sonmez, C., Yalman, H., & Uzun, H. (2016). The Role of Interleukin-33 as an Inflammatory Marker in Differential Diagnosis of Idiopathic Granulomatous Mastitis and Breast Cancer. *Journal of Investigative Surgery*, 30(4), 1–5. Retrieved from <https://doi.org/10.1080/08941939.2016.1240270>
- Yin, Y., Liu, X., Meng, Q., Han, X., Zhang, H., & Lv, Y. (2021a). Idiopathic Granulomatous Mastitis: Etiology, Clinical Manifestation, Diagnosis and Treatment. *Journal of Investigative Surgery*, 35(3), 1–12. Retrieved from <https://doi.org/10.1080/08941939.2021.1894516>
- Yin, Y., Liu, X., Meng, Q., Han, X., Zhang, H., & Lv, Y. (2021b). Idiopathic Granulomatous Mastitis: Etiology, Clinical Manifestation, Diagnosis and Treatment. *Journal of Investigative Surgery*, 35(3), 1–12. Retrieved from <https://doi.org/10.1080/08941939.2021.1894516>
- Yoneten, K. K., Kasap, M., Akpınar, G., Gunes, A., Gurel, B., & Utkan, N. Z. (2019). Comparative Proteome Analysis of Breast Cancer Tissues Highlights the Importance of Glycerol-3-phosphate Dehydrogenase 1 and Monoacylglycerol Lipase in Breast Cancer Metabolism. *Cancer Genomics - Proteomics*, 16(5), 377–397. Retrieved from <https://doi.org/10.21873/cgp.20143>
- Yuan, Q.-Q., Xiao, S.-X., Farouk, O., Du, Y.-T., Sheybani, F., Tan, Q. T., ... (2022). Management of granulomatous lobular mastitis: an international multidisciplinary consensus (2021 edition). *Military Medical Research*, 9(1), 20. Retrieved from <https://doi.org/10.1186/s40779-022-00380-5>
- Zhang, Y., Yang, W., Wen, G., Tang, H., Wu, C., Wu, Y., ... (2019). High expression of PRKDC promotes breast cancer cell growth via p38 MAPK signaling and is associated with poor survival. *Molecular Genetics & Genomic Medicine*, 7(11), e908. Retrieved from <https://doi.org/10.1002/mgg3.908>
- Zhou, C., Yu, J., Wang, M., Yang, J., Xiong, H., Huang, H., ... (2017). Identification of glycerol-3-phosphate dehydrogenase 1 as a tumour suppressor in human breast cancer. *Oncotarget*, 8(60), 101309–101324. Retrieved from <https://doi.org/10.18632/oncotarget.21087>
- Zhou, F., Yu, L.-X., Ma, Z.-B., & Yu, Z.-G. (2016). Granulomatous lobular mastitis. *Chronic Diseases and Translational Medicine*, 2(1), 17–21. Retrieved from <https://doi.org/10.1016/j.cdtm.2016.02.004>
- Zhu, Q., Wang, L., & Wang, P. (2021). The Identification of Gene Expression Profiles Associated with Granulomatous Mastitis. *Breast Care*, 16(4), 319–327. Retrieved from <https://doi.org/10.1159/000507474>

8. ÖZGEÇMİŞ

Kişisel Bilgiler	
Adı Soyadı	Merve Gülsen Bal ALBAYRAK
Doğum Yeri ve Tarihi	ANKARA 15.01.1991
İletişim Adresi	-
Telefon E-posta	-mervegulsenbal@gmail.com
Eğitim Bilgileri (Tarih Sırasına Göre)	2016- 2022, Doktora, Kocaeli Üniversitesi Tıp Fakültesi Tıbbi Biyoloji Anabilim Dalı 2014-2016, Yüksek Lisans, Ankara Üniversitesi Tıp Fakültesi Tıbbi Biyoloji Anabilim Dalı 2009-2014, Lisans, Bilkent Üniversitesi Fen Fakültesi Moleküler Biyoloji ve Genetik Bölümü
Mesleki Deneyim/ İşyeri Bilgileri	Araştırma görevlisi, Kocaeli Üniversitesi, Tıbbi Biyoloji Anabilim Dalı (2016- 2022) Araştırmacı, Seoul National Üniversitesi, Kanseri Enstitüsü-2012
Yabancı Dil Bilgileri	İngilizce (ileri seviye), Almanca (Başlangıç)
Üye Olduğu Mesleki / Sosyal Kuruluşlar	Türkiye Proteomik Derneği
Bilimsel Etkinlikler	
Makaleler	• Albayrak M.G., Simsek T., Kasap M., Akpınar G., Canturk N.Z., Guler S.A. Tissue proteome analysis revealed an association between cancer, immune system response, and the idiopathic granulomatous mastitis. Medical oncology Northwood, London, England, cilt.39, sa.12, ss.238,2022 (SCI-Expanded), Q2 • Uzelli Şimşek H., Bal Albayrak M.G., Kasap M., Şimşek T., Akpınar G., Güler S.A., Cantürk N.Z. Elucidation of the changes occurring at the proteome level in ovaries of high-fat diet-induced obese rats Cell Biochemistry and Function, 2022 (SCI İndekslerine Giren Dergi) , Q3 • Özer F., Tokuc E.O., Bal Albayrak M.G., Akpınar G., Kasap M., Karabaş V.L. Comparison of before versus after intravitreal bevacizumab injection, growth factor levels and fibrotic markers in vitreous samples from patients with proliferative diabetic

	retinopathy Graefes Archive For Clinical And Experimental Ophthalmology, 2022 (SCI İndekslerine Giren Dergi) , Q1 • Demircan K., Yukselten Y., Bal M.G.,Bunsuz M.,Yildiz D.A.,Sunguroglu A.,Ugur H., The Role of IL33 in Glioblastoma Multiforme Faseb Journal, cilt.29, 2015 (SCI İndekslerine Giren Dergi), Q1 • Aydos.S., Yukselten Y., Bal M.G., Aydos K., Sunguroğlu A. Azoospermi etyolojisinde sertoli hücresi enerji metabolizması bozuklukları, the new journal of urology, cilt.11, sa.2, ss.34-39,2016 (TR Dizin index)
Projeler	• Bal Albayrak M. G. (Yürütücü), Yanar S., Sarihan M., Kasap M., Akpınar G. Otofaji Belirteci ULK1'In İnhibisyonu Ve Aktivasyonunun Triple Negatif Meme Kanseri Hücre Proteomu Üzerine Etkilerinin Araştırılması, TUBITAK Project, 2022 – 2023 • Yanar S., Bal Albayrak M. G.(Araştırmacı) , Kasap M.,Bir Otofaji İnhibitörü Olarak Hidroksiklorokinin Prostat Kanseri Hücrelerinin ProteomuÜzerine Etkisinin Araştırılması, Project Supported by Higher Education Institutions, 2022 - 2023 • ŞİMŞEK T., BAL ALBAYRAK M.G.(Araştırmacı), UZELLİ ŞİMŞEK H., Yükseköğretim Kurumları Destekli Proje, Yüksek yağ diyeti ile beslenmiş obez ratlarda overlerin proteomiks analizi, 2020-2022 • Kocaeli Üniversitesi BAP Birimi “Lisansüstü, Doktora ve Tıpta/Dış Hekimliğinde Uzmanlık Tezlerini Destekleme Projeleri” (No: 2019/092); İdiyopatik granümatöz lobüler mastit hastalığının proteomiks yaklaşımlarla incelenmesi • Glioblastoma Multiforme (GBM) İlaç Direncinde Rol Oynayan CD133+ Glioblastoma Kök Hücrelerini (GKH) Hedefleyen Terapötik Monoklonal Antikor Geliştirilmesi, TUBITAK 1003, 114S189,2014-2016
Bildiriler	1. İdiyopatik Granülatöz Lobüler Mastit Hastalığının Karşılaştırmalı Proteomik Analizi, Merve Gülsen Bal Albayrak, Turgay Şimşek, Murat Kasap, Nuh Zafer Cantürk, Gürler Akpınar,VII. Türkiye İn Vitro Diagnostik (İnflamasyon), 27-29 Nisan 2022-Sözel Bildiri, 2. Comperative Proteom Analysis Of Granulomatosis Mastitis By Using Free Label Quantitative Mass Spectrometry Bal M.G., Şimşekt., Kasapm., Akpinarg., Cantürkn.Z. 6th International Senaturk May Day, Kocaeli, Türkiye, 30 Mayıs 2021 3. Serum-Tabanlı Biyobelirteç Keşfinde Yeni Bir Metodolojik Yaklaşım SARIHAN M.,BAL M.G.,KASAP M.,AKPINAR G. 3.UlusalProteomikKongresi,İstanbul,Turkey,27-29 February, Türkiye, 27-29 Şubat 2020

	4. Primary Clues for Lymph Node Metastasis Differentiation from Breast Cancer BAL M.G., KARAOSMANOĞLU K., ŞİMŞEK T., AKPINAR G., KASAP M., CANTÜRK N.Z. Proteomicsin Cell Biology and Disease Mechanisms, Cambridge, Kanada, 28 Şubat-02 Mart 2018 5. 2D Jel Elektforez Tabanlı Zenginleştirilmiş Nükleer Proteom Analizi ABULA A., İŞLEK E.E., BAL M.G., SARIHAN M., KARAOSMANOĞLU K. 2.Ulusal Proteomiks Kongresi, İstanbul, Türkiye, 24-25 Kasım 2017 6. Expression profile of cancer Stem Cell markers in Glioblastoma derived CD133 and CD133-cells SUNGUROĞLU A., BAL M.G., UĞUR H.Ç., Özkanca Ş., AKÇORA YILDIZ D. 9th Annual Conference on Stem Cell and Regenerative Medicine, Berlin, Almanya, 25-26 Eylül 2017 7. TNFRSF21 and TNFSF7 are possible markers to target CD133+ GBM stem cells Ozkanca S., Yukselten Y., Bal M.G., Ugur H.C., Demircan K., Sunguroglu A. 41st FEBS Congress on Molecular and Systems Biology for a Better Life, Kusadasi, Türkiye, 3-08 Eylül 2016, cilt.283, ss.303 8. Tie2/TEK: a potential biomarker for targeting glioblastoma stem cells Yukselten Y., Bal M.G., Ozkanca S., Yildiz D.A., Demircan K., Ugur H.C., Sunguroglu A. 41st FEBS Congress on Molecular and Systems Biology for a Better Life, Kusadasi, Türkiye, 3-08 Eylül 2016, cilt.283, ss.304-305 9. Glycolytic energy metabolism in glioblastoma cancer stem cells SUNGUROĞLU A., BAL M.G., YÜKSELTEN Y., Özkanca Ş., Yükselen İ. Mitochondrial Medicine ,4-06 Mayıs 2016 10. Analyzing the differences between Sertoli cells obtained from Non obstructive Azoospermia and Obstructive Azoospermia patients for mitochondrial numbers and metabolic pathways AYDOSO.S., YÜKSELTEN Y., BAL M.G., Yükselen İ., AYDOS K., SUNGUROĞLU A. Mitochondrial Medicine: Developing new treatments for Mitochondrial Disease, Cambridge, Kanada, 4-06 Mayıs 2016 11. PRKCA, PTPN1 and ZYX Are Possible Markers to Target CD133+ GBM Stem Cells Ozkanca S., Bal M.G., Yukselten Y., Yildiz D.A., Ugur H.C., Demircan K., Sunguroglu A. Experimental Biology Meeting, California, Amerika Birleşik Devletleri, 2-06 Nisan 2016, cilt.30 12. PXN and TRIO are elevated in CD133+ GSCs transcriptomically Sunguroglu A., Bunsuz M., Yukselten Y., Bal M.G., Ozkanca S., Yildiz D.A., Demircan K., Ugur H.C. Experimental Biology Meeting, California, Amerika Birleşik Devletleri, 2-06 Nisan 2016, cilt.30 13. Status of INSR, LRP1 and VCL transcript on CD133+ Glioblastoma Multiforme Stem Cells Bal M.G., Yukselten
--	---

	Y.,Ozkanca S., Akgun E.,Ugur H.C.,Sunguroglu A. Experimental Biology Meeting,California, Amerika Birleşik Devletleri,2-06 Nisan 2016, cilt.30 14. The Role of BCAR1 and FYN on CD133+GBM stem cells Yükselten Y., Bal M.G., Ozkanca S., Yıldız D.A.,Bunsuz M.,Ugur H.C.,Sunguroglu A. Experimental Biology Meeting, California, Amerika Birleşik Devletleri, 2-06Nisan2016,cilt.30
Sertifika, Kurs ve Eğitimler	• Eğitim Yönetimi ve Planlama, Eğiticinin Eğitimi, Sakarya University, 2022 • Sağlık ve Tıp, Deney Hayvanları Kullanımı, Kocaeli University, 2016
Kitap&Kitap Bölümleri	1. Kanserde Obezitenin Rolü, Bal Albayrak M.G. Sağlık& Bilim 2022 Beslenme-1, Editör, EfeAkademiYayınları, ss.73,2022 2. Benin Meme Hastalıkları ve Meme Kanseri Bal Albayrak M.G. SAĞLIK& BİLİM 2022 GÜNCEL TIP-II, Prof.Dr.Ahmet AKÇAY,Editör, Efe Akademik Yayıncılık, İstanbul,s s.89, 2022 3. Kanseri Tedavisinde Nano-Antikorlar, Bal Albayrak M.G. Sağlık& Bilim 2022 NANO TIP, Editör, Efe Akademi Yayınları,ss.191,2022

9. EKLER

Ek-1: Bu tez çalışmasının etik kurul onayı



T.C.
KOCAELİ ÜNİVERSİTESİ
Tıp Fakültesi Dekanlığı



Sayı : 80418770-302.14.06/76207
Konu : Etik Kurul Başvurusu hk.

07/10/2019

Sayın Doç.Dr. Gürler AKPINAR

Sorumlu araştırmacısı olduğunuz 2019/140 proje numaralı başvuruza ait değişiklik talebiniz etik kurulumuzun 02.10.2019 tarihli toplantısında değerlendirilmiş ve aşağıdaki karar alınmıştır.

Dr. Öğr. Üyesi Ashhan AKPINAR
Raportör

GOKAEK-2019/16.05 2019/140 proje numaralı "İdiyopatik granüloamatöz lobüler mastit hastalığının primer hücre kültürü modeli kullanılarak proteomiks yaklaşımlarla incelenmesi" olarak etik kurulumuzun 17.04.2019 tarihli toplantısında onaylanan başvurusu için yöntem değişikliği ve bu nedenle yapılan "İdiyopatik granüloamatöz lobüler mastit hastalığının proteomiks yaklaşımlarla incelenmesi" şeklindeki başlık değişikliği değerlendirilmiş, Araştırmanın ilgili değişikliklerle "**doktora tez projesi**" olarak yürütülmesi uygun bulunmuştur.

Ek-2: IGLM hastalarının detaylı klinik verileri

Hasta	Cinsiyet	Yaş	Kitle Ağırlığı	Kitle Hacmi	Cerrahi Sayısı	Rekürrens	Menopoz Durumu	Doğum Kontrol İlacı	Diabetes Mellitus	Şişmanlık Kullanımı	Emzirme Geçmişi	Doğum Sayısı
H1	F	44	120	283,5	1	-	-	-	-	+	+	3
H2	F	41		252	1	diğer meme	-	-	-	-	+	3
H3	F	43		700	1	-	-	-	-	-	diğer meme	2
H4	F	42	120	315	1	-	-	-	-	-	diğer meme	3
H5	F	38	16	31,5	1	-	-	-	-	+	+	1
H6	F	26	140	280	1	-	-	-	-	-	+	1
H7	F	39	38	38,85	2	-	-	-	-	+	diğer meme	2
H8	F	35	262	918	1	-	-	-	-	-	+	3
H9	F	45	152	360	1	-	-	-	+	+	+	3
H10	F	39	90	210	1	-	-	+	+	+	+	1
H11	F	29	310	330	1	-	-	+	-	-	+	3
H12	F	35	770	4500	2	+	-	+	-	+	+	2
H13	F	41		5,6	1	-	-	-	+	+	+	3
H14	F	29	196	528	2	+	-	+	-	+	diğer meme	2
H15	F	37	88	210	1	-	-	-	-	+	diğer meme	2

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
P09668	Pro-cathepsin H OS=Homo sapiens GN=CTSH PE=1 SV=4	5	2	1	37,4	8,07	1000
Q9Y6W5	Wiskott-Aldrich syndrome protein family member 2 OS=Homo sapiens GN=WASF2 PE=1 SV=3	5	3	2	54,3	5,53	1000
Q14554	Protein disulfide-isomerase A5 OS=Homo sapiens GN=PDIA5 PE=1 SV=1	2	1	1	59,6	7,91	1000
Q4LE34	MYO1F variant protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=MYO1F variant protein PE=2 SV=1	1	3	1	129,6	9,23	1000
Q96G03	Phosphoglucosyltransferase-2 OS=Homo sapiens GN=PGM2 PE=1 SV=4	2	1	1	68,2	6,73	1000
Q96N66	Lysophospholipid acyltransferase 7 OS=Homo sapiens GN=MBOAT7 PE=1 SV=2	5	2	1	52,7	8,97	1000
P11117	Lysosomal acid phosphatase OS=Homo sapiens GN=ACP2 PE=1 SV=3	3	3	1	48,3	6,74	1000
B3KM47	cDNA FLJ10273 fis, clone HEMBB1001137, highly similar to SEC23-interacting protein OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	3	1	1	111	5,45	1000
B2RB57	cDNA, FLJ95321, highly similar to Homo sapiens ATG7 autophagy related 7 homolog (S. cerevisiae) (ATG7), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	2	2	1	77,9	6,24	1000
F6IR26	MHC class I antigen (Fragment) OS=Homo sapiens GN=HLA-A PE=3 SV=1	30	29	0	38,2	6,54	1000
D7NNS0	MHC class I antigen (Fragment) OS=Homo sapiens GN=HLA-A PE=3 SV=1	16	5	3	21	6,93	1000
A8K3B6	Non-specific protein-tyrosine kinase OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	2	1	1	50,7	7,06	1000
Q562R1	Beta-actin-like protein 2 OS=Homo sapiens GN=ACTBL2 PE=1 SV=2	20	82	1	42	5,59	1000
Q08722	Leukocyte surface antigen CD47 OS=Homo sapiens GN=CD47 PE=1 SV=1	2	3	1	35,2	7,21	1000
Q30030	HLA-DPB1 protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=HLA-DPB1 PE=2 SV=1	25	6	2	26,3	7,8	1000
B2RAK1	cDNA, FLJ94965, highly similar to Homo sapiens leucyl/cystinyl aminopeptidase (LNPEP), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	4	6	3	117,3	5,73	1000
B4DIH8	cDNA FLJ52575 OS=Homo	3	1	1	72,3	8,98	1000

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
	sapiens PE=2 SV=1						
P13498	Cytochrome b-245 light chain OS=Homo sapiens GN=CYBA PE=1 SV=3	8	3	1	21	9,54	1000
Q02083	N-acyl ethanolamine-hydrolyzing acid amidase OS=Homo sapiens GN=NAAA PE=1 SV=3	5	1	1	40	8,75	1000
Q59F14	Neutrophil cytosol factor 2 variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=4 SV=1	2	1	1	67,5	6,21	1000
P08567	Pleckstrin OS=Homo sapiens GN=PLEK PE=1 SV=3	4	2	1	40,1	8,28	1000
P83111	Serine beta-lactamase-like protein LACTB, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=LACTB PE=1 SV=2	3	3	1	60,7	8,53	1000
Q9UNL2	Translocon-associated protein subunit gamma OS=Homo sapiens GN=SSR3 PE=1 SV=1	8	1	1	21,1	9,61	1000
Q9H845	Acyl-CoA dehydrogenase family member 9, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=ACAD9 PE=1 SV=1	2	1	1	68,7	7,96	1000
P55160	Nck-associated protein 1-like OS=Homo sapiens GN=NCKAP1L PE=1 SV=3	4	5	2	128,1	6,86	1000
O43143	Putative pre-mRNA-splicing factor ATP-dependent RNA helicase DHX15 OS=Homo sapiens GN=DHX15 PE=1 SV=2	2	1	1	90,9	7,46	1000
B4DR61	Protein transport protein Sec61 subunit alpha isoform 1 OS=Homo sapiens GN=SEC61A1 PE=2 SV=1	2	1	1	52,9	8,24	1000
P01767	Ig heavy chain V-III region BUT OS=Homo sapiens PE=1 SV=1	17	2	1	12,4	9,25	1000
P30536	Translocator protein OS=Homo sapiens GN=TSPO PE=1 SV=3	20	4	2	18,8	9,36	1000
P20701	Integrin alpha-L OS=Homo sapiens GN=ITGAL PE=1 SV=3	3	3	2	128,7	5,63	1000
Q16678	Cytochrome P450 1B1 OS=Homo sapiens GN=CYP1B1 PE=1 SV=2	2	1	1	60,8	8,98	1000
E9PI68	Signal peptidase complex subunit 2 OS=Homo sapiens GN=SPCS2 PE=1 SV=1	11	4	2	28,5	8,79	1000
Q96HY6	DDRCK domain-containing protein 1 OS=Homo sapiens GN=DDRCK1 PE=1 SV=2	4	1	1	35,6	5,12	1000
E7ENX8	Uncharacterized protein (Fragment) OS=Homo sapiens	4	1	1	92,9	7,24	1000

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
	PE=4 SV=1						
B3KY94	CDP-diacylglycerol--inositol 3-phosphatidyltransferase OS=Homo sapiens GN=CDIPT PE=2 SV=1	5	1	1	25,9	8,22	1000
A0A024 R0Q4	Phospholipase D family, member 3, isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=PLD3 PE=4 SV=1	9	5	3	54,7	6,47	1000
P01611	Ig kappa chain V-I region Wes OS=Homo sapiens PE=1 SV=1	17	3	1	11,6	7,28	1000
X5D2L1	Hydroxysteroid 11-beta dehydrogenase 1 isoform A (Fragment) OS=Homo sapiens GN=HSD11B1 PE=2 SV=1	4	2	1	32,4	8,56	1000
L0RIY9	MHC class I antigen (Fragment) OS=Homo sapiens GN=HLA-A PE=3 SV=1	18	5	1	17,2	4,91	1000
Q96CG8	Collagen triple helix repeat-containing protein 1 OS=Homo sapiens GN=CTHRC1 PE=1 SV=1	3	3	1	26,2	7,99	1000
Q12931	Heat shock protein 75 kDa, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=TRAP1 PE=1 SV=3	4	6	1	80,1	8,21	1000
J3KPF3	4F2 cell-surface antigen heavy chain OS=Homo sapiens GN=SLC3A2 PE=4 SV=1	3	2	2	68,1	5,05	1000
Q96PP8	Guanylate-binding protein 5 OS=Homo sapiens GN=GBP5 PE=1 SV=1	3	2	1	66,6	5,55	1000
A8K6V0	cDNA FLJ78676, highly similar to Homo sapiens SEC24 related gene family, member D (SEC24D), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	1	1	1	112,9	7,25	1000
Q8N7G1	Purine nucleoside phosphorylase OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	13	2	2	32,5	7,21	1000
B7Z5J8	cDNA FLJ56136, highly similar to Solute carrier family 2, facilitated glucosetransporter member 14 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	2	2	1	58,2	7,8	1000
A4D1P0	Uncharacterized protein OS=Homo sapiens GN=LOC402299 PE=4 SV=1	2	2	1	41,9	7,01	1000
L0RFL1	MHC class I antigen (Fragment) OS=Homo sapiens GN=HLA-B PE=3 SV=1	7	2	1	17,2	5,02	1000
A0A0A0 MTJ9	Neutral cholesterol ester hydrolase 1 OS=Homo sapiens GN=NCEH1 PE=4 SV=1	9	7	3	49,9	7,21	1000

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
P40261	Nicotinamide N-methyltransferase OS=Homo sapiens GN=NNMT PE=1 SV=1	4	2	1	29,6	5,74	1000
P04839	Cytochrome b-245 heavy chain OS=Homo sapiens GN=CYBB PE=1 SV=2	6	3	2	65,3	8,63	1000
Q8NBJ5	Procollagen galactosyltransferase 1 OS=Homo sapiens GN=COLGALT1 PE=1 SV=1	3	2	1	71,6	7,31	1000
A8K2Y2	cDNA FLJ78120, highly similar to Homo sapiens eukaryotic translation initiation factor 2, subunit 3 gamma, 52kDa (EIF2S3), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	7	3	2	51,1	8,28	1000
Q6P4A8	Phospholipase B-like 1 OS=Homo sapiens GN=PLBD1 PE=1 SV=2	6	8	3	63,2	9,06	1000
P11234	Ras-related protein Ral-B OS=Homo sapiens GN=RALB PE=1 SV=1	8	1	1	23,4	6,62	1000
O00182	Galectin-9 OS=Homo sapiens GN=LGALS9 PE=1 SV=2	8	4	1	39,5	9,17	1000
B4DWA5	cDNA FLJ52464, highly similar to GTPase, IMAP family member 4 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	11	4	2	39	8,1	1000
A0A087WW23	Arachidonate 5-lipoxygenase-activating protein OS=Homo sapiens GN=ALOX5AP PE=1 SV=1	4	1	1	24,2	8,18	1000
Q7Z6E5	Putative uncharacterized protein DKFZp779G2251 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=DKFZp779G2251 PE=2 SV=1	1	1	1	115,6	5,41	1000
Q13488	V-type proton ATPase 116 kDa subunit a isoform 3 OS=Homo sapiens GN=TCIRG1 PE=1 SV=3	4	5	2	92,9	7,12	1000
Q01813	ATP-dependent 6-phosphofructokinase, platelet type OS=Homo sapiens GN=PFBP PE=1 SV=2	1	1	1	85,5	7,55	1000
P09110	3-ketoacyl-CoA thiolase, peroxisomal OS=Homo sapiens GN=ACAA1 PE=1 SV=2	4	1	1	44,3	8,44	1000
Q8TDZ2	Protein-methionine sulfoxide oxidase MICAL1 OS=Homo sapiens GN=MICAL1 PE=1 SV=2	2	1	1	117,8	6,4	1000

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
Q15046	Lysine--tRNA ligase OS=Homo sapiens GN=KARS PE=1 SV=3	4	1	1	68	6,35	1000
A0A0A0MSV9	Tapasin OS=Homo sapiens GN=TAPBP PE=4 SV=1	7	4	2	53,9	7,08	1000
O75844	CAAX prenyl protease 1 homolog OS=Homo sapiens GN=ZMPSTE24 PE=1 SV=2	3	1	1	54,8	7,49	1000
Q9Y5M8	Signal recognition particle receptor subunit beta OS=Homo sapiens GN=SRPRB PE=1 SV=3	7	2	1	29,7	9,04	1000
L8E864	MHC class II antigen OS=Homo sapiens GN=HLA-DQA1 PE=3 SV=1	9	9	1	28,1	5,39	1000
B2RD89	cDNA, FLJ96506, highly similar to Homo sapiens fibroblast activation protein, alpha (FAP), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	1	1	1	87,6	6,76	1000
Q53F23	HCG14925, isoform CRA_a (Fragment) OS=Homo sapiens GN=TBXAS1 PE=2 SV=1	2	1	1	60,6	7,62	1000
Q3B8N2	Galectin-9B OS=Homo sapiens GN=LGALS9B PE=2 SV=3	8	4	1	39,6	9,52	1000
P53621	Coatomer subunit alpha OS=Homo sapiens GN=COPA PE=1 SV=2	1	3	1	138,3	7,66	1000
B7Z6L9	cDNA FLJ54755, highly similar to Vacuolar ATP synthase subunit d (EC 3.6.3.14) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	3	3	1	44,6	5,2	1000
A0A090N8Z4	Immunity associated protein 1 OS=Homo sapiens GN=IMAP1 PE=4 SV=1	10	2	2	34,3	8,87	1000
P46977	Dolichyl-diphosphooligosaccharide--protein glycosyltransferase subunit STT3A OS=Homo sapiens GN=STT3A PE=1 SV=2	3	5	2	80,5	8,07	1000
B3KWQ3	cDNA FLJ43573 fis, clone RECTM2001691, highly similar to Actin, cytoplasmic 2 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	63	240	1	28,2	5,34	1000
O15460	Prolyl 4-hydroxylase subunit alpha-2 OS=Homo sapiens GN=P4HA2 PE=1 SV=1	4	1	1	60,9	5,71	1000
D3DRP5	Chromosome 9 open reading frame 19, isoform CRA_a (Fragment) OS=Homo sapiens GN=C9orf19 PE=4 SV=1	4	3	1	37,8	10,84	1000
Q08AM6	Protein VAC14 homolog OS=Homo sapiens GN=VAC14	2	1	1	87,9	6,13	1000

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
	PE=1 SV=1						
P20645	Cation-dependent mannose-6-phosphate receptor OS=Homo sapiens GN=M6PR PE=1 SV=1	5	1	1	31	5,83	1000
P78527	DNA-dependent protein kinase catalytic subunit OS=Homo sapiens GN=PRKDC PE=1 SV=3	1	5	2	468,8	7,12	1000
F8VXU5	Vacuolar protein sorting-associated protein 29 OS=Homo sapiens GN=VPS29 PE=4 SV=1	5	1	1	24	8,18	1000
P36222	Chitinase-3-like protein 1 OS=Homo sapiens GN=CHI3L1 PE=1 SV=2	12	4	3	42,6	8,46	1000
A2RRH1	Interleukin 4 induced 1 OS=Homo sapiens GN=IL4I1 PE=2 SV=1	2	1	1	65,3	8,51	1000
Q92608	Dedicator of cytokinesis protein 2 OS=Homo sapiens GN=DOCK2 PE=1 SV=2	1	3	1	211,8	6,87	1000
A8K4V2	cDNA FLJ75930, highly similar to Homo sapiens NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 alpha subcomplex, 9, 39kDa (NDUFA9), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	3	3	1	42,4	9,86	1000
A0A087WUL9	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 13 OS=Homo sapiens GN=PSMD13 PE=1 SV=1	3	1	1	42,7	5,91	1000
Q7Z4X2	Neuronal protein OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	15	2	1	17,9	5,43	1000
P27708	CAD protein OS=Homo sapiens GN=CAD PE=1 SV=3	1	3	2	242,8	6,46	1000
Q59ES3	Amino acid transporter (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	2	1	1	57,4	5,38	1000
A0A024R0P9	Translocase of outer mitochondrial membrane 40 homolog (Yeast), isoform CRA_c OS=Homo sapiens GN=TOMM40 PE=4 SV=1	5	2	1	37,9	7,25	1000
B2R9U2	cDNA, FLJ94557, highly similar to Homo sapiens FK506 binding protein 4, 59kDa (FKBP4), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	4	2	1	51,8	5,43	1000
O75339	Cartilage intermediate layer protein 1 OS=Homo sapiens GN=CILP PE=1 SV=4	2	1	1	132,5	8,41	1000
B3KW14	cDNA FLJ43122 fis, clone	2	1	1	64,4	6,71	1000

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
	CTONG3003737, highly similar to Leucine-rich repeat-containing protein 15 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1						
Q4QZC0	MHC class I antigen (Fragment) OS=Homo sapiens GN=HLA-A PE=3 SV=1	10	5	1	31,8	6,09	1000
Q9UNE0	Tumor necrosis factor receptor superfamily member EDAR OS=Homo sapiens GN=EDAR PE=1 SV=1	3	2	1	48,6	5,17	1000
O60568	Procollagen-lysine,2-oxoglutarate 5-dioxygenase 3 OS=Homo sapiens GN=PLOD3 PE=1 SV=1	2	1	1	84,7	6,05	63,873
P09917	Arachidonate 5-lipoxygenase OS=Homo sapiens GN=ALOX5 PE=1 SV=2	4	4	2	77,9	5,77	40,852
Q03518	Antigen peptide transporter 1 OS=Homo sapiens GN=TAP1 PE=1 SV=2	11	14	6	87,2	8,02	40,524
F8RHL1	MHC class II antigen (Fragment) OS=Homo sapiens GN=HLA-DRB1 PE=4 SV=1	40	13	3	10,7	5,24	30,935
P17213	Bactericidal permeability-increasing protein OS=Homo sapiens GN=BPI PE=1 SV=4	8	3	2	53,9	9,38	29,769
A5HKN7	MHC class II antigen (Fragment) OS=Homo sapiens GN=HLA-DRB1 PE=4 SV=1	36	10	1	10,8	8,03	29,083
G9I2K8	MHC Class I antigen (Fragment) OS=Homo sapiens GN=HLA-B PE=3 SV=1	19	6	2	21	5,34	24,175
Q92930	Ras-related protein Rab-8B OS=Homo sapiens GN=RAB8B PE=1 SV=2	23	17	2	23,6	9,07	22,264
P15104	Glutamine synthetase OS=Homo sapiens GN=GLUL PE=1 SV=4	10	7	3	42	6,89	21,647
A0A024 R5U4	Chromosome 15 open reading frame 48, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=C15orf48 PE=4 SV=1	23	2	1	9,6	9,47	21,639
A8K6Q8	cDNA FLJ75881, highly similar to Homo sapiens transferrin receptor (p90, CD71) (TFRC), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	4	9	3	84,8	6,61	21,449
A0A024 RDS2	Periostin, osteoblast specific factor, isoform CRA_c OS=Homo sapiens GN=POSTN PE=4 SV=1	47	268	0	93,3	7,53	20,802

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
Q6MZM7	Putative uncharacterized protein DKFZp686O12165 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=DKFZp686O12165 PE=2 SV=1	31	221	1	240,5	5,3	19,789
P02792	Ferritin light chain OS=Homo sapiens GN=FTL PE=1 SV=2	44	56	8	20	5,78	19,443
O75626	PR domain zinc finger protein 1 OS=Homo sapiens GN=PRDM1 PE=1 SV=2	1	5	1	91,7	8,48	19,442
H9STE0	Cytochrome c oxidase subunit 2 OS=Homo sapiens GN=COX2 PE=3 SV=1	7	3	2	25,9	4,82	19,376
D5H3J4	MHC class II antigen OS=Homo sapiens GN=HLA-DQA1 PE=3 SV=1	9	5	2	27,8	5,21	18,305
A8K769	cDNA FLJ77721, highly similar to Homo sapiens secretory carrier membrane protein 2 (SCAMP2), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	10	6	2	36,6	6,1	17,965
P30273	High affinity immunoglobulin epsilon receptor subunit gamma OS=Homo sapiens GN=FCER1G PE=1 SV=1	13	2	1	9,7	7,12	17,451
Q2TU34	Fructose-1,6-bisphosphatase 1 OS=Homo sapiens GN=FBP1 PE=2 SV=1	20	13	5	36,8	6,99	17,271
A0A087X117	Nodal modulator 1 OS=Homo sapiens GN=NOMO1 PE=4 SV=1	2	2	1	139,4	5,85	15,742
P42224	Signal transducer and activator of transcription 1-alpha/beta OS=Homo sapiens GN=STAT1 PE=1 SV=2	30	43	17	87,3	6,05	15,608
Q32P28	Prolyl 3-hydroxylase 1 OS=Homo sapiens GN=LEPRE1 PE=1 SV=2	3	6	2	83,3	5,14	15,175
Q9Y696	Chloride intracellular channel protein 4 OS=Homo sapiens GN=CLIC4 PE=1 SV=4	3	3	1	28,8	5,59	15,075
Q9H3N1	Thioredoxin-related transmembrane protein 1 OS=Homo sapiens GN=TMX1 PE=1 SV=1	4	3	1	31,8	4,98	14,804
Q6PJ75	Integrin beta (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ITGB2 PE=2 SV=1	16	27	9	83,6	6,98	14,723
P61803	Dolichyl-diphosphooligosaccharide--protein glycosyltransferase	11	3	1	12,5	7,08	14,683

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
	subunit DAD1 OS=Homo sapiens GN=DAD1 PE=1 SV=3						
F6IQK8	MHC class I antigen (Fragment) OS=Homo sapiens GN=HLA-C PE=3 SV=1	29	31	0	38,9	6,2	14,243
Q9HC03	Dolichyl-phosphate beta-glucosyltransferase OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	4	2	1	36,9	9,28	13,439
D4P2Y0	MHC class I antigen (Fragment) OS=Homo sapiens GN=HLA-A PE=3 SV=1	25	12	1	20,9	5,47	13,028
Q6UW68	Transmembrane protein 205 OS=Homo sapiens GN=TMEM205 PE=1 SV=1	9	4	1	21,2	8,62	13,021
P32455	Interferon-induced guanylate-binding protein 1 OS=Homo sapiens GN=GBP1 PE=1 SV=2	11	16	1	67,9	6,32	13,007
Q16822	Phosphoenolpyruvate carboxykinase [GTP], mitochondrial OS=Homo sapiens GN=PCK2 PE=1 SV=3	6	6	3	70,7	7,62	12,996
Q9BY50	Signal peptidase complex catalytic subunit SEC11C OS=Homo sapiens GN=SEC11C PE=1 SV=3	9	4	2	21,5	9,2	12,781
E9BVF4	MHC class I antigen (Fragment) OS=Homo sapiens GN=HLA-B PE=3 SV=1	41	41	2	31,6	6,09	12,552
Q00325	Phosphate carrier protein, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=SLC25A3 PE=1 SV=2	5	4	2	40,1	9,38	12,452
Q13724	Mannosyl-oligosaccharide glucosidase OS=Homo sapiens GN=MOGS PE=1 SV=5	6	6	3	91,9	8,9	12,105
P04179	Superoxide dismutase [Mn], mitochondrial OS=Homo sapiens GN=SOD2 PE=1 SV=2	59	113	9	24,7	8,25	11,843
A0A024 R4H0	Procollagen-lysine 1, 2-oxoglutarate 5-dioxygenase 1, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=PLOD1 PE=4 SV=1	4	5	2	83,5	6,95	11,716
A0A0A0 MT22	Protein tyrosine phosphatase, receptor type, C, isoform CRA_d OS=Homo sapiens GN=PTPRC PE=4 SV=1	7	15	7	147,4	6,15	11,673
Q3LAC0	MHC class II antigen (Fragment) OS=Homo sapiens GN=HLA-DRB1 PE=4 SV=1	33	16	1	21,3	5,76	11,479
A0A024 R7N7	Interferon, gamma-inducible protein 30, isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=IFI30	4	3	1	27,9	4,88	11,392

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
	PE=4 SV=1						
B2RBL3	cDNA, FLJ95575, highly similar to Homo sapiens endothelial cell growth factor 1 (platelet-derived) (ECGF1), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	35	32	11	49,9	5,53	11,355
A0A024 RB05	Tetraspanin OS=Homo sapiens GN=CD63 PE=3 SV=1	4	2	1	25,6	7,81	11,007
A0A024 R718	Pre-B-cell colony enhancing factor 1, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=PBEF1 PE=4 SV=1	7	4	2	55,5	7,15	10,999
P21281	V-type proton ATPase subunit B, brain isoform OS=Homo sapiens GN=ATP6V1B2 PE=1 SV=3	10	13	4	56,5	5,81	10,862
Q2PP85	MHC class I antigen (Fragment) OS=Homo sapiens GN=HLA-A PE=3 SV=1	25	16	2	31,4	6,05	10,857
P23381	Tryptophan--tRNA ligase, cytoplasmic OS=Homo sapiens GN=WARS PE=1 SV=2	32	33	11	53,1	6,23	10,786
Q5D1D5	Guanylate binding protein 1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	11	16	1	67,9	6,32	10,756
A0A024 R7I3	RAB8A, member RAS oncogene family, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=RAB8A PE=3 SV=1	16	16	1	23,7	9,07	10,643
Q96HE7	ERO1-like protein alpha OS=Homo sapiens GN=ERO1L PE=1 SV=2	7	4	2	54,4	5,68	10,634
P61160	Actin-related protein 2 OS=Homo sapiens GN=ACTR2 PE=1 SV=1	34	24	8	44,7	6,74	10,588
A0A024 R9G4	Family with sequence similarity 49, member B, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=FAM49B PE=4 SV=1	10	5	2	36,7	6,06	10,564
P21283	V-type proton ATPase subunit C 1 OS=Homo sapiens GN=ATP6V1C1 PE=1 SV=4	4	1	1	43,9	7,46	10,449
A0A090 KQC4	MHC class II antigen (Fragment) OS=Homo sapiens GN=HLA-DRB1 PE=4 SV=1	45	15	2	10,8	7,3	10,369
P09960	Leukotriene A-4 hydrolase OS=Homo sapiens GN=LTA4H PE=1 SV=2	20	10	7	69,2	6,18	10,21
B3KQS9	cDNA PSEC0141 fis, clone PLACE1005913, highly similar to Deoxyribonuclease-2-alpha (EC 3.1.22.1) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	3	1	1	39,5	8,05	10,108

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
A6QKW0	SHINC3 OS=Homo sapiens GN=SHINC3 PE=2 SV=1	5	3	1	27,9	9,7	10,063
A0A024RAC5	Regulator of chromosome condensation 2, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=RCC2 PE=4 SV=1	2	3	1	56	8,78	9,993
P60468	Protein transport protein Sec61 subunit beta OS=Homo sapiens GN=SEC61B PE=1 SV=2	10	3	1	10	11,56	9,954
P38606	V-type proton ATPase catalytic subunit A OS=Homo sapiens GN=ATP6V1A PE=1 SV=2	22	13	8	68,3	5,52	9,812
P40306	Proteasome subunit beta type-10 OS=Homo sapiens GN=PSMB10 PE=1 SV=1	7	3	1	28,9	7,81	9,795
P53992	Protein transport protein Sec24C OS=Homo sapiens GN=SEC24C PE=1 SV=3	1	1	1	118,2	7,06	9,783
O14828	Secretory carrier-associated membrane protein 3 OS=Homo sapiens GN=SCAMP3 PE=1 SV=3	5	3	1	38,3	7,64	9,719
B4DJV9	cDNA FLJ60607, highly similar to Acyl-protein thioesterase 1 (EC 3.1.2.-) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	5	2	1	28,3	7,64	9,653
B4DVA7	Beta-hexosaminidase OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	4	2	2	62	5,26	9,607
M0QXB5	Persulfide dioxygenase ETHE1, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=ETHE1 PE=1 SV=1	12	4	2	28,4	6,52	9,554
P01625	Ig kappa chain V-IV region Len OS=Homo sapiens PE=1 SV=2	37	25	1	12,6	7,93	9,418
Q5U000	Cathepsin Z OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	7	6	2	33,8	7,11	9,326
Q9UJ70	N-acetyl-D-glucosamine kinase OS=Homo sapiens GN=NAGK PE=1 SV=4	23	13	6	37,4	6,24	9,262
Q15008	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 6 OS=Homo sapiens GN=PSMD6 PE=1 SV=1	2	1	1	45,5	5,62	8,89
Q14344	Guanine nucleotide-binding protein subunit alpha-13 OS=Homo sapiens GN=GNA13 PE=1 SV=2	6	12	1	44	8	8,813
P01903	HLA class II histocompatibility antigen, DR alpha chain OS=Homo sapiens GN=HLA-DRA PE=1 SV=1	21	31	3	28,6	5	8,795
A6XMH	Beta-2-microglobulin OS=Homo	10	4	2	14,4	7,03	8,711

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
4	sapiens PE=2 SV=1						
E3SWF7	MHC class I antigen (Fragment) OS=Homo sapiens GN=HLA-A PE=3 SV=1	22	13	1	20,9	6,7	8,639
Q9Y3B3	Transmembrane emp24 domain- containing protein 7 OS=Homo sapiens GN=TMED7 PE=1 SV=2	4	2	1	25,2	6,89	8,575
Q6IBS0	Twinfilin-2 OS=Homo sapiens GN=TWFL2 PE=1 SV=2	10	5	2	39,5	6,84	8,424
U6FVB0	Tyrosine-protein kinase receptor OS=Homo sapiens GN=CD74- Ntrk1 fusion gene PE=2 SV=1	10	16	6	70,3	8,13	8,328
P30837	Aldehyde dehydrogenase X, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=ALDH1B1 PE=1 SV=3	7	5	3	57,2	6,8	8,315
A0A024 R2A7	Lectin, mannose-binding, 1, isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=LMAN1 PE=4 SV=1	15	13	5	57,5	6,77	8,296
P08246	Neutrophil elastase OS=Homo sapiens GN=ELANE PE=1 SV=1	4	1	1	28,5	9,35	8,289
P23786	Carnitine O-palmitoyltransferase 2, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=CPT2 PE=1 SV=2	2	1	1	73,7	8,18	8,101
A0A0A6 YYL4	Protein CORO7-PAM16 OS=Homo sapiens GN=CORO7- PAM16 PE=4 SV=1	1	1	1	114,1	6,33	8,091
B2R679	cDNA, FLJ92825, highly similar to Homo sapiens SAR1a gene homolog 1 (S. cerevisiae) (SARA1), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	23	7	3	22,3	7,03	8,045
Q9NYU2	UDP-glucose:glycoprotein glucosyltransferase 1 OS=Homo sapiens GN=UGGT1 PE=1 SV=3	6	19	8	177,1	5,63	7,966
P61626	Lysozyme C OS=Homo sapiens GN=LYZ PE=1 SV=1	14	8	2	16,5	9,16	7,957
B2R7N9	cDNA, FLJ93532, highly similar to Homo sapiens osteomodulin (OMD), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	13	6	3	49,4	5,52	7,943
Q96F07	Cytoplasmic FMR1-interacting protein 2 OS=Homo sapiens GN=CYP2 PE=1 SV=2	1	1	1	148,3	7,31	7,912
Q02978	Mitochondrial 2- oxoglutarate/malate carrier protein OS=Homo sapiens GN=SLC25A11 PE=1 SV=3	9	4	2	34	9,91	7,892

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
Q9H9B4	Sideroflexin-1 OS=Homo sapiens GN=SFXN1 PE=1 SV=4	7	4	1	35,6	9,07	7,676
B3KXY9	cDNA FLJ46359 fis, clone TEST14049786, highly similar to Hexokinase-1 (EC 2.7.1.1) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	1	2	1	106,2	7,17	7,675
Q9BTV4	Transmembrane protein 43 OS=Homo sapiens GN=TMEM43 PE=1 SV=1	14	4	4	44,8	8,13	7,557
A0A024R6R4	Matrix metalloproteinase 2 (Gelatinase A, 72kDa gelatinase, 72kDa type IV collagenase), isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=MMP2 PE=4 SV=1	10	8	3	73,8	5,47	7,504
Q2TUW9	Lactoferrin OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	29	88	2	77,9	8,12	7,452
A0A0A0MT60	FK506-binding protein 15 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=FKBP15 PE=4 SV=1	1	1	1	136,2	5,21	7,428
J3K000	PEPD protein OS=Homo sapiens GN=PEPD PE=2 SV=1	11	7	3	54,5	6	7,414
D3G9K2	MHC class I antigen (Fragment) OS=Homo sapiens GN=HLA-A PE=3 SV=1	16	5	2	21,1	7,58	7,277
P29992	Guanine nucleotide-binding protein subunit alpha-11 OS=Homo sapiens GN=GNA11 PE=1 SV=2	13	8	3	42,1	5,69	7,232
P12268	Inosine-5'-monophosphate dehydrogenase 2 OS=Homo sapiens GN=IMPDH2 PE=1 SV=2	2	2	1	55,8	6,9	7,157
P40199	Carcinoembryonic antigen-related cell adhesion molecule 6 OS=Homo sapiens GN=CEACAM6 PE=1 SV=3	6	2	1	37,2	5,82	7,133
D3DP46	Signal peptidase complex subunit 3 homolog (S. cerevisiae), isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=SPCS3 PE=4 SV=1	18	4	3	20,3	8,97	7,121
P15153	Ras-related C3 botulinum toxin substrate 2 OS=Homo sapiens GN=RAC2 PE=1 SV=1	8	5	2	21,4	7,61	7,101
Q7L4Q3	Glutathione peroxidase OS=Homo sapiens GN=GPX1 PE=2 SV=1	19	9	4	22,1	6,55	7,097
P53618	Coatomer subunit beta OS=Homo sapiens GN=COPB1 PE=1 SV=3	5	6	3	107,1	6,05	7,097
P53634	Dipeptidyl peptidase 1	6	5	2	51,8	6,99	7,043

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
	OS=Homo sapiens GN=CTSC PE=1 SV=2						
O96019	Actin-like protein 6A OS=Homo sapiens GN=ACTL6A PE=1 SV=1	3	2	1	47,4	5,6	6,994
B2R888	Monocyte differentiation antigen CD14 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	8	4	2	40	6,23	6,772
V9HWI3	Cathepsin D (Lysosomal aspartyl peptidase), isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=HEL-S-130P PE=2 SV=1	26	43	9	44,5	6,54	6,677
A0A024 QZT4	Serin peptidase inhibitor, clade B (Ovalbumin), member 9, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=SERPINB9 PE=3 SV=1	9	4	3	42,4	5,86	6,664
Q6NS36	Ferritin (Fragment) OS=Homo sapiens GN=FTH1 PE=2 SV=1	25	29	5	26,2	6,52	6,651
Q7RU04	Aminopeptidase B OS=Homo sapiens GN=RNPEP PE=4 SV=1	1	3	1	73,5	6,11	6,622
Q9Y5U9	Immediate early response 3-interacting protein 1 OS=Homo sapiens GN=IER3IP1 PE=1 SV=1	24	3	1	9	8,22	6,548
P14780	Matrix metalloproteinase-9 OS=Homo sapiens GN=MMP9 PE=1 SV=3	5	8	3	78,4	6,06	6,434
Q4LE60	TNPO2 variant protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=TNPO2 variant protein PE=2 SV=1	2	4	2	117,6	5,64	6,344
Q9Y3Z3	Deoxynucleoside triphosphate triphosphohydrolase SAMHD1 OS=Homo sapiens GN=SAMHD1 PE=1 SV=2	20	22	11	72,2	7,14	6,342
Q8N2U0	Transmembrane protein 256 OS=Homo sapiens GN=TMEM256 PE=2 SV=1	25	1	1	11,7	8,94	6,326
Q07812	Apoptosis regulator BAX OS=Homo sapiens GN=BAX PE=1 SV=1	7	3	1	21,2	5,22	6,32
Q6ICQ8	ARHG protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ARHG PE=2 SV=1	20	6	3	21,3	8,12	6,301
A8K865	cDNA FLJ75789, highly similar to Homo sapiens synaptophysin-like 1 (SYPL1), transcript variant 1, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	14	5	2	28,5	7,99	6,286
E9LUX2	Hemoglobin alpha-2 chain	41	18	1	7,7	7,62	6,279

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
	variant (Fragment) OS=Homo sapiens GN=HBA2 PE=3 SV=1						
P05023	Sodium/potassium-transporting ATPase subunit alpha-1 OS=Homo sapiens GN=ATP1A1 PE=1 SV=1	11	18	7	112,8	5,49	6,236
Q03169	Tumor necrosis factor alpha-induced protein 2 OS=Homo sapiens GN=TNFAIP2 PE=1 SV=2	4	7	2	72,6	6,46	6,208
B4DRS6	cDNA FLJ58980, highly similar to Sideroflexin-3 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	11	3	2	36,3	9,01	6,135
A0A024 R5X2	HCG2001986, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=hCG_2001986 PE=4 SV=1	23	20	7	49,9	9,11	6,061
Q14204	Cytoplasmic dynein 1 heavy chain 1 OS=Homo sapiens GN=DYNC1H1 PE=1 SV=5	5	28	18	532,1	6,4	6,029
P05164	Myeloperoxidase OS=Homo sapiens GN=MPO PE=1 SV=1	29	85	17	83,8	8,97	5,958
A0A024 RAI1	ARP3 actin-related protein 3 homolog (Yeast), isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=ACTR3 PE=3 SV=1	23	30	7	47,3	5,88	5,928
Q86VB7	Scavenger receptor cysteine-rich type 1 protein M130 OS=Homo sapiens GN=CD163 PE=1 SV=2	3	7	3	125,4	5,95	5,919
Q9Y678	Coatomer subunit gamma-1 OS=Homo sapiens GN=COPG1 PE=1 SV=1	7	12	5	97,7	5,47	5,889
A0A024 QZY1	JTV1 gene, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=JTV1 PE=4 SV=1	3	1	1	35,3	8,22	5,886
B9WPM 3	MHC class II antigen (Fragment) OS=Homo sapiens GN=HLA-DRB1 PE=4 SV=1	39	16	1	21,5	5,76	5,869
Q53EY4	RAB31, member RAS oncogene family variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	6	3	1	21,7	7,06	5,843
E9PNQ8	Thy-1 membrane glycoprotein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=THY1 PE=4 SV=1	16	14	3	18,2	9,16	5,831
P20160	Azurocidin OS=Homo sapiens GN=AZU1 PE=1 SV=3	8	13	2	26,9	9,5	5,814
B0AZQ4	cDNA, FLJ79494, highly similar to Structural maintenance of chromosome 3 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	1	1	1	141,4	7,18	5,796
Q86Y46	Keratin, type II cytoskeletal 73 OS=Homo sapiens GN=KRT73	3	12	1	58,9	7,23	5,784

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
	PE=1 SV=1						
A8K7T4	cDNA FLJ75774, highly similar to Homo sapiens lectin, mannose-binding 2 (LMAN2), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	11	8	3	40,2	6,95	5,701
Q8IXM2	Chromatin complexes subunit BAP18 OS=Homo sapiens GN=BAP18 PE=1 SV=1	8	3	1	17,9	7,33	5,697
B4E3D4	cDNA FLJ56293, highly similar to Transmembrane glycoprotein NMB OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	4	9	2	68	6,19	5,658
Q15436	Protein transport protein Sec23A OS=Homo sapiens GN=SEC23A PE=1 SV=2	4	3	2	86,1	7,08	5,647
B2RE46	cDNA, FLJ96923, highly similar to Homo sapiens ribophorin II (RPN2), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	31	24	8	69,3	5,78	5,64
P51571	Translocon-associated protein subunit delta OS=Homo sapiens GN=SSR4 PE=1 SV=1	25	10	3	19	6,15	5,632
B4E2A6	cDNA FLJ55508, highly similar to Sad1/unc-84-like protein 2 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	10	10	4	83,9	6,84	5,606
A0A024 RA40	Carboxypeptidase, vitellogenin-like, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=CPVL PE=4 SV=1	5	4	2	54,1	5,62	5,604
P04899	Guanine nucleotide-binding protein G(i) subunit alpha-2 OS=Homo sapiens GN=GNAI2 PE=1 SV=3	25	28	6	40,4	5,54	5,592
P28838	Cytosol aminopeptidase OS=Homo sapiens GN=LAP3 PE=1 SV=3	24	23	9	56,1	7,93	5,511
A0A024 R374	Cathepsin B, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=CTSB PE=3 SV=1	17	15	4	37,8	6,3	5,497
P24158	Myeloblastin OS=Homo sapiens GN=PRTN3 PE=1 SV=3	21	17	4	27,8	8,35	5,483
K7N7A8	Uncharacterized protein (Fragment) OS=Homo sapiens PE=3 SV=2	4	3	1	48,8	5,22	5,461
P46459	Vesicle-fusing ATPase OS=Homo sapiens GN=NSF PE=1 SV=3	1	1	1	82,5	6,95	5,407
Q99715	Collagen alpha-1(XII) chain OS=Homo sapiens GN=COL12A1 PE=1 SV=2	17	114	37	332,9	5,53	5,404
Q9H2A2	Aldehyde dehydrogenase family	2	1	1	53,4	7,14	5,384

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
	8 member A1 OS=Homo sapiens GN=ALDH8A1 PE=1 SV=1						
P29590	Protein PML OS=Homo sapiens GN=PML PE=1 SV=3	5	8	3	97,5	6,21	5,382
P62136	Serine/threonine-protein phosphatase PP1-alpha catalytic subunit OS=Homo sapiens GN=PPP1CA PE=1 SV=1	13	8	1	37,5	6,33	5,366
B4DDJ5	Macrophage scavenger receptor types I and II OS=Homo sapiens GN=MSR1 PE=2 SV=1	6	1	1	51,7	6,14	5,352
C9JIF9	Acylamino-acid-releasing enzyme OS=Homo sapiens GN=APEH PE=1 SV=1	2	1	1	81,6	5,54	5,349
A0A024 R7M0	Transmembrane emp24 protein transport domain containing 9, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=TMED9 PE=3 SV=1	21	8	4	27,3	8,02	5,338
P11177	Pyruvate dehydrogenase E1 component subunit beta, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=PDHB PE=1 SV=3	8	4	2	39,2	6,65	5,329
F8WA42	Sulfatase-modifying factor 2 OS=Homo sapiens GN=SUMF2 PE=1 SV=1	3	1	1	39,5	9,72	5,327
Q969H8	UPF0556 protein C19orf10 OS=Homo sapiens GN=C19orf10 PE=1 SV=1	20	7	3	18,8	6,68	5,285
A0A024 R994	Copine III, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=CPNE3 PE=4 SV=1	8	10	4	60,1	5,85	5,277
B2R9S4	cDNA, FLJ94534, highly similar to Homo sapiens capping protein (actin filament), gelsolin-like(CAPG), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	35	34	8	38,5	6,37	5,269
Q86UX7	Fermitin family homolog 3 OS=Homo sapiens GN=FERMT3 PE=1 SV=1	6	6	3	75,9	6,98	5,217
B4DJ38	cDNA FLJ56092, highly similar to Pentatricopeptide repeat protein 1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	2	3	1	84,1	8,57	5,193
B4E1J8	cDNA FLJ56285, highly similar to ADP-ribosylation factor-like protein 8B OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	10	10	2	27,2	9,66	5,178
P68366	Tubulin alpha-4A chain OS=Homo sapiens GN=TUBA4A PE=1 SV=1	31	98	2	49,9	5,06	5,166

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
Q9BUF5	Tubulin beta-6 chain OS=Homo sapiens GN=TUBB6 PE=1 SV=1	20	40	1	49,8	4,88	5,141
P04843	Dolichyl-diphosphooligosaccharide--protein glycosyltransferase subunit 1 OS=Homo sapiens GN=RPN1 PE=1 SV=1	35	57	15	68,5	6,38	5,11
A0A087WZW8	Protein IGKV3-11 OS=Homo sapiens GN=IGKV3-11 PE=4 SV=1	36	301	1	25,6	6,01	5,104
P26641	Elongation factor 1-gamma OS=Homo sapiens GN=EEF1G PE=1 SV=3	26	24	8	50,1	6,67	5,09
P27105	Erythrocyte band 7 integral membrane protein OS=Homo sapiens GN=STOM PE=1 SV=3	31	18	6	31,7	7,88	5,073
A0A024R611	Coronin OS=Homo sapiens GN=CORO1A PE=3 SV=1	26	24	9	51	6,68	5,064
A6NI72	Putative neutrophil cytosol factor 1B OS=Homo sapiens GN=NCF1B PE=5 SV=2	2	2	1	44,8	9,13	5,05
Q8N1G4	Leucine-rich repeat-containing protein 47 OS=Homo sapiens GN=LRRC47 PE=1 SV=1	6	3	2	63,4	8,28	5,023
A0A068LKQ0	Ig heavy chain variable region (Fragment) OS=Homo sapiens PE=4 SV=1	10	10	1	13,3	5,99	5,003
P23368	NAD-dependent malic enzyme, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=ME2 PE=1 SV=1	3	2	1	65,4	7,61	4,994
Q9Y3I0	tRNA-splicing ligase RtcB homolog OS=Homo sapiens GN=RTCB PE=1 SV=1	5	2	2	55,2	7,23	4,99
P21399	Cytoplasmic aconitate hydratase OS=Homo sapiens GN=ACO1 PE=1 SV=3	6	6	4	98,3	6,68	4,951
Q9HB40	Retinoid-inducible serine carboxypeptidase OS=Homo sapiens GN=SCPEP1 PE=1 SV=1	2	3	1	50,8	5,81	4,941
A0A024R0K5	Carcinoembryonic antigen-related cell adhesion molecule 5 OS=Homo sapiens GN=CEACAM5 PE=4 SV=1	1	1	1	76,7	5,69	4,929
P99999	Cytochrome c OS=Homo sapiens GN=CYCS PE=1 SV=2	32	8	4	11,7	9,57	4,926
P46063	ATP-dependent DNA helicase Q1 OS=Homo sapiens GN=RECQL PE=1 SV=3	6	2	2	73,4	7,88	4,898
X5CMJ9	Proteasome subunit beta type OS=Homo sapiens GN=PSM8	10	7	2	30,3	7,43	4,896

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
	PE=3 SV=1						
P16930	Fumarylacetoacetase OS=Homo sapiens GN=FAH PE=1 SV=2	3	1	1	46,3	6,95	4,895
K7ES00	Histone H3.3 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=H3F3B PE=1 SV=1	12	7	2	16,6	11,84	4,89
Q8NFH9	MLL/SEPTIN6 fusion protein (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	12	14	2	63,1	8,02	4,854
A0A024 R371	ADP-ribosylation-like factor 6 interacting protein 5, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=ARL6IP5 PE=4 SV=1	20	11	3	21,6	9,77	4,843
P35606	Coatomer subunit beta' OS=Homo sapiens GN=COPB2 PE=1 SV=2	8	4	4	102,4	5,27	4,783
P17858	ATP-dependent 6-phosphofructokinase, liver type OS=Homo sapiens GN=PFKL PE=1 SV=6	2	2	1	85	7,5	4,782
B5BUE6	ATP-dependent RNA helicase DDX5 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=DDX5 PE=2 SV=1	4	8	1	69,1	8,92	4,78
Q59GX2	Solute carrier family 2 (Facilitated glucose transporter), member 1 variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	3	4	2	57	9,47	4,779
M9MML0	Low affinity immunoglobulin gamma Fc region receptor III-A OS=Homo sapiens GN=FCGR3A PE=4 SV=1	4	4	1	32,7	8,1	4,771
A0A024 RDG1	Vesicle docking protein p115, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=VDP PE=4 SV=1	3	6	2	107,8	4,91	4,757
A0A087 WVQ6	Clathrin heavy chain OS=Homo sapiens GN=CLTC PE=3 SV=1	28	96	32	191,9	5,69	4,737
A8K666	cDNA FLJ75460, highly similar to Homo sapiens phenylalanine-tRNA synthetase-like, beta subunit, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	2	2	1	66	6,98	4,715
J9R021	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit A OS=Homo sapiens GN=eIF3a PE=2 SV=1	1	2	1	166,4	6,79	4,696
P11215	Integrin alpha-M OS=Homo sapiens GN=ITGAM PE=1 SV=2	7	7	5	127,1	7,23	4,669
P05109	Protein S100-A8 OS=Homo sapiens GN=S100A8 PE=1 SV=1	35	31	4	10,8	7,03	4,65
A0A024	Solute carrier family 39 (Zinc	3	1	1	50,1	6,87	4,646

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
RCX7	transporter), member 7, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=SLC39A7 PE=4 SV=1						
P18085	ADP-ribosylation factor 4 OS=Homo sapiens GN=ARF4 PE=1 SV=3	40	12	2	20,5	7,14	4,634
P48426	Phosphatidylinositol 5-phosphate 4-kinase type-2 alpha OS=Homo sapiens GN=PIP4K2A PE=1 SV=2	3	1	1	46,2	6,99	4,632
Q4LE33	TNC variant protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=TNC variant protein PE=2 SV=1	23	104	3	244,2	4,94	4,586
A0A024 RDT4	Lymphocyte cytosolic protein 1 (L-plastin), isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=LCP1 PE=4 SV=1	51	93	21	70,2	5,43	4,579
Q7Z4X0	MO25-like protein OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	3	2	1	39,7	7,47	4,563
Q7Z4Y4	GTP:AMP phosphotransferase AK3, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=AK3 PE=2 SV=1	14	9	3	25,6	9,31	4,553
P31930	Cytochrome b-c1 complex subunit 1, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=UQCRC1 PE=1 SV=3	18	20	5	52,6	6,37	4,544
D3DSY9	Farnesyltransferase, CAAX box, alpha, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=FNTA PE=4 SV=1	4	1	1	52,6	5,57	4,538
A0A0A0 MTS2	Glucose-6-phosphate isomerase (Fragment) OS=Homo sapiens GN=GPI PE=4 SV=1	27	24	9	64,8	9,04	4,502
V9HWH 1	Epididymis luminal protein 57 OS=Homo sapiens GN=HEL57 PE=2 SV=1	45	39	13	42,7	6,28	4,478
A8K2X4	cDNA FLJ75401, highly similar to Homo sapiens endoglin (Osler-Rendu-Weber syndrome 1), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	2	1	1	70,5	6,61	4,466
P50570	Dynamin-2 OS=Homo sapiens GN=DNM2 PE=1 SV=2	4	3	2	98	7,44	4,461
Q53XS4	Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type OS=Homo sapiens GN=PTPN6 PE=2 SV=1	6	4	2	67,7	7,78	4,456
B3KSH1	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit F OS=Homo sapiens GN=EIF3F PE=2 SV=1	10	7	2	39,1	5,45	4,436
Q9Y3A6	Transmembrane emp24 domain-containing protein 5 OS=Homo	5	3	1	26	4,84	4,392

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
	sapiens GN=TMED5 PE=1 SV=1						
B4E290	cDNA FLJ50039, highly similar to Homo sapiens solute carrier family 25, member 24, transcript variant 1, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	3	5	1	53,3	6,61	4,382
Q6NVC0	SLC25A5 protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=SLC25A5 PE=2 SV=1	25	22	2	35,3	9,82	4,375
Q53GF9	Full-length cDNA 5-PRIME end of clone CS0DF013YM24 of Fetal brain of Homo sapiens (Human) variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	14	8	3	25,6	6,7	4,375
A0A024 RCN6	Valyl-tRNA synthetase, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=VARS PE=3 SV=1	2	5	2	140,4	7,59	4,355
Q5R1M0	MHC class I antigen (Fragment) OS=Homo sapiens GN=HLA-A PE=3 SV=1	26	11	1	31,6	6,6	4,34
P28331	NADH-ubiquinone oxidoreductase 75 kDa subunit, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=NDUFS1 PE=1 SV=3	9	7	4	79,4	6,23	4,338
P11233	Ras-related protein Ral-A OS=Homo sapiens GN=RALA PE=1 SV=1	14	3	2	23,6	7,11	4,301
Q16666	Gamma-interferon-inducible protein 16 OS=Homo sapiens GN=IFI16 PE=1 SV=3	1	1	1	88,2	9,28	4,292
J3QSU6	Tenascin OS=Homo sapiens GN=TNC PE=1 SV=1	25	95	2	220,7	4,93	4,286
P55786	Puromycin-sensitive aminopeptidase OS=Homo sapiens GN=NPEPPS PE=1 SV=2	4	6	3	103,2	5,72	4,283
P21796	Voltage-dependent anion-selective channel protein 1 OS=Homo sapiens GN=VDAC1 PE=1 SV=2	43	26	7	30,8	8,54	4,278
P13674	Prolyl 4-hydroxylase subunit alpha-1 OS=Homo sapiens GN=P4HA1 PE=1 SV=2	5	2	2	61	6,01	4,269
P61026	Ras-related protein Rab-10 OS=Homo sapiens GN=RAB10 PE=1 SV=1	38	28	4	22,5	8,38	4,259
Q9UBG0	C-type mannose receptor 2 OS=Homo sapiens GN=MRC2 PE=1 SV=2	3	9	4	166,6	5,83	4,236
P13073	Cytochrome c oxidase subunit 4	12	6	2	19,6	9,51	4,227

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
	isoform 1, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=COX4I1 PE=1 SV=1						
Q8N357	Solute carrier family 35 member F6 OS=Homo sapiens GN=SLC35F6 PE=1 SV=1	3	3	1	40,2	6,93	4,214
A0A024 R978	Chromosome 1 open reading frame 24, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=C1orf24 PE=4 SV=1	2	2	1	103,1	4,78	4,162
O75396	Vesicle-trafficking protein SEC22b OS=Homo sapiens GN=SEC22B PE=1 SV=4	11	4	2	24,6	6,92	4,129
P41250	Glycine--tRNA ligase OS=Homo sapiens GN=GARS PE=1 SV=3	5	2	2	83,1	7,03	4,117
A0A024 RAD5	Dolichyl- diphosphooligosaccharide-- protein glycosyltransferase 48 kDa subunit OS=Homo sapiens GN=DDOST PE=3 SV=1	28	23	7	50,7	6,4	4,099
A0N5G5	Rheumatoid factor D5 light chain (Fragment) OS=Homo sapiens GN=V<kappa>3 PE=2 SV=1	23	22	1	12,8	8,97	4,088
Q8WX93	Palladin OS=Homo sapiens GN=PALLD PE=1 SV=3	1	2	1	150,5	7,09	4,082
A0A024 R6W0	Aspartate aminotransferase OS=Homo sapiens GN=GOT2 PE=3 SV=1	6	7	2	47,4	9,01	4,054
A8KAP3	cDNA FLJ78483, highly similar to Homo sapiens elongation factor Tu GTP binding domain containing 2 (EFTUD2), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	4	7	2	109,4	5,01	4,054
B7Z6L0	Annexin OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	13	17	7	65,6	8,27	4,053
P63261	Actin, cytoplasmic 2 OS=Homo sapiens GN=ACTG1 PE=1 SV=1	68	371	1	41,8	5,48	4,045
V9HWG 3	Epididymis secretory protein Li 45 OS=Homo sapiens GN=HEL- S-45 PE=2 SV=1	18	30	8	77,3	5,22	4,005
P14868	Aspartate--tRNA ligase, cytoplasmic OS=Homo sapiens GN=DARS PE=1 SV=2	8	12	3	57,1	6,55	3,992
B0YIW6	Archain 1, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=ARCNI PE=4 SV=1	7	9	3	61,6	5,85	3,957
Q14165	Malectin OS=Homo sapiens GN=MLEC PE=1 SV=1	4	2	1	32,2	5,41	3,953
P28676	Grancalcin OS=Homo sapiens GN=GCA PE=1 SV=2	5	3	1	24	5,21	3,938

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
A8K8D9	Glucose-6-phosphate 1-dehydrogenase OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	15	14	7	59,3	6,73	3,931
P54136	Arginine--tRNA ligase, cytoplasmic OS=Homo sapiens GN=RARS PE=1 SV=2	5	7	3	75,3	6,68	3,92
D3DQU2	Tripeptidyl peptidase I, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=TPP1 PE=4 SV=1	15	38	5	62,2	6,65	3,905
O00764	Pyridoxal kinase OS=Homo sapiens GN=PDXK PE=1 SV=1	15	9	3	35,1	6,13	3,89
P11279	Lysosome-associated membrane glycoprotein 1 OS=Homo sapiens GN=LAMP1 PE=1 SV=3	9	19	3	44,9	8,75	3,881
Q8WU39	Marginal zone B- and B1-cell-specific protein OS=Homo sapiens GN=MZB1 PE=1 SV=1	31	15	4	20,7	5,57	3,872
Q02252	Methylmalonate-semialdehyde dehydrogenase [acylating], mitochondrial OS=Homo sapiens GN=ALDH6A1 PE=1 SV=2	4	2	2	57,8	8,5	3,86
O75964	ATP synthase subunit g, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=ATP5L PE=1 SV=3	47	13	4	11,4	9,64	3,852
Q59ER5	WD repeat-containing protein 1 isoform 1 variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	19	26	7	68,1	7,23	3,832
Q9NZM1	Myoferlin OS=Homo sapiens GN=MYOF PE=1 SV=1	6	19	10	234,6	6,18	3,826
A8K8U1	cDNA FLJ77762, highly similar to Homo sapiens cullin-associated and neddylation-dissociated 1 (CAND1), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	6	9	5	136,2	5,83	3,802
B0QZ18	Copine-1 OS=Homo sapiens GN=CPNE1 PE=4 SV=1	8	8	4	59,7	6,04	3,762
P25788	Proteasome subunit alpha type-3 OS=Homo sapiens GN=PSMA3 PE=1 SV=2	13	9	3	28,4	5,33	3,76
G3V5Z7	Proteasome subunit alpha type OS=Homo sapiens GN=PSMA6 PE=1 SV=1	8	4	2	28,1	6,76	3,757
A0A024R5H8	RAB6A, member RAS oncogene family, isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=RAB6A PE=3 SV=1	11	9	1	23,5	5,54	3,739
D3DSQ1	N-acylsphingosine amidohydrolase (Acid ceramidase) 1, isoform CRA_c OS=Homo sapiens GN=ASAHI	14	20	6	60,6	8,81	3,725

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
	PE=4 SV=1						
P07686	Beta-hexosaminidase subunit beta OS=Homo sapiens GN=HEXB PE=1 SV=3	4	4	2	63,1	6,76	3,72
A0A024 R118	Methyltransferase like 7A, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=METTL7A PE=4 SV=1	6	4	1	28,3	8,38	3,684
G3V180	Dipeptidyl peptidase 3 OS=Homo sapiens GN=DPP3 PE=4 SV=1	2	1	1	84,3	5,03	3,682
O95139	NADH dehydrogenase [ubiquinone] 1 beta subcomplex subunit 6 OS=Homo sapiens GN=NDUFB6 PE=1 SV=3	10	2	1	15,5	9,63	3,677
O95169	NADH dehydrogenase [ubiquinone] 1 beta subcomplex subunit 8, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=NDUFB8 PE=1 SV=1	6	3	1	21,8	6,8	3,671
A0A024 QZ30	Succinate dehydrogenase complex, subunit A, flavoprotein (Fp), isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=SDHA PE=4 SV=1	16	15	7	72,6	7,39	3,669
Q59EA2	Coronin (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	10	10	3	56,3	8,19	3,668
B7Z268	Single-stranded DNA-binding protein OS=Homo sapiens GN=SSBP1 PE=2 SV=1	14	4	2	18,5	10,1	3,667
B4DEH1	cDNA FLJ60436, highly similar to Homo sapiens dolichyl-phosphate mannosyltransferase polypeptide 3, transcript variant 1, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	6	3	1	18,3	9,1	3,664
Q1KMD 3	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein U-like protein 2 OS=Homo sapiens GN=HNRNPUL2 PE=1 SV=1	1	4	1	85,1	4,91	3,647
P27487	Dipeptidyl peptidase 4 OS=Homo sapiens GN=DPP4 PE=1 SV=2	6	7	4	88,2	6,04	3,637
O15511	Actin-related protein 2/3 complex subunit 5 OS=Homo sapiens GN=ARPC5 PE=1 SV=3	17	6	2	16,3	5,67	3,623
E5RK69	Annexin OS=Homo sapiens GN=ANXA6 PE=1 SV=1	47	104	2	51,7	6,05	3,613
Q5U0I6	H.sapiens ras-related Hrab1A protein OS=Homo sapiens GN=RAB1A PE=2 SV=1	40	26	5	22,7	6,21	3,613
A0A024	Chromosome 11 open reading	5	1	1	35,1	6,7	3,61

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
R396	frame 54, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=C11orf54 PE=4 SV=1						
O15031	Plexin-B2 OS=Homo sapiens GN=PLXNB2 PE=1 SV=3	1	2	1	205	6,24	3,609
V9HW88	Calreticulin, isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=HEL-S-99n PE=2 SV=1	49	97	15	48,1	4,44	3,603
O75390	Citrate synthase, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=CS PE=1 SV=2	25	24	7	51,7	8,32	3,599
P26373	60S ribosomal protein L13 OS=Homo sapiens GN=RPL13 PE=1 SV=4	5	2	1	24,2	11,65	3,59
P46776	60S ribosomal protein L27a OS=Homo sapiens GN=RPL27A PE=1 SV=2	7	4	1	16,6	11	3,589
P25815	Protein S100-P OS=Homo sapiens GN=S100P PE=1 SV=2	24	4	2	10,4	4,88	3,579
Q14764	Major vault protein OS=Homo sapiens GN=MVP PE=1 SV=4	34	55	20	99,3	5,48	3,576
Q5HYG7	Putative uncharacterized protein DKFZp686M24262 OS=Homo sapiens GN=DKFZp686M24262 PE=2 SV=1	15	11	5	50,3	7,8	3,55
O95831	Apoptosis-inducing factor 1, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=AIFM1 PE=1 SV=1	4	4	2	66,9	8,95	3,544
P02461	Collagen alpha-1(III) chain OS=Homo sapiens GN=COL3A1 PE=1 SV=4	4	11	4	138,5	6,61	3,542
A0A024RAR8	Type 1 tumor necrosis factor receptor shedding aminopeptidase regulator, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=ARTS-1 PE=4 SV=1	7	6	4	107,1	6,34	3,541
P22695	Cytochrome b-c1 complex subunit 2, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=UQCRC2 PE=1 SV=3	13	12	4	48,4	8,63	3,535
P05362	Intercellular adhesion molecule 1 OS=Homo sapiens GN=ICAM1 PE=1 SV=2	5	7	2	57,8	7,99	3,523
E9KL35	Epididymis tissue sperm binding protein Li 3a OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	32	38	8	35,1	7,69	3,519
Q5JR94	40S ribosomal protein S8 OS=Homo sapiens GN=RPS8 PE=2 SV=1	3	2	1	24,2	10,32	3,501
O15144	Actin-related protein 2/3	39	38	9	34,3	7,36	3,492

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
	complex subunit 2 OS=Homo sapiens GN=ARPC2 PE=1 SV=1						
A0A024 R4N0	HCG1640809, isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=hCG 1640809 PE=4 SV=1	3	2	1	35,3	8,15	3,491
P02452	Collagen alpha-1(I) chain OS=Homo sapiens GN=COL1A1 PE=1 SV=5	7	37	3	138,9	5,8	3,486
P27824	Calnexin OS=Homo sapiens GN=CANX PE=1 SV=2	19	55	10	67,5	4,6	3,466
A8K1Z2	Glycerol-3-phosphate dehydrogenase OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	1	1	1	80,7	7,36	3,452
Q9HDC9	Adipocyte plasma membrane-associated protein OS=Homo sapiens GN=APMAP PE=1 SV=2	19	24	7	46,5	6,16	3,44
S6BGE0	IgG H chain OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	10	30	1	32,2	7,85	3,426
B4DJ30	cDNA FLJ61290, highly similar to Neutral alpha-glucosidase AB OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	30	61	22	112,9	6,06	3,425
P14550	Alcohol dehydrogenase [NADP(+)] OS=Homo sapiens GN=AKR1A1 PE=1 SV=3	18	9	4	36,6	6,79	3,413
Q14108	Lysosome membrane protein 2 OS=Homo sapiens GN=SCARB2 PE=1 SV=2	8	10	3	54,3	5,14	3,39
P47985	Cytochrome b-c1 complex subunit Rieske, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=UQCRC1 PE=1 SV=2	8	3	2	29,6	8,32	3,379
Q92896	Golgi apparatus protein 1 OS=Homo sapiens GN=GLG1 PE=1 SV=2	2	3	2	134,5	6,9	3,344
O94973	AP-2 complex subunit alpha-2 OS=Homo sapiens GN=AP2A2 PE=1 SV=2	5	6	1	103,9	6,96	3,335
Q16658	Fascin OS=Homo sapiens GN=FSCN1 PE=1 SV=3	7	8	3	54,5	7,24	3,329
A0A024 R8Z5	Brain protein 44, isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=BRP44 PE=4 SV=1	9	1	1	14,3	10,43	3,303
P12081	Histidine--tRNA ligase, cytoplasmic OS=Homo sapiens GN=HARS PE=1 SV=2	5	4	2	57,4	5,88	3,299
B2R659	cDNA, FLJ92803, highly similar to Homo sapiens hydroxysteroid (17-beta) dehydrogenase 4 (HSD17B4), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	13	16	6	79,6	8,9	3,277

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
P28065	Proteasome subunit beta type-9 OS=Homo sapiens GN=PSMB9 PE=1 SV=2	5	3	1	23,3	5,03	3,272
Q9NZL9	Methionine adenosyltransferase 2 subunit beta OS=Homo sapiens GN=MAT2B PE=1 SV=1	4	3	1	37,5	7,36	3,246
V9HW63	Epididymis secretory sperm binding protein Li 97n OS=Homo sapiens GN=HEL-S-97n PE=2 SV=1	32	33	6	30,5	6,29	3,24
P61163	Alpha-centractin OS=Homo sapiens GN=ACTR1A PE=1 SV=1	11	5	3	42,6	6,64	3,229
P55735	Protein SEC13 homolog OS=Homo sapiens GN=SEC13 PE=1 SV=3	3	5	1	35,5	5,48	3,222
A8K9E4	cDNA FLJ76459, highly similar to Homo sapiens matrix metalloproteinase 8 (neutrophil collagenase) (MMP8), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	3	2	1	53,4	6,55	3,221
Q8IUX7	Adipocyte enhancer-binding protein 1 OS=Homo sapiens GN=AEBP1 PE=1 SV=1	5	12	4	130,8	5,11	3,213
P07954	Fumarate hydratase, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=FB PE=1 SV=3	8	10	3	54,6	8,76	3,202
Q6FII1	Glutathione S-transferase kappa 1 OS=Homo sapiens GN=LOC51064 PE=2 SV=1	13	5	2	25,5	8,41	3,198
F4ZW62	NF45 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	8	7	3	43	5,26	3,196
B0YJ88	Radixin OS=Homo sapiens GN=RDX PE=2 SV=1	12	24	3	68,5	6,37	3,195
P51148	Ras-related protein Rab-5C OS=Homo sapiens GN=RAB5C PE=1 SV=2	31	13	5	23,5	8,41	3,179
Q96QK1	Vacuolar protein sorting-associated protein 35 OS=Homo sapiens GN=VPS35 PE=1 SV=2	9	12	5	91,6	5,49	3,172
P61225	Ras-related protein Rap-2b OS=Homo sapiens GN=RAP2B PE=1 SV=1	18	3	2	20,5	4,81	3,17
X6R8F3	Neutrophil gelatinase-associated lipocalin OS=Homo sapiens GN=LCN2 PE=1 SV=1	8	1	1	22,8	8,5	3,156
P17980	26S protease regulatory subunit 6A OS=Homo sapiens GN=PSMC3 PE=1 SV=3	6	5	2	49,2	5,24	3,153
B7Z9B8	cDNA FLJ56912, highly similar to Fibulin-2 OS=Homo sapiens	6	11	5	129,3	4,87	3,15

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
	PE=2 SV=1						
O75489	NADH dehydrogenase [ubiquinone] iron-sulfur protein 3, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=NDUFS3 PE=1 SV=1	23	11	5	30,2	7,5	3,131
A8K7F6	cDNA FLJ78244, highly similar to Homo sapiens eukaryotic translation initiation factor 4A, isoform 1 (EIF4A1), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	21	24	6	46,1	5,48	3,099
D3DTX7	Collagen, type I, alpha 1, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=COL1A1 PE=4 SV=1	11	44	2	84,7	6,24	3,083
P23284	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase B OS=Homo sapiens GN=PPIB PE=1 SV=2	44	38	10	23,7	9,41	3,039
B2R4C0	60S ribosomal protein L18a OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	4	2	1	20,7	10,71	3,038
A0A024 R0V4	Vasodilator-stimulated phosphoprotein, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=VASP PE=4 SV=1	6	4	2	39,8	8,94	3,029
V9HW34	Epididymis luminal protein 213 OS=Homo sapiens GN=HEL-213 PE=2 SV=1	35	312	1	25,6	6,55	3,025
Q59FI9	Ribosomal protein L12 variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	5	2	1	21,5	10,1	3,025
P05091	Aldehyde dehydrogenase, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=ALDH2 PE=1 SV=2	32	62	14	56,3	7,05	3,024
P61970	Nuclear transport factor 2 OS=Homo sapiens GN=NUTF2 PE=1 SV=1	6	1	1	14,5	5,38	3,013
B2R829	cDNA, FLJ93711, highly similar to Homo sapiens myeloid cell nuclear differentiation antigen (MNDA), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	6	9	2	45,8	9,76	3,009
A8K401	Prohibitin, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=PHB PE=2 SV=1	39	35	9	29,8	5,76	3,006
A0A024 R3Z5	LanC lantibiotic synthetase component C-like 1 (Bacterial), isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=LANCL1 PE=4 SV=1	3	2	1	46,5	7,87	3,004
P16401	Histone H1.5 OS=Homo sapiens GN=HIST1H1B PE=1 SV=3	5	2	1	22,6	10,92	2,984
O14907	Tax1-binding protein 3	14	3	1	13,7	8,48	2,974

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
	OS=Homo sapiens GN=TAX1BP3 PE=1 SV=2						
B3KM21	Family with sequence similarity 36, member A, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=FAM36A PE=2 SV=1	10	2	1	13,3	8,76	2,972
Q9Y277	Voltage-dependent anion-selective channel protein 3 OS=Homo sapiens GN=VDAC3 PE=1 SV=1	25	19	5	30,6	8,66	2,933
O43681	ATPase ASNA1 OS=Homo sapiens GN=ASNA1 PE=1 SV=2	3	5	1	38,8	4,91	2,932
A0A024RBH2	Cytoskeleton-associated protein 4, isoform CRA_c OS=Homo sapiens GN=CKAP4 PE=4 SV=1	39	70	18	66	5,92	2,931
A0A087X1N8	Serpin B6 OS=Homo sapiens GN=SERPINB6 PE=3 SV=1	11	10	3	44,8	5,68	2,919
Q9BZZ5	Apoptosis inhibitor 5 OS=Homo sapiens GN=API5 PE=1 SV=3	6	4	2	59	7,34	2,915
P08123	Collagen alpha-2(I) chain OS=Homo sapiens GN=COL1A2 PE=1 SV=7	9	40	9	129,2	8,95	2,905
Q59FF0	EBNA-2 co-activator variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	15	21	10	107,4	7,52	2,903
J3KQE5	GTP-binding nuclear protein Ran (Fragment) OS=Homo sapiens GN=RAN PE=1 SV=1	15	11	3	26,8	9,58	2,899
P23526	Adenosylhomocysteinase OS=Homo sapiens GN=AHCY PE=1 SV=4	10	9	4	47,7	6,34	2,898
B7Z6C2	cDNA FLJ50663, highly similar to Phosphoglucomutase-1 (EC 5.4.2.2) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	5	3	2	63,7	5,92	2,894
O75340	Programmed cell death protein 6 OS=Homo sapiens GN=PDCD6 PE=1 SV=1	12	6	2	21,9	5,4	2,886
Q02218	2-oxoglutarate dehydrogenase, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=OGDH PE=1 SV=3	8	8	5	115,9	6,86	2,884
O75323	Protein NipSnap homolog 2 OS=Homo sapiens GN=GBAS PE=1 SV=1	3	3	1	33,7	9,36	2,878
B2R657	Annexin OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	3	3	1	52,6	5,52	2,872
A8K2L4	cDNA FLJ76079, highly similar to Homo sapiens lymphocyte-specific protein 1 (LSP1), mRNA OS=Homo sapiens PE=2	18	4	3	37,2	4,74	2,868

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
	SV=1						
P08574	Cytochrome c1, heme protein, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=CYC1 PE=1 SV=3	9	11	2	35,4	9	2,866
B3KY04	cDNA FLJ46506 fis, clone THYMU3030752, highly similar to BTB/POZ domain-containing protein KCTD12 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	29	29	7	35,7	5,64	2,864
B4DWA6	cDNA FLJ60094, highly similar to F-actin capping protein subunit beta OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	17	18	5	37,5	6,14	2,858
Q9UNF0	Protein kinase C and casein kinase substrate in neurons protein 2 OS=Homo sapiens GN=PACSN2 PE=1 SV=2	4	2	2	55,7	5,2	2,853
P26885	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase FKBP2 OS=Homo sapiens GN=FKBP2 PE=1 SV=2	9	6	2	15,6	9,13	2,84
Q59F66	DEAD box polypeptide 17 isoform p82 variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	9	12	4	81	7,93	2,839
Q5ZPR3	CD276 antigen OS=Homo sapiens GN=CD276 PE=1 SV=1	10	5	3	57,2	4,91	2,826
B3KTJ9	cDNA FLJ38393 fis, clone FEBRA2007212 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	4	6	3	102,9	5,22	2,824
Q07960	Rho GTPase-activating protein 1 OS=Homo sapiens GN=ARHGAP1 PE=1 SV=1	20	11	5	50,4	6,29	2,818
P01861	Ig gamma-4 chain C region OS=Homo sapiens GN=IGHG4 PE=1 SV=1	20	188	1	35,9	7,36	2,817
B2R4P2	cDNA, FLJ92164, highly similar to Homo sapiens peroxiredoxin 1 (PRDX1), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	38	48	5	22,2	8,38	2,807
Q53FH6	Mitogen-activated protein kinase kinase 1 interacting protein 1 variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	8	1	1	13,6	7,34	2,805
Q7Z4W1	L-xylulose reductase OS=Homo sapiens GN=DCXR PE=1 SV=2	11	1	1	25,9	8,1	2,805
A8K4T6	cDNA FLJ76282, highly similar to Homo sapiens proteasome (prosome, macropain) 26S subunit, non-ATPase, 5 (PSMD5), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	3	1	1	56,2	5,57	2,798
Q5STX8	Allograft inflammatory factor 1	19	7	2	18	7,24	2,786

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
	(Fragment) OS=Homo sapiens GN=AIF1 PE=4 SV=1						
E7EMK3	Flotillin-2 OS=Homo sapiens GN=FLOT2 PE=1 SV=1	8	5	3	53,1	5,24	2,78
A0A024R845	RAB14, member RAS oncogene family, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=RAB14 PE=3 SV=1	32	11	3	23,9	6,21	2,779
Q9UFN0	Protein NipSnap homolog 3A OS=Homo sapiens GN=NIPSNAP3A PE=1 SV=2	13	6	3	28,4	9,16	2,778
A0A024QZN9	Voltage-dependent anion channel 2, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=VDAC2 PE=4 SV=1	26	20	6	34,5	7,99	2,771
P61204	ADP-ribosylation factor 3 OS=Homo sapiens GN=ARF3 PE=1 SV=2	50	13	3	20,6	7,43	2,768
P28066	Proteasome subunit alpha type-5 OS=Homo sapiens GN=PSMA5 PE=1 SV=3	17	6	3	26,4	4,79	2,763
P51149	Ras-related protein Rab-7a OS=Homo sapiens GN=RAB7A PE=1 SV=1	36	16	6	23,5	6,7	2,754
B9EKV4	Aldehyde dehydrogenase 9 family, member A1 OS=Homo sapiens GN=ALDH9A1 PE=2 SV=1	4	6	2	56,3	6,57	2,744
Q99623	Prohibitin-2 OS=Homo sapiens GN=PHB2 PE=1 SV=2	28	17	7	33,3	9,83	2,741
P39060	Collagen alpha-1(XVIII) chain OS=Homo sapiens GN=COL18A1 PE=1 SV=5	3	7	2	178,1	6,01	2,731
O95782	AP-2 complex subunit alpha-1 OS=Homo sapiens GN=AP2A1 PE=1 SV=3	4	6	1	107,5	7,03	2,723
A8K4W2	cDNA FLJ78635, highly similar to Homo sapiens ATP synthase, H ⁺ transporting, mitochondrial F0 complex, subunit b, isoform 1 (ATP5F1), transcript variant 1, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	19	5	4	28,9	9,36	2,712
V9HW31	ATP synthase subunit beta OS=Homo sapiens GN=HEL-S-271 PE=2 SV=1	66	133	22	56,5	5,4	2,71
B2RAZ4	cDNA, FLJ95208, highly similar to Homo sapiens PYD and CARD domain containing (PYCARD), transcript variant 1, mRNA OS=Homo sapiens PE=2	11	4	2	21,6	5,64	2,684

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
	SV=1						
F8WAR4	MICOS complex subunit MIC19 OS=Homo sapiens GN=CHCHD3 PE=1 SV=1	6	3	1	27,7	6,64	2,684
P12814	Alpha-actinin-1 OS=Homo sapiens GN=ACTN1 PE=1 SV=2	43	170	19	103	5,41	2,672
Q13596	Sorting nexin-1 OS=Homo sapiens GN=SNX1 PE=1 SV=3	2	3	1	59	5,15	2,668
P01621	Ig kappa chain V-III region NG9 (Fragment) OS=Homo sapiens PE=1 SV=1	47	14	2	10,7	6,52	2,656
Q59GX6	DEAD/H (Asp-Glu-Ala-Asp/His) box polypeptide 3 variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	11	12	6	74,5	7,75	2,654
P26038	Moesin OS=Homo sapiens GN=MSN PE=1 SV=3	32	84	15	67,8	6,4	2,629
Q13011	Delta(3,5)-Delta(2,4)-dienoyl-CoA isomerase, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=ECH1 PE=1 SV=2	18	14	4	35,8	8	2,627
A0A0A0MT36	Protein IGKV6D-21 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=IGKV6D-21 PE=4 SV=1	11	4	1	12,3	7,28	2,618
P12429	Annexin A3 OS=Homo sapiens GN=ANXA3 PE=1 SV=3	35	23	11	36,4	5,92	2,617
Q9UL83	Myosin-reactive immunoglobulin light chain variable region (Fragment) OS=Homo sapiens PE=1 SV=1	36	14	1	11,8	8,68	2,617
P48735	Isocitrate dehydrogenase [NADP], mitochondrial OS=Homo sapiens GN=IDH2 PE=1 SV=2	23	27	8	50,9	8,69	2,617
A8MT02	Small nuclear ribonucleoprotein-associated proteins B and B' OS=Homo sapiens GN=SNRPB PE=1 SV=3	2	2	1	30	10,18	2,615
P52566	Rho GDP-dissociation inhibitor 2 OS=Homo sapiens GN=ARHGDIB PE=1 SV=3	34	11	4	23	5,21	2,615
P50454	Serin H1 OS=Homo sapiens GN=SERPINH1 PE=1 SV=2	37	42	14	46,4	8,69	2,605
B5ME19	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit C-like protein OS=Homo sapiens GN=EIF3CL PE=3 SV=1	3	6	2	105,4	5,64	2,599
P13639	Elongation factor 2 OS=Homo sapiens GN=EEF2 PE=1 SV=4	21	47	13	95,3	6,83	2,598
Q96KP4	Cytosolic non-specific	15	12	6	52,8	5,97	2,593

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
	dipeptidase OS=Homo sapiens GN=CNDP2 PE=1 SV=2						
A0A024 R497	Acyl-CoA synthetase long-chain family member 3, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=ACSL3 PE=4 SV=1	2	1	1	80,4	8,38	2,593
P50897	Palmitoyl-protein thioesterase 1 OS=Homo sapiens GN=PPT1 PE=1 SV=1	5	2	1	34,2	6,52	2,589
Q1HBJ4	Mitogen-activated protein kinase OS=Homo sapiens GN=MAPK1 PE=3 SV=1	3	3	1	41,4	6,98	2,58
Q5JWF2	Guanine nucleotide-binding protein G(s) subunit alpha isoforms XLas OS=Homo sapiens GN=GNAS PE=1 SV=2	4	14	2	111	5,03	2,579
A0A0A0 MT83	Isovaleryl-CoA dehydrogenase, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=IVD PE=4 SV=1	3	2	1	46,6	8,05	2,575
O60234	Glia maturation factor gamma OS=Homo sapiens GN=GMFG PE=1 SV=1	15	6	1	16,8	5,26	2,574
B2R5W3	cDNA, FLJ92658, highly similar to Homo sapiens poly (ADP-ribose) polymerase family, member 1 (PARP1), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	5	8	3	113	8,88	2,57
P62263	40S ribosomal protein S14 OS=Homo sapiens GN=RPS14 PE=1 SV=3	16	5	2	16,3	10,05	2,567
Q96SB0	Anti-streptococcal/anti-myosin immunoglobulin lambda light chain variable region (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	22	10	1	11,6	6,54	2,558
E5KNY5	Leucine-rich PPR-motif containing OS=Homo sapiens GN=LRPPRC PE=4 SV=1	2	1	1	157,8	6,13	2,557
Q53G35	Phosphoglycerate mutase (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	21	11	4	28,8	7,18	2,553
B9EJA8	Mannose receptor, C type 1-like 1 OS=Homo sapiens GN=MRC1L1 PE=2 SV=1	1	2	2	165,9	6,51	2,546
A0A024 R1A3	Ubiquitin-activating enzyme E1 (A1S9T and BN75 temperature sensitivity complementing), isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=UBE1 PE=3 SV=1	21	44	13	117,8	5,76	2,54
Q14019	Coactosin-like protein OS=Homo sapiens GN=COTL1 PE=1 SV=3	27	17	4	15,9	5,67	2,537

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
A0A087X130	Ig kappa chain C region OS=Homo sapiens GN=IGKC PE=4 SV=1	35	271	1	25,1	6,32	2,534
P49821	NADH dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein 1, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=NDUFV1 PE=1 SV=4	2	1	1	50,8	8,21	2,533
B7Z2B0	cDNA FLJ53470, highly similar to Calcium/calmodulin- dependent protein kinase type II delta chain (EC 2.7.11.17) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	5	2	2	60	7,27	2,531
A4D0V4	Capping protein (Actin filament) muscle Z-line, alpha 2 OS=Homo sapiens GN=CAPZA2 PE=2 SV=1	18	11	3	32,9	5,85	2,529
P49419	Alpha-aminoadipic semialdehyde dehydrogenase OS=Homo sapiens GN=ALDH7A1 PE=1 SV=5	6	7	3	58,5	7,99	2,529
Q53HU7	Eukaryotic translation initiation factor 3, subunit 2 beta, 36kDa variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	6	2	2	36,5	5,64	2,525
A8K8Z4	cDNA FLJ78071, highly similar to Human MHC class III complement component C6 mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	4	3	2	104,6	6,62	2,514
Q92599	Septin-8 OS=Homo sapiens GN=SEPT8 PE=1 SV=4	6	9	1	55,7	6,28	2,5
Q6GMX4	IGL@ protein OS=Homo sapiens GN=IGL@ PE=1 SV=1	25	119	1	24,8	6,89	2,491
A0A024R1N1	Myosin, heavy polypeptide 9, non-muscle, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=MYH9 PE=4 SV=1	39	388	66	226,4	5,6	2,483
Q6DD88	Atlastin-3 OS=Homo sapiens GN=ATL3 PE=1 SV=1	7	9	2	60,5	5,66	2,483
Q8WXF1	Paraspeckle component 1 OS=Homo sapiens GN=PSPC1 PE=1 SV=1	3	1	1	58,7	6,67	2,482
F5H5D3	Tubulin alpha-1C chain OS=Homo sapiens GN=TUBA1C PE=1 SV=1	33	137	3	57,7	5,07	2,482
Q9P0J0	NADH dehydrogenase [ubiquinone] 1 alpha subcomplex subunit 13 OS=Homo sapiens GN=NDUFA13 PE=1 SV=3	9	2	1	16,7	8,43	2,482
P07737	Profilin-1 OS=Homo sapiens GN=PFN1 PE=1 SV=2	57	69	7	15	8,27	2,473

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
P62244	40S ribosomal protein S15a OS=Homo sapiens GN=RPS15A PE=1 SV=2	24	14	3	14,8	10,13	2,469
Q59E93	Membrane alanine aminopeptidase variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	5	10	3	110,5	5,53	2,465
P68104	Elongation factor 1-alpha 1 OS=Homo sapiens GN=EEF1A1 PE=1 SV=1	22	38	8	50,1	9,01	2,458
B2RDY9	Adenylyl cyclase-associated protein OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	24	36	8	51,6	8,22	2,457
P21912	Succinate dehydrogenase [ubiquinone] iron-sulfur subunit, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=SDHB PE=1 SV=3	8	6	2	31,6	8,76	2,455
E5KMI6	Lon protease homolog, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=LONP1 PE=3 SV=1	2	1	1	106,4	6,39	2,454
O43776	Asparagine--tRNA ligase, cytoplasmic OS=Homo sapiens GN=NARS PE=1 SV=1	6	5	3	62,9	6,25	2,45
P23142	Fibulin-1 OS=Homo sapiens GN=FBLN1 PE=1 SV=4	11	26	2	77,2	5,22	2,448
B4DNE1	cDNA FLJ52708, highly similar to Basigin OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	2	2	1	42,2	5,66	2,44
P00352	Retinal dehydrogenase 1 OS=Homo sapiens GN=ALDH1A1 PE=1 SV=2	22	26	8	54,8	6,73	2,434
B1ALD9	Periostin OS=Homo sapiens GN=POSTN PE=4 SV=1	49	270	0	90,1	7,94	2,432
P03956	Interstitial collagenase OS=Homo sapiens GN=MMP1 PE=1 SV=3	2	2	1	54	6,96	2,411
U3PYN1	MHC class II antigen OS=Homo sapiens GN=HLA-DQB1 PE=4 SV=1	17	8	4	30,5	8,69	2,406
P29401	Transketolase OS=Homo sapiens GN=TKT PE=1 SV=3	23	48	10	67,8	7,66	2,396
P56537	Eukaryotic translation initiation factor 6 OS=Homo sapiens GN=EIF6 PE=1 SV=1	7	3	1	26,6	4,68	2,395
P28070	Proteasome subunit beta type-4 OS=Homo sapiens GN=PSMB4 PE=1 SV=4	7	5	2	29,2	5,97	2,386
Q6P5S8	IGK@ protein OS=Homo sapiens GN=IGK@ PE=1 SV=1	33	306	1	25,8	6,33	2,371
P01620	Ig kappa chain V-III region SIE OS=Homo sapiens PE=1 SV=1	60	50	2	11,8	8,48	2,369

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
Q07954	Prolow-density lipoprotein receptor-related protein 1 OS=Homo sapiens GN=LRP1 PE=1 SV=2	4	19	10	504,3	5,39	2,366
B2R4D5	Actin-related protein 2/3 complex subunit 3 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	20	9	3	20,5	8,59	2,365
Q10567	AP-1 complex subunit beta-1 OS=Homo sapiens GN=AP1B1 PE=1 SV=2	9	11	2	104,6	5,06	2,36
A0A087WZ27	Zinc finger protein 90 OS=Homo sapiens GN=ZNF90 PE=4 SV=1	8	2	1	16,4	10,04	2,36
P10768	S-formylglutathione hydrolase OS=Homo sapiens GN=ESD PE=1 SV=2	8	4	1	31,4	7,02	2,352
B2RBD5	cDNA, FLJ95457, highly similar to Homo sapiens tubulin, beta, 4 (TUBB4), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	22	60	0	50,4	4,93	2,351
A0A0A1HAW1	H.sapiens ras-related Hrab2 protein OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	25	13	4	23,6	6,54	2,348
A8K5U9	cDNA FLJ75056, highly similar to Homo sapiens phosphatidylinositol binding clathrin assembly protein (PICALM), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	4	1	1	70,7	7,62	2,343
V9HW68	Epididymis luminal protein 214 OS=Homo sapiens GN=HEL-214 PE=2 SV=1	30	413	1	51,7	7,75	2,336
P13010	X-ray repair cross-complementing protein 5 OS=Homo sapiens GN=XRCC5 PE=1 SV=3	8	14	5	82,7	5,81	2,332
O00217	NADH dehydrogenase [ubiquinone] iron-sulfur protein 8, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=NDUFS8 PE=1 SV=1	4	5	1	23,7	6,34	2,329
P13489	Ribonuclease inhibitor OS=Homo sapiens GN=RNH1 PE=1 SV=2	9	11	3	49,9	4,82	2,328
P16298	Serine/threonine-protein phosphatase 2B catalytic subunit beta isoform OS=Homo sapiens GN=PPP3CB PE=1 SV=2	2	1	1	59	5,91	2,323
Q53FB0	Chloride intracellular channel 1 variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	32	17	5	27	5,17	2,323
R4SBI6	EPHX1 OS=Homo sapiens	20	19	8	52,9	7,25	2,315

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
	GN=EPHX1 PE=2 SV=1						
P36269	Gamma-glutamyltransferase 5 OS=Homo sapiens GN=GGT5 PE=1 SV=2	10	12	4	62,2	7,55	2,315
B3KT93	cDNA FLJ37875 fis, clone BRSSN2018771, highly similar to Poly(A)-binding protein 1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	7	9	3	70,6	9,52	2,304
B2RDI5	cDNA, FLJ96627, highly similar to Homo sapiens calpain 1, (mu/I) large subunit (CAPN1), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	8	7	4	81,8	5,54	2,304
O75306	NADH dehydrogenase [ubiquinone] iron-sulfur protein 2, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=NDUFS2 PE=1 SV=2	3	1	1	52,5	7,55	2,302
Q02318	Sterol 26-hydroxylase, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=CYP27A1 PE=1 SV=1	3	2	1	60,2	8,9	2,299
A2IRN0	Raichu404X OS=Homo sapiens GN=Raichu404X PE=2 SV=1	4	17	4	85	6,92	2,295
P13804	Electron transfer flavoprotein subunit alpha, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=ETFA PE=1 SV=1	17	7	3	35,1	8,38	2,282
H7BY58	Protein-L-isoaspartate O- methyltransferase OS=Homo sapiens GN=PCMT1 PE=1 SV=1	4	1	1	30,3	6,73	2,281
A0A087 X1G7	15 kDa selenoprotein OS=Homo sapiens GN=SEP15 PE=4 SV=1	5	1	1	17,9	5,03	2,278
P78371	T-complex protein 1 subunit beta OS=Homo sapiens GN=CCT2 PE=1 SV=4	25	19	7	57,5	6,46	2,276
B2R825	Alpha-1,4 glucan phosphorylase OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	6	10	2	97	7,3	2,271
Q08211	ATP-dependent RNA helicase A OS=Homo sapiens GN=DHX9 PE=1 SV=4	7	10	7	140,9	6,84	2,27
P49411	Elongation factor Tu, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=TUFM PE=1 SV=2	23	28	9	49,5	7,61	2,268
B0QYN7	SUMO-conjugating enzyme UBC9 OS=Homo sapiens GN=UBE2I PE=1 SV=1	5	2	1	20,4	8,46	2,266
B4DMN 1	cDNA FLJ61136, highly similar to Ras-related protein Rab-11A OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	20	11	5	28,8	8,38	2,26
P14618	Pyruvate kinase PKM OS=Homo	39	99	18	57,9	7,84	2,26

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
	sapiens GN=PKM PE=1 SV=4						
H0UI06	Cytochrome c oxidase subunit 7A2, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=COX7A2 PE=2 SV=1	9	4	1	12,8	9,13	2,259
P06702	Protein S100-A9 OS=Homo sapiens GN=S100A9 PE=1 SV=1	75	72	6	13,2	6,13	2,257
B4DLV7	cDNA FLJ60299, highly similar to Rab GDP dissociation inhibitor beta OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	24	24	8	51,1	8,18	2,256
P00338	L-lactate dehydrogenase A chain OS=Homo sapiens GN=LDHA PE=1 SV=2	35	40	11	36,7	8,27	2,253
Q4W4Y1	Dopamine receptor interacting protein 4 OS=Homo sapiens GN=DRIP4 PE=2 SV=1	12	12	6	96	6,52	2,252
B2RB23	cDNA, FLJ95265, highly similar to Homo sapiens acetyl-Coenzyme A acyltransferase 2 (mitochondrial 3-oxoacyl-Coenzyme A thiolase) (ACAA2), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	22	13	6	42	8,25	2,252
O60701	UDP-glucose 6-dehydrogenase OS=Homo sapiens GN=UGDH PE=1 SV=1	3	4	1	55	7,12	2,238
P37837	Transaldolase OS=Homo sapiens GN=TALDO1 PE=1 SV=2	9	8	3	37,5	6,81	2,232
Q9BS26	Endoplasmic reticulum resident protein 44 OS=Homo sapiens GN=ERP44 PE=1 SV=1	6	4	2	46,9	5,26	2,23
P35580	Myosin-10 OS=Homo sapiens GN=MYH10 PE=1 SV=3	12	65	10	228,9	5,54	2,229
Q5SU16	Beta 5-tubulin OS=Homo sapiens GN=TUBB PE=2 SV=1	46	124	3	49,6	4,89	2,224
Q9HBB3	60S ribosomal protein L6 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	3	2	1	32,9	10,58	2,214
P23083	Ig heavy chain V-I region V35 OS=Homo sapiens PE=1 SV=1	10	2	1	13	9,55	2,213
P49721	Proteasome subunit beta type-2 OS=Homo sapiens GN=PSMB2 PE=1 SV=1	13	6	2	22,8	7,02	2,209
Q53HV2	Chaperonin containing TCP1, subunit 7 (Eta) variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	3	2	1	59,3	7,65	2,207
A2KBB9	Anti-(ED-B) scFV (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	32	57	1	25,1	8,12	2,19

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
P16104	Histone H2AX OS=Homo sapiens GN=H2AFX PE=1 SV=2	43	16	2	15,1	10,74	2,186
Q16891	MICOS complex subunit MIC60 OS=Homo sapiens GN=IMMT PE=1 SV=1	13	20	7	83,6	6,48	2,185
Q96SA9	Anti-streptococcal/anti-myosin immunoglobulin kappa light chain variable region (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	49	24	1	11,5	8,85	2,17
O15143	Actin-related protein 2/3 complex subunit 1B OS=Homo sapiens GN=ARPC1B PE=1 SV=3	15	20	5	40,9	8,35	2,167
O15400	Syntaxin-7 OS=Homo sapiens GN=STX7 PE=1 SV=4	6	5	1	29,8	5,55	2,158
Q76LA1	CSTB protein OS=Homo sapiens GN=CSTB PE=2 SV=1	24	13	2	11,1	7,56	2,158
Q6FI13	Histone H2A type 2-A OS=Homo sapiens GN=HIST2H2AA3 PE=1 SV=3	52	26	3	14,1	10,9	2,158
P54577	Tyrosine--tRNA ligase, cytoplasmic OS=Homo sapiens GN=YARS PE=1 SV=4	2	3	1	59,1	7,05	2,157
V9HW04	Serine/threonine-protein phosphatase OS=Homo sapiens GN=HEL-S-80p PE=2 SV=1	17	8	2	37,2	6,19	2,156
D6RER5	Septin-11 OS=Homo sapiens GN=SEPT11 PE=1 SV=1	15	21	3	49,8	6,68	2,153
O75828	Carbonyl reductase [NADPH] 3 OS=Homo sapiens GN=CBR3 PE=1 SV=3	10	5	2	30,8	6,18	2,151
P01602	Ig kappa chain V-I region HK102 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=IGKV1-5 PE=4 SV=1	29	9	1	12,8	6,51	2,15
A0A024 R2Q4	Ribosomal protein L15 OS=Homo sapiens GN=RPL15 PE=3 SV=1	15	13	3	24,1	11,62	2,146
Q99714	3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase type-2 OS=Homo sapiens GN=HSD17B10 PE=1 SV=3	31	8	4	26,9	7,78	2,134
A0A024 RB16	Family with sequence similarity 62 (C2 domain containing), member A, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=FAM62A PE=4 SV=1	10	16	7	123,9	5,78	2,112
Q5VV89	Microsomal glutathione S-transferase 3 OS=Homo sapiens GN=MGST3 PE=4 SV=1	8	3	1	18,4	9,96	2,105

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
P25787	Proteasome subunit alpha type-2 OS=Homo sapiens GN=PSMA2 PE=1 SV=2	6	3	1	25,9	7,43	2,102
A0A090 N8P3	FK506 binding protein 9, 63 kDa OS=Homo sapiens GN=FKBP9 PE=4 SV=1	2	1	1	63	5,08	2,101
Q9UBS4	DnaJ homolog subfamily B member 11 OS=Homo sapiens GN=DNAJB11 PE=1 SV=1	3	1	1	40,5	6,18	2,1
E9KL48	Epididymis tissue sperm binding protein Li 18mP OS=Homo sapiens GN=GLUD1 PE=2 SV=1	14	23	7	61,4	7,8	2,096
Q15084	Protein disulfide-isomerase A6 OS=Homo sapiens GN=PDIA6 PE=1 SV=1	32	48	9	48,1	5,08	2,091
A0A087 X0X3	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein M OS=Homo sapiens GN=HNRNPM PE=1 SV=1	13	19	7	77,5	8,78	2,083
B4DX78	cDNA FLJ55484, highly similar to ATP-dependent RNA helicase DDX39 (EC 3.6.1.-) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	12	14	5	53,7	5,9	2,081
P00488	Coagulation factor XIII A chain OS=Homo sapiens GN=F13A1 PE=1 SV=4	21	33	12	83,2	6,09	2,076
E7EQR4	Ezrin OS=Homo sapiens GN=EZR PE=1 SV=3	17	29	5	69,3	6,16	2,076
B2RDE8	cDNA, FLJ96580, highly similar to Homo sapiens hepatoma-derived growth factor (high-mobility group protein 1-like) (HDGF), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	7	4	1	26,8	4,67	2,071
Q59EG8	Proteasome 26S non-ATPase subunit 2 variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	3	2	2	100,5	5,15	2,067
A0A087 WVW2	Ig gamma-3 chain C region OS=Homo sapiens GN=IGHG3 PE=4 SV=1	19	200	2	57,1	8,1	2,064
P06733	Alpha-enolase OS=Homo sapiens GN=ENO1 PE=1 SV=2	50	124	15	47,1	7,39	2,056
P02747	Complement C1q subcomponent subunit C OS=Homo sapiens GN=C1QC PE=1 SV=3	16	11	3	25,8	8,41	2,056
F8W031	Uncharacterized protein (Fragment) OS=Homo sapiens PE=4 SV=1	10	3	1	29,2	7,01	2,055
P62979	Ubiquitin-40S ribosomal protein S27a OS=Homo sapiens	30	20	4	18	9,64	2,053

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
	GN=RPS27A PE=1 SV=2						
P14625	Endoplazmin OS=Homo sapiens GN=HSP90B1 PE=1 SV=1	31	131	24	92,4	4,84	2,045
A0A024 R8P8	Ribosomal protein L38, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=RPL38 PE=3 SV=1	19	2	1	8,2	10,1	2,042
A8K494	cDNA FLJ78440, highly similar to Human lactoferrin OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	28	89	2	78,3	8,18	2,037
B2RBR9	cDNA, FLJ95650, highly similar to Homo sapiens karyopherin (importin) beta 1 (KPNB1), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	6	16	4	97,1	4,78	2,028
Q6NS95	IGL@ protein OS=Homo sapiens GN=IGL@ PE=2 SV=1	25	97	2	25,1	6,67	2,024
P00387	NADH-cytochrome b5 reductase 3 OS=Homo sapiens GN=CYB5R3 PE=1 SV=3	29	32	7	34,2	7,59	2,023
P52209	6-phosphogluconate dehydrogenase, decarboxylating OS=Homo sapiens GN=PGD PE=1 SV=3	10	7	3	53,1	7,23	2,021
P08238	Heat shock protein HSP 90-beta OS=Homo sapiens GN=HSP90AB1 PE=1 SV=4	35	85	9	83,2	5,03	2,021
B4DUP2	cDNA FLJ56155, highly similar to UTP--glucose-1-phosphate uridylyltransferase 2 (EC 2.7.7.9) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	14	17	6	57,8	8,13	2,02
P08133	Annexin A6 OS=Homo sapiens GN=ANXA6 PE=1 SV=3	54	156	14	75,8	5,6	2,019
A0A024 R9D7	2,4-dienoyl CoA reductase 1, mitochondrial, isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=DECRI1 PE=4 SV=1	16	9	4	36	9,28	2,019
A0A024 RAB6	Heparan sulfate proteoglycan 2 (Perlecan), isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=HSPG2 PE=4 SV=1	14	128	38	463,7	6,51	2,017
A0A024 R0E5	Capping protein (Actin filament) muscle Z-line, alpha 1, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=CAPZA1 PE=4 SV=1	22	13	3	32,9	5,69	2,008
A8KAM 8	Tyrosine-protein kinase receptor OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	1	1	1	123,8	4,98	1,994
P53004	Biliverdin reductase A OS=Homo sapiens GN=BLVRA PE=1 SV=2	8	3	2	33,4	6,44	1,993
A0A024 R1K7	Tyrosine 3-monooxygenase/tryptophan 5-	29	29	4	28,2	4,84	1,993

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
	monooxygenase activation protein, eta polypeptide, isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=YWHAH PE=3 SV=1						
Q7Z351	Putative uncharacterized protein DKFZp686N02209 OS=Homo sapiens GN=DKFZp686N02209 PE=2 SV=1	26	400	1	52,8	8,48	1,992
Q9BR76	Coronin-1B OS=Homo sapiens GN=CORO1B PE=1 SV=1	6	3	1	54,2	5,88	1,985
A0A024 R324	Ras homolog gene family, member A, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=RHOA PE=3 SV=1	21	14	2	21,8	6,1	1,981
B2R5M8	Isocitrate dehydrogenase [NADP] OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	16	25	5	46,6	7,01	1,979
C9IZQ1	Translocon-associated protein subunit alpha OS=Homo sapiens GN=SSR1 PE=1 SV=1	8	8	2	33,9	4,69	1,978
P39023	60S ribosomal protein L3 OS=Homo sapiens GN=RPL3 PE=1 SV=2	3	4	1	46,1	10,18	1,978
A0A024 R8Q1	Glucosidase, alpha acid (Pompe disease, glycogen storage disease type II), isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=GAA PE=3 SV=1	5	2	2	105,3	6	1,973
A8K525	cDNA FLJ76817, highly similar to Homo sapiens non-POU domain containing, octamer-binding (NONO), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	6	13	2	54,3	9,2	1,972
A0A024 RDW8	Collagen, type IV, alpha 2, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=COL4A2 PE=4 SV=1	3	10	4	167,4	8,66	1,972
B4DUT8	Calponin OS=Homo sapiens GN=CNN2 PE=2 SV=1	12	5	3	35,9	7,3	1,971
A1A5C4	RRBP1 protein OS=Homo sapiens GN=RRBP1 PE=2 SV=1	30	59	21	102,8	5,38	1,967
A0A075 B6R9	Protein IGKV2D-24 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=IGKV2D-24 PE=4 SV=1	11	4	1	13,1	8,87	1,965
Q59GM9	Alpha-1,4 glucan phosphorylase (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	8	20	3	98,8	6,96	1,954
Q8NBS9	Thioredoxin domain-containing protein 5 OS=Homo sapiens GN=TXNDC5 PE=1 SV=2	19	29	6	47,6	5,97	1,953
Q15149	Plectin OS=Homo sapiens	19	199	69	531,5	5,96	1,953

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
	GN=PLEC PE=1 SV=3						
B4DR52	Histone H2B OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	27	57	4	18	10,32	1,945
B2R7P8	cDNA, FLJ93545, highly similar to Homo sapiens 5-aminoimidazole-4-carboxamide ribonucleotide formyltransferase/IMP cyclohydrolase (ATIC), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	3	2	1	64,6	6,8	1,943
Q0PNF2	FEX1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	0	2	1	275,3	6,49	1,931
A2A274	Aconitate hydratase, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=ACO2 PE=1 SV=1	10	19	6	87,8	7,37	1,928
B2R761	cDNA, FLJ93299, highly similar to Homo sapiens sterol carrier protein 2 (SCP2), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	1	2	1	59	7,05	1,921
B5BU01	Eukaryotic translation initiation factor 2 beta OS=Homo sapiens GN=EIF2S2 PE=2 SV=1	3	1	1	38,3	5,94	1,918
A0A024 RAM2	Glutaredoxin (Thioltransferase), isoform CRA_c OS=Homo sapiens GN=GLRX PE=4 SV=1	38	7	2	11,8	8,09	1,916
Q9HD89	Resistin OS=Homo sapiens GN=RETN PE=2 SV=1	10	2	1	11,4	6,86	1,908
P07814	Bifunctional glutamate/proline--tRNA ligase OS=Homo sapiens GN=EPRS PE=1 SV=5	1	4	2	170,5	7,33	1,893
Q32Q12	Nucleoside diphosphate kinase OS=Homo sapiens GN=NME1-NME2 PE=2 SV=1	29	21	1	32,6	8,48	1,893
A0A024 R8W0	DEAD (Asp-Glu-Ala-Asp) box polypeptide 48, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=DDX48 PE=3 SV=1	6	12	1	46,8	6,73	1,892
P40926	Malate dehydrogenase, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=MDH2 PE=1 SV=3	27	31	7	35,5	8,68	1,888
C0IMJ3	Periostin isoform thy6 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	45	270	1	87,2	7,94	1,882
A8K669	cDNA FLJ78452, highly similar to Homo sapiens legumain (LGMN), transcript variant 2, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	4	2	1	49,4	6,55	1,881
V9HW37	Epididymis secretory protein Li 69 OS=Homo sapiens GN=HEL-S-69 PE=2 SV=1	17	12	6	59,6	5,66	1,88
A8K5K5	Eukaryotic translation initiation	5	1	1	35,6	6,13	1,875

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
	factor 3 subunit G OS=Homo sapiens GN=EIF3G PE=2 SV=1						
Q06323	Proteasome activator complex subunit 1 OS=Homo sapiens GN=PSME1 PE=1 SV=1	49	36	10	28,7	6,02	1,872
A0A5E4	Uncharacterized protein OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	22	110	1	24,7	5,94	1,87
Q16629	Serine/arginine-rich splicing factor 7 OS=Homo sapiens GN=SRSF7 PE=1 SV=1	10	9	1	27,4	11,82	1,868
I3L0A0	HCG2044781 OS=Homo sapiens GN=TMEM189-UBE2V1 PE=4 SV=1	7	10	3	42,2	6,71	1,867
J3QQX2	Rho GDP-dissociation inhibitor 1 OS=Homo sapiens GN=ARHGDIA PE=1 SV=1	27	9	3	25,8	7,44	1,862
Q59EF6	Calpain 2, large [catalytic] subunit variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	5	6	3	83,1	5,06	1,862
B2R9T9	cDNA, FLJ94551 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	5	5	1	26,2	10,67	1,858
A8K4Z4	cDNA FLJ75549, highly similar to Homo sapiens ribosomal protein, large, P0 (RPLP0), transcript variant 1, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	32	32	7	34,2	5,97	1,856
J3KNB4	Cathelicidin antimicrobial peptide OS=Homo sapiens GN=CAMP PE=4 SV=1	5	3	1	19,6	9,41	1,848
P43686	26S protease regulatory subunit 6B OS=Homo sapiens GN=PSMC4 PE=1 SV=2	8	3	1	47,3	5,21	1,846
P49748	Very long-chain specific acyl-CoA dehydrogenase, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=ACADVL PE=1 SV=1	18	25	9	70,3	8,75	1,825
P50213	Isocitrate dehydrogenase [NAD] subunit alpha, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=IDH3A PE=1 SV=1	6	4	2	39,6	6,92	1,824
Q6PIL8	IGK@ protein OS=Homo sapiens GN=IGK@ PE=1 SV=1	42	310	2	25,8	6,55	1,823
P02462	Collagen alpha-1(IV) chain OS=Homo sapiens GN=COL4A1 PE=1 SV=3	1	3	1	160,5	8,28	1,817
P62736	Actin, aortic smooth muscle OS=Homo sapiens GN=ACTA2 PE=1 SV=1	67	228	2	42	5,39	1,812
A6NMH8	Tetraspanin OS=Homo sapiens GN=CD81 PE=1 SV=1	7	5	1	29,8	6,92	1,809
P62701	40S ribosomal protein S4, X	14	9	3	29,6	10,15	1,808

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
	isoform OS=Homo sapiens GN=RPS4X PE=1 SV=2						
P49753	Acyl-coenzyme A thioesterase 2, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=ACOT2 PE=1 SV=6	6	2	1	53,2	8,47	1,807
P00558	Phosphoglycerate kinase 1 OS=Homo sapiens GN=PGK1 PE=1 SV=3	26	58	8	44,6	8,1	1,803
P30101	Protein disulfide-isomerase A3 OS=Homo sapiens GN=PDIA3 PE=1 SV=4	55	130	24	56,7	6,35	1,792
P20700	Lamin-B1 OS=Homo sapiens GN=LMNB1 PE=1 SV=2	40	84	18	66,4	5,16	1,788
P80511	Protein S100-A12 OS=Homo sapiens GN=S100A12 PE=1 SV=2	64	9	4	10,6	6,25	1,781
B4DKQ5	cDNA FLJ54710, highly similar to Target of Myb protein 1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	9	4	2	54,8	4,81	1,773
Q9P0L0	Vesicle-associated membrane protein-associated protein A OS=Homo sapiens GN=VAPA PE=1 SV=3	11	3	2	27,9	8,62	1,769
K7EJ20	Glutathione peroxidase (Fragment) OS=Homo sapiens GN=GPX4 PE=1 SV=2	5	2	1	28,4	9,31	1,761
O00161	Synaptosomal-associated protein 23 OS=Homo sapiens GN=SNAP23 PE=1 SV=1	7	5	1	23,3	5,01	1,76
P08559	Pyruvate dehydrogenase E1 component subunit alpha, somatic form, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=PDHA1 PE=1 SV=3	3	4	1	43,3	8,06	1,754
P60174	Triosephosphate isomerase OS=Homo sapiens GN=TPI1 PE=1 SV=3	42	60	10	30,8	5,92	1,747
A0A087X0N5	Protein IGKV1-17 OS=Homo sapiens GN=IGKV1-17 PE=4 SV=1	31	21	1	10,5	8,5	1,745
B4E1U9	cDNA FLJ54776, highly similar to Cell division control protein 42 homolog OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	6	8	1	26,5	7,59	1,742
P13797	Plastin-3 OS=Homo sapiens GN=PLS3 PE=1 SV=4	9	19	1	70,8	5,6	1,735
P23246	Splicing factor, proline- and glutamine-rich OS=Homo sapiens GN=SFPQ PE=1 SV=2	12	20	5	76,1	9,44	1,735
B2R9K8	cDNA, FLJ94440, highly similar to Homo sapiens chaperonin	20	17	7	57,9	6,8	1,733

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
	containing TCP1, subunit 6A (zeta 1)(CCT6A), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1						
P54819	Adenylate kinase 2, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=AK2 PE=1 SV=2	11	12	2	26,5	7,81	1,727
V9HVV1	Epididymis secretory sperm binding protein Li 78p OS=Homo sapiens GN=HEL-S-78p PE=2 SV=1	47	166	22	55,9	8,27	1,727
A8K3C3	T-complex protein 1 subunit delta OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	13	19	6	57,9	7,83	1,725
Q15181	Inorganic pyrophosphatase OS=Homo sapiens GN=PPA1 PE=1 SV=2	11	10	2	32,6	5,86	1,72
P10809	60 kDa heat shock protein, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=HSPD1 PE=1 SV=2	37	68	16	61	5,87	1,719
P04438	Ig heavy chain V-II region SESS OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	5	2	1	16,3	7,09	1,719
A0A087X1Z3	Proteasome activator complex subunit 2 OS=Homo sapiens GN=PSME2 PE=1 SV=1	35	24	6	29,1	6,71	1,714
Q5U077	L-lactate dehydrogenase OS=Homo sapiens GN=LDHB PE=2 SV=1	28	31	8	36,6	6,05	1,711
Q4LE36	ACLY variant protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ACLY variant protein PE=2 SV=1	1	3	1	124,5	8,03	1,709
O95973	VH4 heavy chain variable region (Fragment) OS=Homo sapiens GN=IGM PE=1 SV=1	6	6	1	16,3	8,47	1,706
Q9BS40	Latexin OS=Homo sapiens GN=LXN PE=1 SV=2	12	8	2	25,7	5,78	1,703
Q9Y2J2	Band 4.1-like protein 3 OS=Homo sapiens GN=EPB41L3 PE=1 SV=2	1	2	1	120,6	5,19	1,702
P50990	T-complex protein 1 subunit theta OS=Homo sapiens GN=CCT8 PE=1 SV=4	17	22	8	59,6	5,6	1,696
P17987	T-complex protein 1 subunit alpha OS=Homo sapiens GN=TCP1 PE=1 SV=1	15	18	6	60,3	6,11	1,694
Q15435	Protein phosphatase 1 regulatory subunit 7 OS=Homo sapiens GN=PPP1R7 PE=1 SV=1	8	4	2	41,5	4,91	1,694
O43488	Aflatoxin B1 aldehyde reductase member 2 OS=Homo sapiens GN=AKR7A2 PE=1 SV=3	9	7	2	39,6	7,17	1,694

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
P12724	Eosinophil cationic protein OS=Homo sapiens GN=RNASE3 PE=1 SV=2	8	3	1	18,4	10,02	1,694
A8K9T3	cDNA FLJ76467, highly similar to Homo sapiens acyl-CoA synthetase long-chain family member 1 (ACSL1), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	8	19	5	77,9	7,18	1,692
P30042	ES1 protein homolog, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=C21orf33 PE=1 SV=3	13	8	2	28,2	8,27	1,676
A0A024 QZF1	HCG19665, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=hCG_19665 PE=4 SV=1	3	1	1	53,2	5,31	1,672
A8MUS3	60S ribosomal protein L23a OS=Homo sapiens GN=RPL23A PE=3 SV=1	13	8	3	21,9	10,48	1,664
A8K878	cDNA FLJ77177, highly similar to Homo sapiens arginine-rich, mutated in early stage tumors (ARMET), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	9	1	1	21,1	8,92	1,662
Q15366	Poly(rC)-binding protein 2 OS=Homo sapiens GN=PCBP2 PE=1 SV=1	7	5	2	38,6	6,79	1,661
Q9NYL4	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase FKBP11 OS=Homo sapiens GN=FKBP11 PE=1 SV=1	5	2	1	22,2	9,39	1,653
Q9UJZ1	Stomatin-like protein 2, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=STOML2 PE=1 SV=1	9	3	2	38,5	7,39	1,647
S6B2B6	IgG H chain OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	7	25	1	29,3	8,68	1,644
P30048	Thioredoxin-dependent peroxide reductase, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=PRDX3 PE=1 SV=3	21	38	5	27,7	7,78	1,641
Q9UQM3	Alpha-tubulin (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	45	81	2	36,4	4,94	1,635
A4D2D2	Procollagen C-endopeptidase enhancer OS=Homo sapiens GN=PCOLCE PE=4 SV=1	9	5	3	47,9	7,43	1,631
P23396	40S ribosomal protein S3 OS=Homo sapiens GN=RPS3 PE=1 SV=2	12	17	3	26,7	9,66	1,631
Q15717	ELAV-like protein 1 OS=Homo sapiens GN=ELAVL1 PE=1 SV=2	7	6	2	36,1	9,17	1,63
O00231	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 11 OS=Homo	3	2	1	47,4	6,48	1,623

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
	sapiens GN=PSMD11 PE=1 SV=3						
D3DPK5	SH3 domain binding glutamic acid-rich protein like 3, isoform CRA_a (Fragment) OS=Homo sapiens GN=SH3BGRL3 PE=4 SV=1	11	8	3	26,8	8,38	1,618
A0A024R8S5	Protein disulfide-isomerase OS=Homo sapiens GN=P4HB PE=3 SV=1	46	117	21	57,1	4,87	1,608
P10606	Cytochrome c oxidase subunit 5B, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=COX5B PE=1 SV=2	16	15	3	13,7	8,81	1,605
A2J1M8	Rheumatoid factor RF-IP12 (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	14	6	1	10,7	7,99	1,6
P53367	Arfaptin-1 OS=Homo sapiens GN=ARFIP1 PE=1 SV=2	3	2	1	41,7	6,7	1,599
P01859	Ig gamma-2 chain C region OS=Homo sapiens GN=IGHG2 PE=1 SV=2	27	171	5	35,9	7,59	1,591
C9J2H1	Inter-alpha-trypsin inhibitor heavy chain H5 OS=Homo sapiens GN=ITIH5 PE=4 SV=2	4	1	1	104,5	8,38	1,589
Q6GMX0	Uncharacterized protein OS=Homo sapiens PE=1 SV=1	31	294	1	25,8	7,97	1,584
B1AVU8	Saposin-D OS=Homo sapiens GN=PSAP PE=1 SV=1	7	27	5	61,7	5,22	1,584
A0A087WW89	Protein IGHV3-72 OS=Homo sapiens GN=IGHV3-72 PE=4 SV=1	26	24	1	11,2	7,97	1,584
A0A090N8Y2	Protein disulfide isomerase related protein (Calcium-binding protein, intestinal-related) OS=Homo sapiens GN=ERP70 PE=4 SV=1	26	32	11	72,9	5,07	1,581
P46781	40S ribosomal protein S9 OS=Homo sapiens GN=RPS9 PE=1 SV=3	5	5	1	22,6	10,65	1,579
Q6PCB0	von Willebrand factor A domain-containing protein 1 OS=Homo sapiens GN=VWA1 PE=2 SV=1	7	2	2	46,8	7,68	1,579
V9HW80	Epididymis luminal protein 220 OS=Homo sapiens GN=HEL-S-70 PE=2 SV=1	30	66	17	89,3	5,26	1,577
Q05D08	PA2G4 protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=PA2G4 PE=2 SV=1	7	3	2	45,1	8,95	1,576
A2NUT2	Lambda-chain (AA -20 to 215) OS=Homo sapiens PE=1 SV=1	25	125	2	24,6	7,62	1,573

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
Q8N1C8	HSPA9 protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=HSPA9 PE=2 SV=1	25	47	12	73,8	6,37	1,569
B8XPJ8	Membrane bound catechol-O-methyltransferase OS=Homo sapiens GN=COMT PE=2 SV=1	6	1	1	30	5,6	1,568
O43294	Transforming growth factor beta-1-induced transcript 1 protein OS=Homo sapiens GN=TGFB1I1 PE=1 SV=2	2	1	1	49,8	7,03	1,566
Q7Z5L7	Podocan OS=Homo sapiens GN=PODN PE=1 SV=2	2	1	1	68,9	6,99	1,562
Q9Y3D6	Mitochondrial fission 1 protein OS=Homo sapiens GN=FIS1 PE=1 SV=2	9	1	1	16,9	8,79	1,559
O43707	Alpha-actinin-4 OS=Homo sapiens GN=ACTN4 PE=1 SV=2	43	170	13	104,8	5,44	1,558
Q6DEN2	DPYSL3 protein OS=Homo sapiens GN=DPYSL3 PE=2 SV=1	14	18	6	73,9	6,55	1,554
A2NKM7	NANUC-2 heavy chain (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	8	1	1	14,6	9,64	1,546
A0A075B716	40S ribosomal protein S17 OS=Homo sapiens GN=RPS17 PE=1 SV=1	12	5	1	21,6	8,92	1,544
P13473	Lysosome-associated membrane glycoprotein 2 OS=Homo sapiens GN=LAMP2 PE=1 SV=2	5	7	2	44,9	5,63	1,544
P29966	Myristoylated alanine-rich C-kinase substrate OS=Homo sapiens GN=MARCKS PE=1 SV=4	6	4	1	31,5	4,45	1,543
F8WCF6	Protein ARPC4-TTLL3 OS=Homo sapiens GN=ARPC4-TTLL3 PE=4 SV=1	15	12	3	21	8,76	1,541
Q6LES2	Annexin (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ANXA4 PE=2 SV=1	31	25	7	36,1	6,13	1,538
A5YM53	ITGAV protein OS=Homo sapiens GN=ITGAV PE=2 SV=1	3	6	3	116	5,74	1,532
A2A3R6	40S ribosomal protein S6 OS=Homo sapiens GN=RPS6 PE=2 SV=1	14	10	3	28,7	10,84	1,531
P62851	40S ribosomal protein S25 OS=Homo sapiens GN=RPS25 PE=1 SV=1	15	6	2	13,7	10,11	1,53
A8K5A4	cDNA FLJ76826, highly similar to Homo sapiens ceruloplasmin	23	77	17	122,1	5,74	1,524

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
	(ferroxidase) (CP), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1						
A8K4W0	40S ribosomal protein S3a OS=Homo sapiens GN=RPS3A PE=2 SV=1	16	17	5	29,9	9,73	1,524
B0LPF3	Growth factor receptor-bound protein 2 OS=Homo sapiens GN=GRB2 PE=2 SV=1	27	12	4	25,2	6,32	1,519
P20674	Cytochrome c oxidase subunit 5A, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=COX5A PE=1 SV=2	52	16	5	16,8	6,79	1,518
B3KPC7	Actin-related protein 2/3 complex subunit 5 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	16	2	2	17	6,02	1,516
E7EPK1	Septin-7 OS=Homo sapiens GN=SEPT7 PE=1 SV=2	17	14	4	50,7	8,63	1,515
A4QPB0	IQ motif containing GTPase activating protein 1 OS=Homo sapiens GN=IQGAP1 PE=2 SV=1	17	50	20	189,2	6,48	1,513
P04430	Ig kappa chain V-I region BAN OS=Homo sapiens PE=1 SV=1	17	6	1	11,8	8,44	1,512
A8K646	cDNA FLJ75699, highly similar to Homo sapiens osteoclast stimulating factor 1 (OSTF1), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	12	1	1	23,7	5,68	1,511
O15173	Membrane-associated progesterone receptor component 2 OS=Homo sapiens GN=PGRMC2 PE=1 SV=1	19	11	4	23,8	4,88	1,509
Q53HQ0	Flotillin 1 variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	7	7	3	47,3	8,09	1,509
V9HW22	Epididymis luminal protein 33 OS=Homo sapiens GN=HEL-S-72p PE=2 SV=1	38	114	18	70,9	5,52	1,504
B2RB70	Neurocalcin delta, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=NCALD PE=2 SV=1	4	3	1	22,2	5,35	1,502
P51970	NADH dehydrogenase [ubiquinone] 1 alpha subcomplex subunit 8 OS=Homo sapiens GN=NDUFA8 PE=1 SV=3	8	4	1	20,1	7,65	1,498
A8K517	Ribosomal protein S23, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=RPS23 PE=2 SV=1	8	11	2	15,8	10,49	1,497
A0A024 R2P0	40S ribosomal protein SA OS=Homo sapiens GN=RPSA PE=3 SV=1	30	22	6	32,8	4,87	1,495
A8KAJ3	cDNA FLJ77823, highly similar	7	10	2	54,6	5,14	1,489

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
	to Homo sapiens EGF-containing fibulin-like extracellular matrix protein 1, transcript variant 3, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1						
A8K0G3	cDNA FLJ78733, highly similar to Homo sapiens adaptor-related protein complex 2, beta 1 subunit (AP2B1), transcript variant 1, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	7	11	1	105,6	5,34	1,486
A0A024R9N6	EH-domain containing 4, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=EHD4 PE=4 SV=1	4	6	2	61,1	6,76	1,483
V9HW41	Epididymis secretory protein Li 71 OS=Homo sapiens GN=HEL-S-71 PE=2 SV=1	32	14	4	17,1	6,57	1,481
A8K486	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	39	37	7	18	6,9	1,48
Q00013	55 kDa erythrocyte membrane protein OS=Homo sapiens GN=MPP1 PE=1 SV=2	3	2	1	52,3	7,37	1,48
P21291	Cysteine and glycine-rich protein 1 OS=Homo sapiens GN=CSRP1 PE=1 SV=3	11	4	1	20,6	8,57	1,468
C0JYY2	Apolipoprotein B (Including Ag(X) antigen) OS=Homo sapiens GN=APOB PE=4 SV=1	7	41	23	515,2	7,05	1,465
Q5IRN2	DAZAP1/MEF2D fusion protein OS=Homo sapiens GN=DAZAP1/MEF2D fusion PE=2 SV=1	4	1	1	48,9	8,78	1,464
Q0ZCH6	Immunoglobulin heavy chain variable region (Fragment) OS=Homo sapiens PE=4 SV=1	7	6	1	14,3	6,55	1,463
Q4LE64	NUMA1 variant protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=NUMA1 variant protein PE=2 SV=1	6	12	7	238,7	5,81	1,458
Q32Q10	RSU1 protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=RSU1 PE=2 SV=1	21	8	4	31,3	9,09	1,454
B5BUB1	RuvB-like 1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=RUVBL1 PE=2 SV=1	9	7	3	50,2	6,42	1,441
A0A024R1N4	X-ray repair complementing defective repair in Chinese hamster cells 6 (Ku autoantigen, 70kDa), isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=XRCC6	15	29	7	69,8	6,64	1,439

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
	PE=4 SV=1						
B4DJQ5	cDNA FLJ59211, highly similar to Glucosidase 2 subunit beta OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	11	17	6	60,1	4,42	1,438
Q15582	Transforming growth factor-beta-induced protein ig-h3 OS=Homo sapiens GN=TGFB1 PE=1 SV=1	33	59	14	74,6	7,71	1,432
P04406	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase OS=Homo sapiens GN=GAPDH PE=1 SV=3	55	164	13	36	8,46	1,42
G8JLB6	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein H OS=Homo sapiens GN=HNRNPH1 PE=1 SV=1	17	24	3	51,2	6,8	1,418
P07900	Heat shock protein HSP 90-alpha OS=Homo sapiens GN=HSP90AA1 PE=1 SV=5	26	72	8	84,6	5,02	1,417
B1AHL2	Fibulin-1 OS=Homo sapiens GN=FBLN1 PE=3 SV=1	13	21	3	78,3	5,39	1,415
Q00839	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein U OS=Homo sapiens GN=HNRNPU PE=1 SV=6	6	15	4	90,5	6	1,405
Q9UH65	Switch-associated protein 70 OS=Homo sapiens GN=SWAP70 PE=1 SV=1	2	1	1	69	5,87	1,392
Q53SS8	Epididymis secretory protein Li 85 OS=Homo sapiens GN=PCBP1 PE=2 SV=1	15	12	4	37,5	7,09	1,392
Q59GY2	Ribosomal protein L4 variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	5	4	2	49	11,02	1,39
P22352	Glutathione peroxidase 3 OS=Homo sapiens GN=GPX3 PE=1 SV=2	13	10	2	25,5	8,13	1,39
H7BZJ3	Protein disulfide-isomerase A3 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=PDIA3 PE=1 SV=1	41	30	1	13,5	7,3	1,389
V9HW53	Dimethylarginine dimethylaminohydrolase 2, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=HEL-S-277 PE=2 SV=1	12	7	2	29,6	6,01	1,38
Q59FR8	Galectin (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	28	48	6	27,1	8,41	1,38
A2IPI6	HRV Fab 027-VL (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	14	3	1	12,4	9,41	1,374
A0A024R7B7	CDC37 cell division cycle 37 homolog (S. cerevisiae), isoform	2	3	1	44,4	5,25	1,372

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
	CRA_a OS=Homo sapiens GN=CDC37 PE=4 SV=1						
K7ELJ7	Calpain small subunit 1 OS=Homo sapiens GN=CAPNS1 PE=1 SV=1	17	11	3	29,4	5,31	1,372
Q92499	ATP-dependent RNA helicase DDX1 OS=Homo sapiens GN=DDX1 PE=1 SV=2	4	8	2	82,4	7,23	1,371
P30084	Enoyl-CoA hydratase, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=ECHS1 PE=1 SV=4	15	20	3	31,4	8,07	1,368
P55084	Trifunctional enzyme subunit beta, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=HADHB PE=1 SV=3	16	27	7	51,3	9,41	1,365
Q96D15	Reticulocalbin-3 OS=Homo sapiens GN=RCN3 PE=1 SV=1	22	18	5	37,5	4,89	1,363
P26368	Splicing factor U2AF 65 kDa subunit OS=Homo sapiens GN=U2AF2 PE=1 SV=4	7	3	2	53,5	9,09	1,357
O75367	Core histone macro-H2A.1 OS=Homo sapiens GN=H2AFY PE=1 SV=4	24	23	6	39,6	9,79	1,356
A0N5G1	Rheumatoid factor C6 light chain (Fragment) OS=Homo sapiens GN=V<kappa>1 PE=2 SV=1	41	15	1	12,5	8,46	1,355
G3XA12	Laminin subunit beta-1 OS=Homo sapiens GN=LAMB1 PE=4 SV=1	7	25	9	200,3	4,96	1,354
P62081	40S ribosomal protein S7 OS=Homo sapiens GN=RPS7 PE=1 SV=1	10	13	2	22,1	10,1	1,353
Q59GX9	Ribosomal protein L5 variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	7	13	2	35,2	9,85	1,351
A0A024 RDT5	Periostin, osteoblast specific factor, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=POSTN PE=4 SV=1	47	251	1	87	7,81	1,345
A8K2N0	cDNA FLJ77835, highly similar to Homo sapiens complement component 1, s subcomponent (C1S), transcript variant 2, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	11	14	6	76,6	4,98	1,345
P62269	40S ribosomal protein S18 OS=Homo sapiens GN=RPS18 PE=1 SV=3	13	9	3	17,7	10,99	1,345
P15880	40S ribosomal protein S2 OS=Homo sapiens GN=RPS2 PE=1 SV=2	4	3	1	31,3	10,24	1,343

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
Q8TD55	Pleckstrin homology domain-containing family O member 2 OS=Homo sapiens GN=PLEKHO2 PE=2 SV=1	5	1	1	53,3	5,43	1,341
Q59FG9	Chondroitin sulfate proteoglycan 2 (Versican) variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	1	11	4	374,1	4,53	1,34
P24752	Acetyl-CoA acetyltransferase, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=ACAT1 PE=1 SV=1	20	21	7	45,2	8,85	1,336
F5GXR3	Parathymosin OS=Homo sapiens GN=PTMS PE=1 SV=1	11	2	1	12,1	11	1,333
A0A024R462	Fibronectin 1, isoform CRA_n OS=Homo sapiens GN=FN1 PE=4 SV=1	33	252	7	259	5,73	1,332
B2R6S5	UMP-CMP kinase OS=Homo sapiens GN=CMKP PE=2 SV=1	6	1	1	25,8	7,97	1,329
A8K566	cDNA FLJ78246, highly similar to Homo sapiens splicing factor 3a, subunit 3, 60kDa (SF3A3), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	2	1	1	58,8	5,43	1,324
B2RDE1	cDNA, FLJ96568, highly similar to Homo sapiens tropomyosin 3 (TPM3), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	46	81	12	29	4,75	1,323
P14866	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein L OS=Homo sapiens GN=HNRNPL PE=1 SV=2	6	7	3	64,1	8,22	1,323
Q9UL82	Myosin-reactive immunoglobulin light chain variable region (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	10	6	1	11,4	6,6	1,319
P54920	Alpha-soluble NSF attachment protein OS=Homo sapiens GN=NAPA PE=1 SV=3	16	5	3	33,2	5,36	1,309
P01023	Alpha-2-macroglobulin OS=Homo sapiens GN=A2M PE=1 SV=3	31	145	33	163,2	6,46	1,292
Q14112	Nidogen-2 OS=Homo sapiens GN=NID2 PE=1 SV=3	17	60	17	151,2	5,29	1,291
B4DT31	cDNA FLJ53425, highly similar to Far upstream element-binding protein 1 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	7	15	4	69,8	7,36	1,291
P25786	Proteasome subunit alpha type-1 OS=Homo sapiens GN=PSMA1 PE=1 SV=1	9	6	2	29,5	6,61	1,29
B2R8R5	cDNA, FLJ94025, highly similar to Homo sapiens tripartite motif-	7	8	3	88,5	5,77	1,29

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
	containing 28 (TRIM28), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1						
Q9NXW1	BJ-HCC-24 tumor antigen OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	2	2	1	46,8	6,83	1,29
E9PPB1	Myelin protein zero-like protein 3 OS=Homo sapiens GN=MPZL3 PE=4 SV=1	23	3	1	7,6	11,93	1,289
P25774	Cathepsin S OS=Homo sapiens GN=CTSS PE=1 SV=3	3	3	1	37,5	8,34	1,285
O15230	Laminin subunit alpha-5 OS=Homo sapiens GN=LAMA5 PE=1 SV=8	2	16	5	399,5	7,02	1,285
A0A075B7D4	Protein IGKV1OR2-108 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=IGKV1OR2-108 PE=4 SV=1	16	6	1	12,5	6,48	1,284
P04275	von Willebrand factor OS=Homo sapiens GN=VWF PE=1 SV=4	2	10	4	309,1	5,48	1,268
A0A087X2I1	26S protease regulatory subunit 10B OS=Homo sapiens GN=PSMC6 PE=1 SV=1	4	2	1	45,8	7,78	1,263
B7Z8W8	Reticulon OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	1	8	1	112,5	4,96	1,26
P02746	Complement C1q subcomponent subunit B OS=Homo sapiens GN=C1QB PE=1 SV=3	11	8	2	26,7	8,63	1,257
F8WF69	Clathrin light chain A OS=Homo sapiens GN=CLTA PE=1 SV=1	7	8	2	27,8	4,91	1,252
P60866	40S ribosomal protein S20 OS=Homo sapiens GN=RPS20 PE=1 SV=1	23	10	2	13,4	9,94	1,251
A0A087WTX5	Ig kappa chain C region OS=Homo sapiens GN=IGKC PE=4 SV=1	29	296	0	25,6	7,97	1,25
Q96PD5	N-acetylmuramoyl-L-alanine amidase OS=Homo sapiens GN=PGLYRP2 PE=1 SV=1	7	5	2	62,2	7,55	1,25
Q15075	Early endosome antigen 1 OS=Homo sapiens GN=EEA1 PE=1 SV=2	1	1	1	162,4	5,68	1,247
B2R6F3	Splicing factor arginine/serine-rich 3 OS=Homo sapiens GN=SFRS3 PE=2 SV=1	29	18	3	19,3	11,65	1,236
P16070	CD44 antigen OS=Homo sapiens GN=CD44 PE=1 SV=3	5	19	3	81,5	5,33	1,234
V9HW87	Abhydrolase domain containing 14B, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=HEL-S-299 PE=2 SV=1	11	4	2	22,3	6,4	1,233
V9HWB4	Epididymis secretory sperm binding protein Li 89n	44	185	25	72,3	5,16	1,231

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
	OS=Homo sapiens GN=HEL-S-89n PE=2 SV=1						
S6AWE6	IgG L chain OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	24	107	1	22,9	8,43	1,223
P62424	60S ribosomal protein L7a OS=Homo sapiens GN=RPL7A PE=1 SV=2	4	5	1	30	10,61	1,222
B1N7B6	Cryocryoglobulin CC1 heavy chain variable region (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	23	6	2	13,2	8,48	1,218
B4E0Z6	cDNA FLJ59809, highly similar to Bone marrow stromal antigen 2 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	12	6	2	23,5	5,92	1,216
O75947	ATP synthase subunit d, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=ATP5H PE=1 SV=3	16	5	2	18,5	5,3	1,216
J3KTL2	Serine/arginine-rich-splicing factor 1 OS=Homo sapiens GN=SRSF1 PE=4 SV=1	12	10	3	28,3	10,08	1,213
Q15459	Splicing factor 3A subunit 1 OS=Homo sapiens GN=SF3A1 PE=1 SV=1	3	3	2	88,8	5,22	1,211
Q59G24	Activated RNA polymerase II transcription cofactor 4 variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	18	5	2	15,1	9,38	1,211
P38117	Electron transfer flavoprotein subunit beta OS=Homo sapiens GN=ETFB PE=1 SV=3	14	8	3	27,8	8,1	1,209
B3KNB4	cDNA FLJ14168 fis, clone NT2RP2001440, highly similar to 14-3-3 protein gamma OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	25	30	4	28,2	4,89	1,2
Q9NRV9	Heme-binding protein 1 OS=Homo sapiens GN=HEBP1 PE=1 SV=1	17	3	2	21,1	5,8	1,198
J3KQ32	Obg-like ATPase 1 OS=Homo sapiens GN=OLA1 PE=1 SV=1	9	8	3	46,9	8,06	1,197
Q13228	Selenium-binding protein 1 OS=Homo sapiens GN=SELENBP1 PE=1 SV=2	14	18	6	52,4	6,37	1,196
Q52LJ0	Protein FAM98B OS=Homo sapiens GN=FAM98B PE=1 SV=1	3	3	1	37,2	6,29	1,193
P01613	Ig kappa chain V-I region Ni OS=Homo sapiens PE=1 SV=1	30	8	2	12,2	5,36	1,192
V9HWE9	Epididymis secretory protein Li 22 OS=Homo sapiens GN=HEL-S-22 PE=2 SV=1	47	20	5	23,3	5,64	1,191
V9HW26	ATP synthase subunit alpha OS=Homo sapiens GN=HEL-S-	35	81	14	59,7	9,13	1,191

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
	123m PE=2 SV=1						
C9JC84	Fibrinogen gamma chain OS=Homo sapiens GN=FGG PE=1 SV=1	39	219	14	52,3	5,63	1,189
Q8TAA3	Proteasome subunit alpha type-7-like OS=Homo sapiens GN=PSMA8 PE=1 SV=3	4	5	1	28,5	8,98	1,186
Q5HYL6	Putative uncharacterized protein DKFZp686E1899 OS=Homo sapiens GN=DKFZp686E1899 PE=2 SV=1	12	8	3	39,5	5,19	1,183
Q59GB4	Dihydropyrimidinase-like 2 variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	32	42	11	68,1	6,24	1,179
B4E3P1	cDNA FLJ57036, highly similar to Homo sapiens tropomyosin 2 (beta) (TPM2), transcript variant 2, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	25	64	1	34,1	5,05	1,178
P62913	60S ribosomal protein L11 OS=Homo sapiens GN=RPL11 PE=1 SV=2	12	4	2	20,2	9,6	1,173
Q86TV4	Full-length cDNA clone CS0DI085YI08 of Placenta of Homo sapiens (human) (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	4	5	2	60	5,07	1,172
Q53H88	Dynactin 2 variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	17	13	5	44,8	5,12	1,17
P49327	Fatty acid synthase OS=Homo sapiens GN=FASN PE=1 SV=3	9	35	14	273,3	6,44	1,17
P01608	Ig kappa chain V-I region Roy OS=Homo sapiens PE=1 SV=1	24	22	1	11,8	5,36	1,161
E9KL44	Epididymis tissue sperm binding protein Li 14m OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	28	47	15	82,9	9,04	1,155
Q99536	Synaptic vesicle membrane protein VAT-1 homolog OS=Homo sapiens GN=VAT1 PE=1 SV=2	19	11	4	41,9	6,29	1,15
F4ZW66	NF110b OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	5	7	3	95,7	8,81	1,149
Q13151	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein A0 OS=Homo sapiens GN=HNRNPA0 PE=1 SV=1	8	10	1	30,8	9,29	1,149
V9HW48	SH3 domain-binding glutamic acid-rich-like protein OS=Homo sapiens GN=HEL-S-115 PE=2 SV=1	69	19	5	12,8	5,25	1,14
P36542	ATP synthase subunit gamma,	10	8	3	33	9,22	1,14

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
	mitochondrial OS=Homo sapiens GN=ATP5C1 PE=1 SV=1						
A0A024 R325	Succinyl-CoA ligase subunit beta OS=Homo sapiens GN=SUCLG2 PE=3 SV=1	5	5	2	46,5	6,39	1,139
Q9Y6C2	EMILIN-1 OS=Homo sapiens GN=EMILIN1 PE=1 SV=2	25	77	18	106,6	5,15	1,139
A0A024 R9M9	Calcium binding protein P22, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=CHP PE=4 SV=1	6	1	1	22,4	5,1	1,133
Q08380	Galectin-3-binding protein OS=Homo sapiens GN=LGALS3BP PE=1 SV=1	8	11	4	65,3	5,27	1,133
P30626	Sorcin OS=Homo sapiens GN=SRI PE=1 SV=1	21	17	4	21,7	5,59	1,13
Q9Y490	Talin-1 OS=Homo sapiens GN=TLN1 PE=1 SV=3	27	160	37	269,6	6,07	1,128
P30153	Serine/threonine-protein phosphatase 2A 65 kDa regulatory subunit A alpha isoform OS=Homo sapiens GN=PPP2R1A PE=1 SV=4	20	21	8	65,3	5,11	1,127
Q08257	Quinone oxidoreductase OS=Homo sapiens GN=CRYZ PE=1 SV=1	13	7	2	35,2	8,44	1,127
A0A024 R1S8	LIM and SH3 protein 1, isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=LASP1 PE=4 SV=1	18	11	5	29,7	7,05	1,125
A0A024 R321	Filamin B, beta (Actin binding protein 278), isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=FLNB PE=4 SV=1	11	67	18	280,3	5,94	1,124
Q53GD1	Guanine nucleotide-binding protein subunit gamma (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	22	2	1	8	8,97	1,123
B4DPQ0	Complement C1r subcomponent OS=Homo sapiens GN=C1R PE=2 SV=1	6	3	2	81,8	6,37	1,119
P00738	Haptoglobin OS=Homo sapiens GN=HP PE=1 SV=1	21	79	12	45,2	6,58	1,116
Q9BRL6	Serine/arginine-rich splicing factor 8 OS=Homo sapiens GN=SRSF8 PE=1 SV=1	3	3	1	32,3	11,72	1,115
A0A075 B6I8	Protein IGLV1-47 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=IGLV1- 47 PE=4 SV=1	25	16	1	12,3	5,91	1,114
Q9NR12	PDZ and LIM domain protein 7 OS=Homo sapiens GN=PDLIM7 PE=1 SV=1	5	3	2	49,8	8,41	1,112
A0A087	Ig mu chain C region OS=Homo	21	153	11	65,7	6,95	1,111

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
WYJ9	sapiens GN=IGHM PE=1 SV=1						
Q15942	Zyxin OS=Homo sapiens GN=ZYX PE=1 SV=1	3	1	1	61,2	6,67	1,111
Q9NRR5	Ubiquilin-4 OS=Homo sapiens GN=UBQLN4 PE=1 SV=2	3	1	1	63,8	5,22	1,109
B2RDQ3	cDNA, FLJ96718, highly similar to Homo sapiens splicing factor, arginine/serine-rich 10 (transformer 2 homolog, Drosophila) (SFRS10), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	6	3	1	33,7	11,25	1,108
A0A024 R056	Guanine nucleotide binding protein (G protein), beta polypeptide 1, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=GNB1 PE=4 SV=1	6	11	2	37,4	6	1,105
P50402	Emerin OS=Homo sapiens GN=EMD PE=1 SV=1	5	2	1	29	5,5	1,103
Q96K68	cDNA FLJ14473 fis, clone MAMMA1001080, highly similar to Homo sapiens SNC73 protein (SNC73) mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	17	73	2	53,1	6,86	1,102
B3KQF5	cDNA FLJ90381 fis, clone NT2RP2005035, highly similar to Calumenin OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	20	5	4	37	4,67	1,1
Q59EI9	ADP,ATP carrier protein, liver isoform T2 variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	21	19	1	35,4	9,85	1,099
O43491	Band 4.1-like protein 2 OS=Homo sapiens GN=EPB41L2 PE=1 SV=1	4	6	2	112,5	5,44	1,098
B2R5H0	Protein S100 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	32	27	3	11,7	7,18	1,095
Q16762	Thiosulfate sulfurtransferase OS=Homo sapiens GN=TST PE=1 SV=4	6	1	1	33,4	7,25	1,089
A0A024 R608	Ribosomal protein, large, P1, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=RPLP1 PE=3 SV=1	14	13	1	11,5	4,32	1,079
P01781	Ig heavy chain V-III region GAL OS=Homo sapiens PE=1 SV=1	31	15	1	12,7	8,48	1,078
B2R6Q2	Alkaline phosphatase OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	3	2	1	57,2	6,57	1,078
P12111	Collagen alpha-3(VI) chain OS=Homo sapiens GN=COL6A3 PE=1 SV=5	47	1023	114	343,5	6,68	1,078
A8MXP9	Matrin-3 OS=Homo sapiens GN=MATR3 PE=4 SV=1	2	2	1	99,9	6,04	1,078
A0A024	Proteolipid protein 2 (Colonic	9	3	1	16,7	7,24	1,077

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
QYW3	epithelium-enriched), isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=PLP2 PE=4 SV=1						
P42166	Lamina-associated polypeptide 2, isoform alpha OS=Homo sapiens GN=TMPO PE=1 SV=2	4	6	2	75,4	7,66	1,076
A0A024 R2W3	Protein kinase, cAMP-dependent, regulatory, type II, alpha, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=PRKAR2A PE=4 SV=1	17	10	4	45,5	5,07	1,07
P29692	Elongation factor 1-delta OS=Homo sapiens GN=EEF1D PE=1 SV=5	28	19	6	31,1	5,01	1,065
Q07507	Dermatopontin OS=Homo sapiens GN=DPT PE=2 SV=2	9	10	2	24	4,82	1,064
G3V4P8	Glia maturation factor beta (Fragment) OS=Homo sapiens GN=GMFB PE=1 SV=1	21	7	1	17,5	5,31	1,063
J3KNF8	Cytochrome b5 type B OS=Homo sapiens GN=CYB5B PE=3 SV=1	31	4	2	16,7	4,97	1,058
A8K7Q1	cDNA FLJ77770, highly similar to Homo sapiens nucleobindin 1 (NUCB1), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	14	11	4	53,9	5,25	1,053
P02787	Serotransferrin OS=Homo sapiens GN=TF PE=1 SV=3	26	135	17	77	7,12	1,053
A8K9K6	cDNA FLJ76962, highly similar to Homo sapiens nucleolar protein 5A (56kDa with KKE/D repeat) (NOL5A), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	2	3	1	65,9	9,23	1,05
O60925	Prefoldin subunit 1 OS=Homo sapiens GN=PFDN1 PE=1 SV=2	9	2	1	14,2	6,81	1,045
Q9BRA2	Thioredoxin domain-containing protein 17 OS=Homo sapiens GN=TXNDC17 PE=1 SV=1	8	1	1	13,9	5,52	1,043
E9PL57	Protein NEDD8-MDP1 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=NEDD8-MDP1 PE=4 SV=1	8	5	1	19,5	7,43	1,042
A0A068 W6H0	Basal cell adhesion molecule (Lutheran blood group) OS=Homo sapiens GN=BCAM PE=4 SV=1	3	2	1	67,4	5,9	1,042
E9PGN7	Plasma protease C1 inhibitor OS=Homo sapiens GN=SERPING1 PE=3 SV=1	14	21	5	59,5	6,76	1,041
A0A087 WTP3	Far upstream element-binding protein 2 OS=Homo sapiens GN=KHSRP PE=1 SV=1	9	10	5	73	7,71	1,041

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
P05556	Integrin beta-1 OS=Homo sapiens GN=ITGB1 PE=1 SV=2	11	22	7	88,4	5,39	1,039
P06313	Ig kappa chain V-IV region JI OS=Homo sapiens PE=4 SV=1	27	26	1	14,6	6,58	1,037
P19827	Inter-alpha-trypsin inhibitor heavy chain H1 OS=Homo sapiens GN=ITIH1 PE=1 SV=3	10	27	6	101,3	6,79	1,035
P10155	60 kDa SS-A/Ro ribonucleoprotein OS=Homo sapiens GN=TROVE2 PE=1 SV=2	2	1	1	60,6	8,03	1,035
Q9UL88	Myosin-reactive immunoglobulin heavy chain variable region (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	20	27	1	14,1	9,63	1,034
A8K9A4	cDNA FLJ75154, highly similar to Homo sapiens heterogeneous nuclear ribonucleoprotein C (C1/C2), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	11	13	4	33,6	5,14	1,032
P21333	Filamin-A OS=Homo sapiens GN=FLNA PE=1 SV=4	36	345	63	280,6	6,06	1,032
P0C0S5	Histone H2A.Z OS=Homo sapiens GN=H2AFZ PE=1 SV=2	26	21	2	13,5	10,58	1,031
P02649	Apolipoprotein E OS=Homo sapiens GN=APOE PE=1 SV=1	42	48	12	36,1	5,73	1,029
P02671	Fibrinogen alpha chain OS=Homo sapiens GN=FGA PE=1 SV=2	26	171	19	94,9	6,01	1,027
A0A024 QZK8	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein H3 (2H9), isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=HNRPH3 PE=4 SV=1	10	4	3	36,9	6,87	1,026
J3KPS3	Fructose-bisphosphate aldolase OS=Homo sapiens GN=ALDOA PE=3 SV=1	34	55	11	39,8	8,09	1,024
P37802	Transgelin-2 OS=Homo sapiens GN=TAGLN2 PE=1 SV=3	43	28	7	22,4	8,25	1,023
P04040	Catalase OS=Homo sapiens GN=CAT PE=1 SV=3	31	42	14	59,7	7,39	1,02
P26447	Protein S100-A4 OS=Homo sapiens GN=S100A4 PE=1 SV=1	28	15	3	11,7	6,11	1,02
P01714	Ig lambda chain V-III region SH OS=Homo sapiens PE=1 SV=1	17	5	1	11,4	6,52	1,019
A0N5G3	Rheumatoid factor G9 light chain (Fragment) OS=Homo sapiens GN=V<lambda>3 PE=2 SV=1	45	26	2	12,9	6,52	1,019
P04350	Tubulin beta-4A chain OS=Homo sapiens	37	71	0	49,6	4,88	1,018

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
	GN=TUBB4A PE=1 SV=2						
Q8NEJ1	Uncharacterized protein OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	28	111	1	25	7,69	1,012
Q8TCD0	Uncharacterized protein OS=Homo sapiens PE=1 SV=1	28	300	1	26,2	8,06	1,011
P15531	Nucleoside diphosphate kinase A OS=Homo sapiens GN=NME1 PE=1 SV=1	34	21	1	17,1	6,19	1,01
P06748	Nucleophosmin OS=Homo sapiens GN=NPM1 PE=1 SV=2	16	25	3	32,6	4,78	1,008
B2RD79	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	3	2	1	56	5,3	1,007
B2R6E2	cDNA, FLJ92910, highly similar to Homo sapiens programmed cell death 4 (neoplastic transformation inhibitor) (PDCD4), transcript variant 1, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	9	7	3	51,6	5,25	1,007
Q9BRX8	Redox-regulatory protein FAM213A OS=Homo sapiens GN=FAM213A PE=1 SV=3	10	6	2	25,7	8,84	1,002
Q15019	Septin-2 OS=Homo sapiens GN=SEPT2 PE=1 SV=1	23	11	5	41,5	6,6	1,002
Q6IPH7	RPL14 protein OS=Homo sapiens GN=RPL14 PE=2 SV=1	5	7	1	23,8	10,93	1,001
P25789	Proteasome subunit alpha type-4 OS=Homo sapiens GN=PSMA4 PE=1 SV=1	7	5	2	29,5	7,72	0,997
P68371	Tubulin beta-4B chain OS=Homo sapiens GN=TUBB4B PE=1 SV=1	43	96	1	49,8	4,89	0,997
P22792	Carboxypeptidase N subunit 2 OS=Homo sapiens GN=CPN2 PE=1 SV=3	5	4	1	60,5	5,99	0,995
Q59H77	T-complex protein 1 subunit gamma (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	11	18	6	63,5	6,43	0,995
P67936	Tropomyosin alpha-4 chain OS=Homo sapiens GN=TPM4 PE=1 SV=3	36	101	7	28,5	4,69	0,992
P16402	Histone H1.3 OS=Homo sapiens GN=HIST1H1D PE=1 SV=2	5	10	1	22,3	11,02	0,988
B8ZWD9	Diazepam binding inhibitor, splice form 1D(2) OS=Homo sapiens GN=DBI PE=2 SV=1	31	6	3	16,1	5,05	0,986
Q9UHG3	Prenylcysteine oxidase 1 OS=Homo sapiens GN=PCYOX1 PE=1 SV=3	10	13	3	56,6	6,18	0,986
Q53HL1	Myosin regulatory light chain	40	44	3	19,8	4,84	0,985

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
	MRCL3 variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1						
Q9UII2	ATPase inhibitor, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=ATPIF1 PE=1 SV=1	8	2	1	12,2	9,35	0,984
V9HWE0	Annexin OS=Homo sapiens GN=HEL-S-7 PE=2 SV=1	74	183	21	35,9	5,05	0,983
P25398	40S ribosomal protein S12 OS=Homo sapiens GN=RPS12 PE=1 SV=3	31	11	3	14,5	7,21	0,977
D3DRR6	Inter-alpha (Globulin) inhibitor H2, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=ITIH2 PE=4 SV=1	14	23	7	106,5	6,95	0,976
D9IAI1	Epididymis secretory protein Li 34 OS=Homo sapiens GN=HEL- S-34 PE=2 SV=1	59	31	7	21	7,53	0,966
A8K7E0	cDNA FLJ76911, highly similar to Homo sapiens biglycan (BGN), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	35	71	7	41,6	7,52	0,964
A0A024 RAZ7	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein A1, isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=HNRPA1 PE=4 SV=1	24	48	7	38,7	9,13	0,961
Q5EC54	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein K transcript variant OS=Homo sapiens GN=HNRPK PE=2 SV=1	21	39	7	51	5,33	0,959
A8K3M9	cDNA FLJ76387, highly similar to Homo sapiens splicing factor, arginine/serine-rich 9 (SFRS9), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	10	6	2	25,5	8,65	0,955
Q9H6N6	cDNA: FLJ22037 fis, clone HEP08868 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=MYH16 PE=2 SV=1	1	1	1	86,9	5,35	0,953
O60664	Perilipin-3 OS=Homo sapiens GN=PLIN3 PE=1 SV=3	9	10	3	47	5,44	0,95
H0YIV9	Uncharacterized protein (Fragment) OS=Homo sapiens PE=3 SV=1	11	2	1	18,7	5,73	0,949
P02743	Serum amyloid P-component OS=Homo sapiens GN=APCS PE=1 SV=2	22	10	5	25,4	6,54	0,948
P14543	Nidogen-1 OS=Homo sapiens GN=NID1 PE=1 SV=3	18	49	14	136,3	5,29	0,948
J9JID7	Lamin B2, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=LMNB2 PE=3 SV=1	30	84	16	69,9	5,59	0,948
O94826	Mitochondrial import receptor	2	1	1	67,4	7,12	0,946

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
	subunit TOM70 OS=Homo sapiens GN=TOMM70A PE=1 SV=1						
P36955	Pigment epithelium-derived factor OS=Homo sapiens GN=SERPINF1 PE=1 SV=4	35	28	9	46,3	6,38	0,946
P06396	Gelsolin OS=Homo sapiens GN=GSN PE=1 SV=1	42	113	18	85,6	6,28	0,944
A0A087 WSY6	Protein IGKV3D-15 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=IGKV3D-15 PE=4 SV=2	26	7	1	12,5	5,19	0,94
A8K8W7	cDNA FLJ75224, highly similar to Homo sapiens lipase, hormone-sensitive (LIPE), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	1	1	1	116,5	6,7	0,939
Q15691	Microtubule-associated protein RP/EB family member 1 OS=Homo sapiens GN=MAPRE1 PE=1 SV=3	4	4	2	30	5,14	0,939
P01619	Ig kappa chain V-III region B6 OS=Homo sapiens PE=1 SV=1	15	2	1	11,6	9,25	0,935
P30044	Peroxiredoxin-5, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=PRDX5 PE=1 SV=4	32	19	5	22,1	8,7	0,933
B2R983	cDNA, FLJ94267, highly similar to Homo sapiens glutathione S-transferase omega 1 (GSTO1), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	17	16	4	27,5	6,6	0,933
F8W914	Reticulon OS=Homo sapiens GN=RTN4 PE=1 SV=1	14	12	4	37,1	4,77	0,931
O95678	Keratin, type II cytoskeletal 75 OS=Homo sapiens GN=KRT75 PE=1 SV=2	9	28	1	59,5	7,74	0,923
V9HWA9	Epididymis secretory sperm binding protein Li 62p OS=Homo sapiens GN=HEL-S-62p PE=2 SV=1	49	324	60	187	6,4	0,918
A0A024 R6C9	Dihydrolipoamide S-succinyltransferase (E2 component of 2-oxo-glutarate complex), isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=DLST PE=3 SV=1	5	5	2	48,7	8,95	0,917
Q5HYE3	Putative uncharacterized protein DKFZp686H1812 OS=Homo sapiens GN=DKFZp686H1812 PE=2 SV=1	4	5	2	45,9	7,91	0,917
A0A024 R9Q1	Thrombospondin 1, isoform CRA_a OS=Homo sapiens	6	13	5	129,3	4,94	0,911

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
	GN=THBS1 PE=4 SV=1						
P56385	ATP synthase subunit e, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=ATP5I PE=1 SV=2	14	5	1	7,9	9,35	0,911
P07585	Decorin OS=Homo sapiens GN=DCN PE=1 SV=1	36	97	10	39,7	8,54	0,905
Q9Y3E8	CGI-150 protein OS=Homo sapiens GN=C17orf25 PE=2 SV=1	5	2	2	55	8,7	0,903
B7Z3K9	Fructose-bisphosphate aldolase OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	12	15	4	48,4	8,07	0,903
B2R4A2	Cytochrome b-c1 complex subunit 7 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	12	1	1	13,5	8,27	0,9
P01034	Cystatin-C OS=Homo sapiens GN=CST3 PE=1 SV=1	8	2	1	15,8	8,75	0,893
P23141	Liver carboxylesterase 1 OS=Homo sapiens GN=CES1 PE=1 SV=2	22	22	9	62,5	6,6	0,893
B7Z6Z4	Myosin light polypeptide 6 OS=Homo sapiens GN=MYL6 PE=1 SV=1	32	64	8	26,7	5,08	0,892
P26599	Polypyrimidine tract-binding protein 1 OS=Homo sapiens GN=PTBP1 PE=1 SV=1	9	7	3	57,2	9,17	0,889
E9PAV3	Nascent polypeptide-associated complex subunit alpha, muscle-specific form OS=Homo sapiens GN=NACA PE=1 SV=1	1	8	2	205,3	9,58	0,889
Q06828	Fibromodulin OS=Homo sapiens GN=FMOD PE=1 SV=2	11	21	3	43,2	6,04	0,886
D3DTH7	Myosin IC, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=MYO1C PE=4 SV=1	18	36	1	98,9	9,42	0,886
A0A0A0MTH3	Integrin-linked protein kinase OS=Homo sapiens GN=ILK PE=4 SV=1	3	5	1	54,6	7,97	0,883
A0A024RDG9	3-hydroxybutyrate dehydrogenase, type 2, isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=BDH2 PE=4 SV=1	18	7	3	26,7	7,65	0,882
D1MGQ2	Alpha-2 globin chain OS=Homo sapiens GN=HBA2 PE=3 SV=1	68	443	4	15,2	8,68	0,881
P62805	Histone H4 OS=Homo sapiens GN=HIST1H4A PE=1 SV=2	51	38	6	11,4	11,36	0,881
A0A024R571	EH domain-containing protein 1 OS=Homo sapiens GN=EHD1 PE=4 SV=1	9	5	3	61,9	6,71	0,88
V9HWD6	Epididymis secretory protein Li 1 OS=Homo sapiens GN=HEL-S-1 PE=2 SV=1	37	43	4	28,1	4,83	0,879

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
A0A024 R6N2	Non-specific serine/threonine protein kinase OS=Homo sapiens GN=CDC42BPB PE=4 SV=1	1	4	1	194,2	6,37	0,877
Q92688	Acidic leucine-rich nuclear phosphoprotein 32 family member B OS=Homo sapiens GN=ANP32B PE=1 SV=1	3	1	1	28,8	4,06	0,875
Q7Z379	Putative uncharacterized protein DKFZp686K04218 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=DKFZp686K04218 PE=1 SV=1	15	58	2	51,6	6,52	0,874
P06331	Ig heavy chain V-II region ARH-77 OS=Homo sapiens PE=4 SV=1	6	3	1	16,2	8,28	0,873
Q99685	Monoglyceride lipase OS=Homo sapiens GN=MGLL PE=1 SV=2	17	9	3	33,2	6,99	0,871
B2R880	cDNA, FLJ93778, highly similar to Homo sapiens CD38 antigen (p45) (CD38), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	4	2	1	34,3	7,47	0,87
Q99426	Tubulin-folding cofactor B OS=Homo sapiens GN=TBCB PE=1 SV=2	4	2	1	27,3	5,15	0,866
P11047	Laminin subunit gamma-1 OS=Homo sapiens GN=LAMC1 PE=1 SV=3	17	70	21	177,5	5,12	0,865
Q15293	Reticulocalbin-1 OS=Homo sapiens GN=RCN1 PE=1 SV=1	25	24	7	38,9	5	0,861
A0A024 R5Z7	Annexin OS=Homo sapiens GN=ANXA2 PE=3 SV=1	54	246	22	38,6	7,75	0,859
P40925	Malate dehydrogenase, cytoplasmic OS=Homo sapiens GN=MDH1 PE=1 SV=4	18	11	4	36,4	7,36	0,857
P35268	60S ribosomal protein L22 OS=Homo sapiens GN=RPL22 PE=1 SV=2	19	7	2	14,8	9,19	0,856
P27348	14-3-3 protein theta OS=Homo sapiens GN=YWHAQ PE=1 SV=1	32	30	3	27,7	4,78	0,856
Q6NZY1	TPSB2 protein OS=Homo sapiens GN=TPSB2 PE=2 SV=1	29	41	6	31,3	7,3	0,856
E5RJD8	Tubulin-specific chaperone A OS=Homo sapiens GN=TBCA PE=1 SV=1	8	5	1	14,3	5,12	0,855
A0A024 R6D4	Enhancer of rudimentary homolog OS=Homo sapiens GN=ERH PE=3 SV=1	22	5	2	12,3	5,92	0,852
O14618	Copper chaperone for superoxide dismutase OS=Homo sapiens GN=CCS PE=1 SV=1	5	3	1	29	5,58	0,85

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
Q4LE35	ITGA7 variant protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=ITGA7 variant protein PE=2 SV=1	1	2	1	130,7	6,25	0,847
O94905	Erlin-2 OS=Homo sapiens GN=ERLIN2 PE=1 SV=1	10	14	3	37,8	5,62	0,846
C9JF17	Apolipoprotein D (Fragment) OS=Homo sapiens GN=APOD PE=4 SV=1	19	45	4	24,1	5,6	0,845
A0A024 RDJ3	Nucleolar protein family A, member 1 (H/ACA small nucleolar RNPs), isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=NOLA1 PE=4 SV=1	4	1	1	22,3	10,92	0,845
U3KQ56	Glyoxylate reductase/hydroxypyruvate reductase OS=Homo sapiens GN=GRHPR PE=1 SV=1	9	4	2	38,7	8,02	0,841
B2R8Z8	cDNA, FLJ94136, highly similar to Homo sapiens synaptotagmin binding, cytoplasmic RNA interacting protein (SYNCRIP), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	8	14	2	69,6	8,76	0,837
Q9NRN5	Olfactomedin-like protein 3 OS=Homo sapiens GN=OLFML3 PE=2 SV=1	6	4	3	46	6,57	0,837
Q13185	Chromobox protein homolog 3 OS=Homo sapiens GN=CBX3 PE=1 SV=4	8	3	1	20,8	5,33	0,834
D6W5Y5	Cold inducible RNA binding protein, isoform CRA_c OS=Homo sapiens GN=CIRBP PE=4 SV=1	7	3	1	31,9	9,61	0,833
P12109	Collagen alpha-1(VI) chain OS=Homo sapiens GN=COL6A1 PE=1 SV=3	27	228	22	108,5	5,43	0,832
P05387	60S acidic ribosomal protein P2 OS=Homo sapiens GN=RPLP2 PE=1 SV=1	70	15	5	11,7	4,54	0,831
O43504	Regulator complex protein LAMTOR5 OS=Homo sapiens GN=LAMTOR5 PE=1 SV=1	22	2	1	9,6	4,87	0,831
O60220	Mitochondrial import inner membrane translocase subunit Tim8 A OS=Homo sapiens GN=TIMM8A PE=1 SV=1	11	1	1	11	5,16	0,83
P51991	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein A3 OS=Homo sapiens GN=HNRNPA3 PE=1 SV=2	28	26	8	39,6	9,01	0,828

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
P63104	14-3-3 protein zeta/delta OS=Homo sapiens GN=YWHAZ PE=1 SV=1	42	54	6	27,7	4,79	0,827
I1SRC5	UBE2L3/KRAS fusion protein OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	5	1	1	34	8,1	0,821
G3V2N0	Guanine nucleotide-binding protein subunit gamma OS=Homo sapiens GN=GNG2 PE=1 SV=1	21	3	2	12,4	8,91	0,819
V9HW43	Epididymis secretory protein Li 102 OS=Homo sapiens GN=HEL-S-102 PE=2 SV=1	60	48	9	22,8	6,4	0,818
A4D198	Similar to mKIAA0038 protein OS=Homo sapiens GN=LOC392647 PE=4 SV=1	4	1	1	32,6	8,87	0,818
V9HW44	Epididymis secretory protein Li 303 OS=Homo sapiens GN=HEL-S-303 PE=2 SV=1	22	5	3	25,6	5,92	0,815
P08697	Alpha-2-antiplasmin OS=Homo sapiens GN=SERPINF2 PE=1 SV=3	5	3	1	54,5	6,29	0,811
Q5NV90	V2-17 protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=V2-17 PE=1 SV=1	31	10	1	10,4	4,59	0,811
P01009	Alpha-1-antitrypsin OS=Homo sapiens GN=SERPINA1 PE=1 SV=3	56	199	2	46,7	5,59	0,81
B1PS43	Myosin heavy chain 11 smooth muscle isoform OS=Homo sapiens GN=MYH11 PE=1 SV=1	18	93	20	234,1	5,8	0,809
P30040	Endoplasmic reticulum resident protein 29 OS=Homo sapiens GN=ERP29 PE=1 SV=4	25	16	6	29	7,31	0,809
V9HWD8	Epididymis secretory sperm binding protein Li 163pA OS=Homo sapiens GN=HEL-S-163pA PE=2 SV=1	32	44	10	54,2	5,86	0,809
P35611	Alpha-adducin OS=Homo sapiens GN=ADD1 PE=1 SV=2	4	5	2	80,9	5,83	0,806
P53597	Succinyl-CoA ligase [ADP/GDP-forming] subunit alpha, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=SUCLG1 PE=1 SV=4	4	3	1	36,2	8,79	0,803
B4DH02	cDNA FLJ50510, highly similar to Heat shock 70 kDa protein 4 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	2	1	1	94,3	5,19	0,803
E7EPT4	NADH dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein 2, mitochondrial OS=Homo sapiens	9	7	2	27,9	8	0,798

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
	GN=NDUFV2 PE=1 SV=1						
S4R435	Protein RPS10-NUDT3 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=RPS10-NUDT3 PE=3 SV=1	3	3	1	32,6	9,19	0,793
B7Z5W1	cDNA FLJ54854, highly similar to Junctional adhesion molecule A OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	8	2	1	32,8	8,85	0,791
A0A024 R3W7	Eukaryotic translation elongation factor 1 beta 2, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=EEF1B2 PE=3 SV=1	16	14	3	24,7	4,67	0,791
Q05707	Collagen alpha-1(XIV) chain OS=Homo sapiens GN=COL14A1 PE=1 SV=3	44	491	56	193,4	5,3	0,79
P62854	40S ribosomal protein S26 OS=Homo sapiens GN=RPS26 PE=1 SV=3	8	1	1	13	11	0,784
A0A024 R6I9	Serpin peptidase inhibitor, clade A (Alpha-1 antiproteinase, antitrypsin), member 4, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=SERPINA4 PE=3 SV=1	5	3	2	48,5	7,75	0,783
Q92804	TATA-binding protein-associated factor 2N OS=Homo sapiens GN=TAF15 PE=1 SV=1	4	7	2	61,8	8,02	0,78
P04003	C4b-binding protein alpha chain OS=Homo sapiens GN=C4BPA PE=1 SV=2	7	20	4	67	7,3	0,779
O43175	D-3-phosphoglycerate dehydrogenase OS=Homo sapiens GN=PHGDH PE=1 SV=4	4	4	2	56,6	6,71	0,776
A0A0A0 MSE2	Hydroxyacyl-coenzyme A dehydrogenase, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=HADH PE=4 SV=1	5	5	2	42,1	9,26	0,774
P24844	Myosin regulatory light polypeptide 9 OS=Homo sapiens GN=MYL9 PE=1 SV=4	40	40	3	19,8	4,92	0,773
D3DNU8	Kininogen 1, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=KNG1 PE=4 SV=1	18	22	6	47,8	6,65	0,768
A0A087 WSV8	Nucleobindin 2, isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=NUCB2 PE=4 SV=1	2	1	1	50,2	5,12	0,765
Q9BTT0	Acidic leucine-rich nuclear phosphoprotein 32 family member E OS=Homo sapiens GN=ANP32E PE=1 SV=1	7	1	1	30,7	3,85	0,762

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
D6RF35	Vitamin D-binding protein OS=Homo sapiens GN=GC PE=1 SV=1	17	30	7	53	5,52	0,756
P27695	DNA-(apurinic or apyrimidinic site) lyase OS=Homo sapiens GN=APEX1 PE=1 SV=2	5	3	1	35,5	8,12	0,755
Q9H2U2	Inorganic pyrophosphatase 2, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=PPA2 PE=1 SV=2	7	4	1	37,9	7,39	0,753
L7N2F9	Uncharacterized protein (Fragment) OS=Homo sapiens PE=4 SV=1	14	4	1	13,1	7,96	0,743
A0A087WVN6	Protein IGKV1-27 OS=Homo sapiens GN=IGKV1-27 PE=4 SV=1	35	21	1	10,4	8,47	0,74
P35555	Fibrillin-1 OS=Homo sapiens GN=FBN1 PE=1 SV=3	1	23	5	312	4,93	0,74
B2R6A3	Na(+)/H(+) exchange regulatory cofactor NHE-RF OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	8	2	2	38,9	5,77	0,735
Q9UJU6	Drebrin-like protein OS=Homo sapiens GN=DBNL PE=1 SV=1	8	6	2	48,2	5,05	0,734
E2RVJ0	Solute carrier family 4, anion exchanger, member 1 OS=Homo sapiens GN=SLC4A1 PE=2 SV=1	21	73	14	101,9	5,22	0,731
A8MUH2	ATP synthase-coupling factor 6, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=ATP5J PE=1 SV=1	29	6	2	13,9	9,41	0,731
Q16853	Membrane primary amine oxidase OS=Homo sapiens GN=AOC3 PE=1 SV=3	24	45	13	84,6	6,52	0,73
Q13148	TAR DNA-binding protein 43 OS=Homo sapiens GN=TARDBP PE=1 SV=1	3	2	1	44,7	6,19	0,729
Q0VDC6	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase OS=Homo sapiens GN=FKBP1A PE=2 SV=1	32	6	2	15,7	9,17	0,726
P38159	RNA-binding motif protein, X chromosome OS=Homo sapiens GN=RBMX PE=1 SV=3	7	3	2	42,3	10,05	0,726
P0C0L5	Complement C4-B OS=Homo sapiens GN=C4B PE=1 SV=2	28	132	3	192,6	7,27	0,725
P01031	Complement C5 OS=Homo sapiens GN=C5 PE=1 SV=4	1	2	2	188,2	6,52	0,722
A0A0A0MRI2	Sorting nexin 6, isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=SNX6 PE=4 SV=1	2	3	1	47,8	6,43	0,721
A0A087WUZ3	Spectrin beta chain, non-erythrocytic 1 OS=Homo sapiens GN=SPTBN1 PE=1 SV=1	18	102	31	274,7	5,57	0,721

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
Q99497	Protein DJ-1 OS=Homo sapiens GN=PARK7 PE=1 SV=2	19	12	3	19,9	6,79	0,72
A0A024 R319	Laminin, beta 2 (Laminin S), isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=LAMB2 PE=4 SV=1	18	80	24	195,9	6,52	0,713
P00734	Prothrombin OS=Homo sapiens GN=F2 PE=1 SV=2	8	14	5	70	5,9	0,703
P50502	Hsc70-interacting protein OS=Homo sapiens GN=ST13 PE=1 SV=2	10	9	3	41,3	5,27	0,703
Q9UL90	Myosin-reactive immunoglobulin heavy chain variable region (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	18	10	1	12,4	8,44	0,695
A0A024 R035	Complement component 9, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=C9 PE=4 SV=1	18	20	8	63,2	5,52	0,693
P30049	ATP synthase subunit delta, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=ATP5D PE=1 SV=2	38	12	3	17,5	5,49	0,69
B2R960	cDNA, FLJ94230, highly similar to Homo sapiens thioredoxin-like 1 (TXNL1), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	2	3	1	32,2	4,96	0,688
P08311	Cathepsin G OS=Homo sapiens GN=CTSG PE=1 SV=2	4	6	1	28,8	11,19	0,688
Q5VXV3	SET OS=Homo sapiens GN=SET PE=2 SV=1	23	21	4	33,5	4,32	0,675
P23946	Chymase OS=Homo sapiens GN=CMA1 PE=1 SV=1	21	11	3	27,3	9,29	0,673
Q13435	Splicing factor 3B subunit 2 OS=Homo sapiens GN=SF3B2 PE=1 SV=2	3	3	2	100,2	5,67	0,67
P22626	Heterogeneous nuclear ribonucleoproteins A2/B1 OS=Homo sapiens GN=HNRNPA2B1 PE=1 SV=2	35	71	9	37,4	8,95	0,669
V9HWA 6	Epididymis luminal protein 32 OS=Homo sapiens GN=HEL32 PE=2 SV=1	17	2	2	18,5	7,85	0,659
P12110	Collagen alpha-2(VI) chain OS=Homo sapiens GN=COL6A2 PE=1 SV=4	24	216	9	108,5	6,21	0,658
A8K690	cDNA FLJ76863, highly similar to Homo sapiens stress-induced-phosphoprotein 1 (Hsp70/Hsp90-organizing protein) (STIP1), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	10	13	5	62,6	6,8	0,657
H9ZYJ2	Thioredoxin OS=Homo sapiens	12	4	1	11,7	4,92	0,655

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
	GN=TXN PE=2 SV=1						
H0U149	Laminin, alpha 4, isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=LAMA4 PE=4 SV=1	9	45	11	201,7	6,3	0,655
A0A024 R713	Dihydrolipoyl dehydrogenase OS=Homo sapiens GN=DLD PE=3 SV=1	6	4	2	54,1	7,85	0,652
Q9Y4L1	Hypoxia up-regulated protein 1 OS=Homo sapiens GN=HYOU1 PE=1 SV=1	4	6	3	111,3	5,22	0,649
P51888	Prolargin OS=Homo sapiens GN=PRELP PE=1 SV=1	38	126	13	43,8	9,38	0,648
P30043	Flavin reductase (NADPH) OS=Homo sapiens GN=BLVRB PE=1 SV=3	31	29	5	22,1	7,65	0,647
B2R4R9	HCG26477 OS=Homo sapiens GN=RPS28 PE=2 SV=1	17	5	1	7,8	10,7	0,643
B2R6L0	cDNA, FLJ93005, highly similar to Homo sapiens tubulin, beta polypeptide (TUBB), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	38	88	2	49,9	4,89	0,643
Q549M8	CLE7 OS=Homo sapiens GN=C14orf166 PE=2 SV=1	28	16	5	28,1	6,65	0,638
B1AKZ4	Phosphoprotein enriched in astrocytes 15, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=PEA15 PE=2 SV=1	41	10	3	15	5,02	0,637
A0N071	Delta globin OS=Homo sapiens GN=HBD PE=3 SV=1	70	321	4	16	8,05	0,635
V9HW62	Lactoylglutathione lyase OS=Homo sapiens GN=HEL-S- 74 PE=2 SV=1	15	5	2	20,7	5,47	0,632
Q6ZMU0	Delta-aminolevulinic acid dehydratase OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	3	2	1	39	7,65	0,632
P04083	Annexin A1 OS=Homo sapiens GN=ANXA1 PE=1 SV=2	53	155	17	38,7	7,02	0,623
Q9Y5L4	Mitochondrial import inner membrane translocase subunit Tim13 OS=Homo sapiens GN=TIMM13 PE=1 SV=1	15	1	1	10,5	8,18	0,619
Q9C005	Protein dpy-30 homolog OS=Homo sapiens GN=DPY30 PE=1 SV=1	36	4	2	11,2	4,88	0,619
P02750	Leucine-rich alpha-2- glycoprotein OS=Homo sapiens GN=LRG1 PE=1 SV=2	22	22	5	38,2	6,95	0,618
J3KNQ4	Alpha-parvin OS=Homo sapiens GN=PARVA PE=4 SV=1	7	8	2	46,6	8,4	0,617
P02545	Prelamin-A/C OS=Homo sapiens GN=LMNA PE=1 SV=1	59	278	3	74,1	7,02	0,617

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
P23528	Cofilin-1 OS=Homo sapiens GN=CFL1 PE=1 SV=3	50	39	7	18,5	8,09	0,612
B4E1Z4	Uncharacterized protein OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	12	56	14	140,9	7,18	0,611
P11766	Alcohol dehydrogenase class-3 OS=Homo sapiens GN=ADH5 PE=1 SV=4	8	8	2	39,7	7,49	0,61
D9ZGG2	Vitronectin OS=Homo sapiens GN=VTN PE=4 SV=1	14	30	5	54,3	5,8	0,609
P19338	Nucleolin OS=Homo sapiens GN=NCL PE=1 SV=3	16	47	11	76,6	4,7	0,601
B2R773	cDNA, FLJ93312, highly similar to Homo sapiens adipose most abundant gene transcript 1 (APM1), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	6	1	1	26,4	5,74	0,6
Q03135	Caveolin-1 OS=Homo sapiens GN=CAV1 PE=1 SV=4	30	19	4	20,5	6,02	0,598
Q9UK54	Hemoglobin beta subunit variant (Fragment) OS=Homo sapiens GN=HBB PE=2 SV=1	73	391	2	14	6,95	0,59
Q9GZM7	Tubulointerstitial nephritis antigen-like OS=Homo sapiens GN=TINAGL1 PE=1 SV=1	8	9	3	52,4	6,99	0,589
V9HWK2	Epididymis luminal protein 114 OS=Homo sapiens GN=HEL114 PE=2 SV=1	28	78	24	123,7	5,66	0,586
A0A024R962	HCG40889, isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=hCG 40889 PE=4 SV=1	8	40	8	139	6,62	0,586
A0A024R5H0	Barrier to autointegration factor 1, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=BANF1 PE=4 SV=1	40	8	2	10,1	6,09	0,586
Q63ZY3	KN motif and ankyrin repeat domain-containing protein 2 OS=Homo sapiens GN=KANK2 PE=1 SV=1	3	2	2	91,1	5,63	0,581
P00167	Cytochrome b5 OS=Homo sapiens GN=CYB5A PE=1 SV=2	49	27	5	15,3	4,96	0,579
P08107	Heat shock 70 kDa protein 1A/1B OS=Homo sapiens GN=HSPA1A PE=1 SV=5	31	73	13	70	5,66	0,577
A0A087WYR3	Tumor protein D54 OS=Homo sapiens GN=TPD52L2 PE=1 SV=1	11	5	2	23,8	6,55	0,574
P54727	UV excision repair protein RAD23 homolog B OS=Homo sapiens GN=RAD23B PE=1 SV=1	11	10	4	43,1	4,84	0,573
D3DV26	S100 calcium binding protein	13	26	3	22,3	10,33	0,569

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
	A10 (Annexin II ligand, calpactin I, light polypeptide (P11)), isoform CRA_b (Fragment) OS=Homo sapiens GN=S100A10 PE=4 SV=1						
P13645	Keratin, type I cytoskeletal 10 OS=Homo sapiens GN=KRT10 PE=1 SV=6	22	29	10	58,8	5,21	0,567
B2R9F2	cDNA, FLJ94361, highly similar to Homo sapiens serine (or cysteine) proteinase inhibitor, clade A(alpha-1 antiproteinase, antitrypsin), member 6 (SERPINA6), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	2	1	1	45,1	6,04	0,567
K7ES70	Microfibril-associated glycoprotein 4 OS=Homo sapiens GN=MFAP4 PE=4 SV=1	21	12	2	31,3	5,87	0,567
V9HWE1	Epididymis luminal protein 113 OS=Homo sapiens GN=HEL113 PE=2 SV=1	74	601	37	53,6	5,12	0,565
B7Z6G4	cDNA FLJ53193, highly similar to Homo sapiens caldesmon 1 (CALD1), transcript variant 5, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	23	23	10	62,7	5,91	0,562
V9GYM3	Apolipoprotein A-II OS=Homo sapiens GN=APOA2 PE=1 SV=1	32	11	4	14,9	8,27	0,561
A0A024R233	Tight junction protein 2 (Zona occludens 2), isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=TJP2 PE=4 SV=1	2	1	1	133,9	7,4	0,56
P51884	Lumican OS=Homo sapiens GN=LUM PE=1 SV=2	36	248	12	38,4	6,61	0,56
B2R7F8	cDNA, FLJ93426, highly similar to Homo sapiens plasminogen (PLG), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	10	35	7	90,5	7,24	0,555
A0A024R0T8	Apolipoprotein C-I, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=APOC1 PE=4 SV=1	24	10	3	9,3	8,47	0,551
Q59EJ5	Glutathione S-transferase M3 variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	11	4	2	27,2	6,02	0,551
P06727	Apolipoprotein A-IV OS=Homo sapiens GN=APOA4 PE=1 SV=3	45	53	17	45,4	5,38	0,55
P18428	Lipopolysaccharide-binding protein OS=Homo sapiens	11	6	3	53,4	6,7	0,548

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
	GN=LBP PE=1 SV=3						
A8MU27	Small ubiquitin-related modifier 3 OS=Homo sapiens GN=SUMO3 PE=1 SV=1	8	5	1	16,9	9,67	0,547
M0QXB4	Coatmer protein complex, subunit epsilon, isoform CRA_g OS=Homo sapiens GN=COPE PE=4 SV=1	6	1	1	36,9	5,16	0,545
Q9NZN4	EH domain-containing protein 2 OS=Homo sapiens GN=EHD2 PE=1 SV=2	30	52	11	61,1	6,46	0,545
B2R941	cDNA, FLJ94198, highly similar to Homo sapiens carboxypeptidase A3 (mast cell) (CPA3), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	16	33	5	48,7	9	0,544
P23229	Integrin alpha-6 OS=Homo sapiens GN=ITGA6 PE=1 SV=5	7	8	5	126,5	6,61	0,543
B3KNZ3	cDNA FLJ30801 fis, clone FEBRA2001217, highly similar to Homo sapiens LIM and senescent cell antigen-like domains 2 (LIMS2), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	4	2	1	38,4	8,12	0,543
Q14103	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein D0 OS=Homo sapiens GN=HNRNPD PE=1 SV=1	10	11	3	38,4	7,81	0,539
H7C0C1	Uncharacterized protein (Fragment) OS=Homo sapiens PE=4 SV=2	6	4	1	26,8	9,45	0,535
A0A024R036	Disabled homolog 2, mitogen-responsive phosphoprotein (Drosophila), isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=DAB2 PE=4 SV=1	2	2	1	82,4	5,53	0,534
Q01469	Fatty acid-binding protein, epidermal OS=Homo sapiens GN=FABP5 PE=1 SV=3	14	7	2	15,2	7,01	0,53
D9YZV5	Tropomyosin 1 (Alpha) isoform 4 OS=Homo sapiens GN=TPM1 PE=3 SV=1	44	91	3	32,9	4,78	0,529
Q6IB11	PGRMC1 protein OS=Homo sapiens GN=PGRMC1 PE=2 SV=1	27	10	3	21,7	4,7	0,529
A0A023T787	RNA-binding protein 8A OS=Homo sapiens GN=RBM8 PE=2 SV=1	6	3	1	19,9	5,72	0,529
Q6IBN6	CBX1 protein OS=Homo sapiens GN=CBX1 PE=2 SV=1	6	2	1	21,4	4,93	0,526
Q53HJ8	PKCI-1-related HIT protein	22	3	2	17,2	9,48	0,52

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
	variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1						
I3L504	Eukaryotic translation initiation factor 5A-1 OS=Homo sapiens GN=EIF5A PE=1 SV=1	28	21	4	20,5	5,25	0,512
Q5SSJ5	Heterochromatin protein 1-binding protein 3 OS=Homo sapiens GN=HP1BP3 PE=1 SV=1	7	8	3	61,2	9,67	0,511
B7Z809	cDNA FLJ56016, highly similar to C-1-tetrahydrofolate synthase, cytoplasmic OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	3	5	3	110,4	8,56	0,509
A0A024RA75	3-hydroxyisobutyrate dehydrogenase OS=Homo sapiens GN=HIBADH PE=3 SV=1	9	6	2	35,3	8,13	0,508
Q9Y2X3	Nucleolar protein 58 OS=Homo sapiens GN=NOP58 PE=1 SV=1	3	1	1	59,5	8,92	0,507
P05546	Heparin cofactor 2 OS=Homo sapiens GN=SERPIND1 PE=1 SV=3	10	16	6	57	6,9	0,506
V9HWC9	Superoxide dismutase [Cu-Zn] OS=Homo sapiens GN=HEL-S-44 PE=2 SV=1	17	6	2	15,9	6,13	0,503
P07360	Complement component C8 gamma chain OS=Homo sapiens GN=C8G PE=1 SV=3	15	3	2	22,3	8,31	0,5
P13647	Keratin, type II cytoskeletal 5 OS=Homo sapiens GN=KRT5 PE=1 SV=3	23	57	9	62,3	7,74	0,498
A0A0A0MSS8	Aldo-keto reductase family 1 member C3 OS=Homo sapiens GN=AKR1C3 PE=4 SV=1	15	4	3	36,8	7,94	0,494
D3GKD8	A-gamma globin Osilo variant OS=Homo sapiens GN=HBG1 PE=3 SV=1	58	110	6	16,2	7,2	0,491
E5RJR5	S-phase kinase-associated protein 1 OS=Homo sapiens GN=SKP1 PE=1 SV=1	15	5	2	18,7	4,7	0,488
A6XNE2	Complement factor D preproprotein OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	13	4	2	27,8	7,25	0,487
P07225	Vitamin K-dependent protein S OS=Homo sapiens GN=PROS1 PE=1 SV=1	5	5	3	75,1	5,67	0,486
P02647	Apolipoprotein A-I OS=Homo sapiens GN=APOA1 PE=1 SV=1	69	181	21	30,8	5,76	0,486
P49773	Histidine triad nucleotide-binding protein 1 OS=Homo	17	4	2	13,8	6,95	0,485

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
	sapiens GN=HINT1 PE=1 SV=2						
P58546	Myotrophin OS=Homo sapiens GN=MTPN PE=1 SV=2	14	3	1	12,9	5,52	0,484
Q05DB4	HEBP2 protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=HEBP2 PE=2 SV=1	12	5	2	24	5,38	0,484
Q14247	Src substrate cortactin OS=Homo sapiens GN=CTTN PE=1 SV=2	2	2	1	61,5	5,4	0,482
B2RAH5	Protein phosphatase 1 regulatory subunit 12 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	2	4	2	115,3	5,43	0,481
V9HWC7	Epididymis secretory sperm binding protein Li 128m OS=Homo sapiens GN=HEL-S-128m PE=2 SV=1	35	34	8	25	6,38	0,481
B2RDW0	cDNA, FLJ96792, highly similar to Homo sapiens calmodulin 2 (phosphorylase kinase, delta) (CALM2), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	55	74	7	16,8	4,22	0,475
A0A024R944	Serpin peptidase inhibitor, clade C (Antithrombin), member 1, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=SERPINC1 PE=3 SV=1	34	37	11	52,6	6,71	0,475
P46108	Adapter molecule crk OS=Homo sapiens GN=CRK PE=1 SV=2	4	1	1	33,8	5,55	0,475
P22087	rRNA 2'-O-methyltransferase fibrillarin OS=Homo sapiens GN=FBL PE=1 SV=2	13	6	3	33,8	10,18	0,474
P00325	Alcohol dehydrogenase 1B OS=Homo sapiens GN=ADH1B PE=1 SV=2	32	34	8	39,8	8,29	0,472
P35908	Keratin, type II cytoskeletal 2 epidermal OS=Homo sapiens GN=KRT2 PE=1 SV=2	17	44	5	65,4	8	0,472
G9K388	YWHAE/FAM22A fusion protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=YWHAE/FAM22A fusion PE=2 SV=1	23	57	6	41,2	4,97	0,471
B2R9V7	Superoxide dismutase [Cu-Zn] OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	20	25	4	25,9	6,79	0,47
V9HW25	Epididymis secretory protein Li 273 OS=Homo sapiens GN=HEL-S-273 PE=2 SV=1	44	93	3	33	4,67	0,469
P00915	Carbonic anhydrase 1 OS=Homo sapiens GN=CA1 PE=1 SV=2	56	86	10	28,9	7,12	0,466
P02763	Alpha-1-acid glycoprotein 1 OS=Homo sapiens GN=ORM1 PE=1 SV=1	28	77	4	23,5	5,02	0,465

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
P00918	Carbonic anhydrase 2 OS=Homo sapiens GN=CA2 PE=1 SV=2	31	19	6	29,2	7,4	0,465
W8QEH3	Lamin A/C OS=Homo sapiens GN=LMNA PE=3 SV=1	63	262	1	65,1	6,84	0,464
Q5U0D2	Transgelin OS=Homo sapiens GN=TAGLN PE=2 SV=1	53	67	11	22,6	8,84	0,462
P02768	Serum albumin OS=Homo sapiens GN=ALB PE=1 SV=2	30	764	24	69,3	6,28	0,46
P19012	Keratin, type I cytoskeletal 15 OS=Homo sapiens GN=KRT15 PE=1 SV=3	18	40	3	49,2	4,77	0,46
E7EVA0	Microtubule-associated protein OS=Homo sapiens GN=MAP4 PE=1 SV=1	1	5	2	245,3	6,23	0,45
Q53FE8	cDNA FLJ36526 fis, clone TRACH2003347, highly similar to NSFL1 cofactor p47 (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	11	5	3	40,5	5,14	0,449
P61604	10 kDa heat shock protein, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=HSPE1 PE=1 SV=2	52	30	5	10,9	8,92	0,448
P02511	Alpha-crystallin B chain OS=Homo sapiens GN=CRYAB PE=1 SV=2	27	17	5	20,1	7,33	0,445
B2R5H5	cDNA, FLJ92476, highly similar to Homo sapiens LSM3 homolog, U6 small nuclear RNA associated (S. cerevisiae) (LSM3), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	12	2	1	11,8	4,7	0,445
O00159	Unconventional myosin-Ic OS=Homo sapiens GN=MYO1C PE=1 SV=4	15	34	1	121,6	9,41	0,439
Q9H8L6	Multimerin-2 OS=Homo sapiens GN=MMRN2 PE=1 SV=2	2	5	2	104,3	5,86	0,439
A0A075B749	Myomegalin OS=Homo sapiens GN=PDE4DIP PE=1 SV=2	1	1	1	280,3	5,55	0,437
A0A024R2Q7	C-type lectin domain family 3, member B, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=CLEC3B PE=4 SV=1	24	11	4	22,5	5,67	0,437
B3KS79	cDNA FLJ35730 fis, clone TESTI2003131, highly similar to ALPHA-1-ANTICHYMOTRYPSIN OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	31	70	12	50,6	5,63	0,436
H6VRG1	Keratin 1 OS=Homo sapiens GN=KRT1 PE=3 SV=1	28	77	13	66,1	8,12	0,435
Q09666	Neuroblast differentiation-associated protein AHNAK	37	299	89	628,7	6,15	0,433

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
	OS=Homo sapiens GN=AHNAK PE=1 SV=2						
A0A024 R138	Glycerol-3-phosphate dehydrogenase [NAD(+)] OS=Homo sapiens GN=GPD1 PE=3 SV=1	5	6	2	37,5	6,18	0,429
P35221	Catenin alpha-1 OS=Homo sapiens GN=CTNNA1 PE=1 SV=1	6	8	3	100	6,29	0,428
V9HW12	Epididymis secretory sperm binding protein Li 2a OS=Homo sapiens GN=HEL-S-2a PE=2 SV=1	37	83	7	21,9	5,97	0,427
Q4TZM 4	Hemoglobin beta chain (Fragment) OS=Homo sapiens GN=HBB PE=3 SV=1	76	435	5	11	6,52	0,425
P06703	Protein S100-A6 OS=Homo sapiens GN=S100A6 PE=1 SV=1	48	17	5	10,2	5,48	0,424
E7EPZ9	Tenascin-X OS=Homo sapiens GN=TNXB PE=4 SV=1	17	82	36	458,1	5,17	0,423
P12270	Nucleoprotein TPR OS=Homo sapiens GN=TPR PE=1 SV=3	1	6	2	267,1	5,02	0,422
Q59EP2	Angiotensinogen variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	15	17	5	53,7	6,42	0,42
Q53FI7	Four and a half LIM domains 1 variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	11	14	3	31,9	8,22	0,419
A0A024 RDF6	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein D-like, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=HNRPDL PE=4 SV=1	4	5	1	46,4	9,57	0,417
Q16610	Extracellular matrix protein 1 OS=Homo sapiens GN=ECM1 PE=1 SV=2	2	2	1	60,6	6,71	0,41
A6XGL1	Transthyretin OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	55	42	7	20,2	5,24	0,41
B4DS05	cDNA FLJ59403, highly similar to Nucleosome assembly protein 1-like 4 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	5	9	1	44,1	4,7	0,41
B7ZKJ8	ITIH4 protein OS=Homo sapiens GN=ITIH4 PE=2 SV=1	16	20	8	103,8	6,89	0,407
P39687	Acidic leucine-rich nuclear phosphoprotein 32 family member A OS=Homo sapiens GN=ANP32A PE=1 SV=1	4	3	1	28,6	4,09	0,406
Q9BUM 6	COL6A2 protein OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	34	112	1	47,4	5,45	0,406

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
Q13813	Spectrin alpha chain, non-erythrocytic 1 OS=Homo sapiens GN=SPTAN1 PE=1 SV=3	34	204	66	284,4	5,35	0,405
P02790	Hemopexin OS=Homo sapiens GN=HPX PE=1 SV=2	21	62	7	51,6	7,02	0,403
P10909	Clusterin OS=Homo sapiens GN=CLU PE=1 SV=1	18	24	7	52,5	6,27	0,397
B7Z8Q2	cDNA FLJ55606, highly similar to Alpha-2-HS-glycoprotein OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	9	16	3	46,6	6,28	0,388
P02533	Keratin, type I cytoskeletal 14 OS=Homo sapiens GN=KRT14 PE=1 SV=4	26	50	4	51,5	5,16	0,383
D3YTG3	Target of Nesh-SH3 OS=Homo sapiens GN=ABI3BP PE=4 SV=1	1	8	2	195,2	9,73	0,379
B2RA03	cDNA, FLJ94640, highly similar to Homo sapiens keratin 18 (KRT18), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	43	44	12	48	5,38	0,374
Q59EH3	Acid phosphatase 1 isoform c variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	5	3	1	18,7	7,88	0,374
J3QQ67	60S ribosomal protein L18 (Fragment) OS=Homo sapiens GN=RPL18 PE=1 SV=1	7	1	1	21,8	11,72	0,373
P01591	Immunoglobulin J chain OS=Homo sapiens GN=IGJ PE=1 SV=4	17	16	3	18,1	5,24	0,373
O15061	Synemin OS=Homo sapiens GN=SYNM PE=1 SV=2	1	4	2	172,7	5,16	0,366
P05787	Keratin, type II cytoskeletal 8 OS=Homo sapiens GN=KRT8 PE=1 SV=7	42	88	14	53,7	5,59	0,364
P09382	Galectin-1 OS=Homo sapiens GN=LGALS1 PE=1 SV=2	31	42	4	14,7	5,5	0,363
P49407	Beta-arrestin-1 OS=Homo sapiens GN=ARRB1 PE=1 SV=2	6	2	1	47	6,2	0,363
Q96FQ6	Protein S100-A16 OS=Homo sapiens GN=S100A16 PE=1 SV=1	18	2	1	11,8	6,79	0,362
D3DVC4	Nestin, isoform CRA_c OS=Homo sapiens GN=NES PE=3 SV=1	2	3	2	177,3	4,36	0,36
C9JKG1	Biglycan (Fragment) OS=Homo sapiens GN=BGN PE=4 SV=1	20	19	1	26,7	6,79	0,358
D3DQX7	Serum amyloid A protein OS=Homo sapiens GN=SAA1 PE=3 SV=1	41	13	4	13,6	6,79	0,353
P08727	Keratin, type I cytoskeletal 19	55	106	13	44,1	5,14	0,34

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
	OS=Homo sapiens GN=KRT19 PE=1 SV=4						
Q9Y4G6	Talin-2 OS=Homo sapiens GN=TLN2 PE=1 SV=4	2	13	1	271,4	5,57	0,339
Q6P528	ASPEN protein OS=Homo sapiens GN=ASPEN PE=2 SV=1	31	39	11	43,9	6,48	0,338
B2R642	cDNA, FLJ92775, highly similar to Homo sapiens melanoma cell adhesion molecule (MCAM), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	7	9	3	71,6	5,76	0,336
Q5T9B7	Adenylate kinase isoenzyme 1 OS=Homo sapiens GN=AK1 PE=1 SV=1	11	4	2	23,4	8,6	0,335
B4DX19	cDNA FLJ57644, highly similar to Serum paraoxonase/arylesterase 1 (EC 3.1.1.2) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	10	3	2	39,7	4,88	0,333
Q53Z07	NPC-A-16 OS=Homo sapiens GN=RPL9 PE=2 SV=1	19	6	2	21,9	9,95	0,325
A5Z217	Mutant desmin OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	24	84	6	53,6	5,27	0,32
A0A024 R5W6	Tropomyosin 1 (Alpha), isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=TPM1 PE=3 SV=1	39	85	6	32,7	4,74	0,319
A0A024 QYX3	RNA binding motif (RNP1, RRM) protein 3, isoform CRA_c OS=Homo sapiens GN=RBM3 PE=4 SV=1	20	3	1	17,2	8,91	0,316
B2R8I2	cDNA, FLJ93914, highly similar to Homo sapiens histidine-rich glycoprotein (HRG), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	22	31	8	59,5	7,44	0,315
A6NMZ 7	Collagen alpha-6(VI) chain OS=Homo sapiens GN=COL6A6 PE=1 SV=2	11	33	17	247	6,89	0,311
A0A024 RAD8	Aldehyde dehydrogenase 4 family, member A1, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=ALDH4A1 PE=3 SV=1	3	2	1	61,7	8,07	0,309
P54725	UV excision repair protein RAD23 homolog A OS=Homo sapiens GN=RAD23A PE=1 SV=1	11	8	2	39,6	4,58	0,309
B0YIW2	Apolipoprotein C-III OS=Homo sapiens GN=APOC3 PE=4 SV=1	23	8	2	12,8	8,18	0,307
A8KAG5	cDNA FLJ75215, highly similar to CD34=glycoprotein expressed in lymphohematopoietic progenitor cells OS=Homo	5	2	1	40,7	7,42	0,306

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
	sapiens PE=2 SV=1						
O60888	Protein CutA OS=Homo sapiens GN=CUTA PE=1 SV=2	15	3	1	19,1	5,5	0,305
B7Z9B1	cDNA FLJ52398, highly similar to Cadherin-13 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	2	4	1	83,4	5,12	0,301
Q59FP5	Spectrin, beta, erythrocytic (Includes spherocytosis, clinical type I) variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	17	81	29	268,1	5,36	0,298
P08729	Keratin, type II cytoskeletal 7 OS=Homo sapiens GN=KRT7 PE=1 SV=5	34	89	14	51,4	5,48	0,296
P55036	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 4 OS=Homo sapiens GN=PSMD4 PE=1 SV=1	7	1	1	40,7	4,79	0,29
P52943	Cysteine-rich protein 2 OS=Homo sapiens GN=CRIP2 PE=1 SV=1	15	2	1	22,5	8,72	0,286
B0AZL7	cDNA, FLJ79457, highly similar to Insulin-like growth factor-binding proteincomplex acid labile chain OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	4	2	1	66	6,79	0,28
Q6NZI2	Polymerase I and transcript release factor OS=Homo sapiens GN=PTRF PE=1 SV=1	24	41	6	43,5	5,6	0,274
A4D1B1	CD36 antigen (Collagen type I receptor, thrombospondin receptor) OS=Homo sapiens GN=CD36 PE=2 SV=1	17	30	7	53	7,96	0,272
O60240	Perilipin-1 OS=Homo sapiens GN=PLIN1 PE=1 SV=2	30	47	12	56	6,42	0,269
P25311	Zinc-alpha-2-glycoprotein OS=Homo sapiens GN=AZGP1 PE=1 SV=2	32	39	8	34,2	6,05	0,261
P01833	Polymeric immunoglobulin receptor OS=Homo sapiens GN=PIGR PE=1 SV=4	4	4	2	83,2	5,74	0,257
H7BYY1	Tropomyosin 1 (Alpha), isoform CRA_m OS=Homo sapiens GN=TPM1 PE=3 SV=1	45	74	3	28,7	4,82	0,257
A0A024R6I7	Serin peptidase inhibitor, clade A (Alpha-1 antiproteinase, antitrypsin), member 1, isoform CRA_a OS=Homo sapiens GN=SERPINA1 PE=3 SV=1	53	187	1	46,7	5,59	0,256
K7ENT6	Tropomyosin alpha-4 chain (Fragment) OS=Homo sapiens GN=TPM4 PE=1 SV=1	31	54	1	20,6	4,61	0,253

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
E9PIE3	Protein kinase C delta-binding protein OS=Homo sapiens GN=PRKCDBP PE=1 SV=1	4	2	1	31,1	6,81	0,252
Q16643	Drebrin OS=Homo sapiens GN=DBN1 PE=1 SV=4	2	3	1	71,4	4,45	0,245
A0A087WZE4	Spectrin alpha chain, erythrocytic 1 OS=Homo sapiens GN=SPTA1 PE=1 SV=1	24	98	43	280,9	5,06	0,238
B4DI63	cDNA FLJ59205, highly similar to Mimecan OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	28	122	10	40,5	7,99	0,228
Q53FP8	Calponin (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	7	4	2	33,2	9,07	0,225
P31947	14-3-3 protein sigma OS=Homo sapiens GN=SFN PE=1 SV=1	15	22	1	27,8	4,74	0,222
P16157	Ankyrin-1 OS=Homo sapiens GN=ANK1 PE=1 SV=3	10	28	12	206,1	6,01	0,221
Q04695	Keratin, type I cytoskeletal 17 OS=Homo sapiens GN=KRT17 PE=1 SV=2	28	49	6	48,1	5,02	0,22
P19652	Alpha-1-acid glycoprotein 2 OS=Homo sapiens GN=ORM2 PE=1 SV=2	25	37	3	23,6	5,11	0,217
B4DNC2	cDNA FLJ51906, highly similar to Heat-shock protein beta-6 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	30	20	4	21,1	6,52	0,216
K7ER74	Protein APOC4-APOC2 OS=Homo sapiens GN=APOC4-APOC2 PE=4 SV=1	28	12	4	20	6,64	0,216
Q15746	Myosin light chain kinase, smooth muscle OS=Homo sapiens GN=MYLK PE=1 SV=4	1	4	2	210,6	6,15	0,216
A8K651	cDNA FLJ75700, highly similar to Homo sapiens complement component 1, q subcomponent binding protein (C1QBP), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	10	5	2	31,4	4,84	0,202
P35527	Keratin, type I cytoskeletal 9 OS=Homo sapiens GN=KRT9 PE=1 SV=3	22	30	8	62	5,24	0,201
Q8N474	Secreted frizzled-related protein 1 OS=Homo sapiens GN=SFRP1 PE=1 SV=1	4	2	1	35,4	8,85	0,198
V9HW77	Epididymis luminal protein 211 OS=Homo sapiens GN=HEL-211 PE=2 SV=1	12	5	3	42,6	5,59	0,191
Q96Q06	Perilipin-4 OS=Homo sapiens GN=PLIN4 PE=2 SV=2	18	43	7	134,3	8,73	0,191
A8K3H0	cDNA FLJ75548, highly similar	5	3	1	19,6	5,94	0,187

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
	to Homo sapiens microfibrillar associated protein 5 (MFAP5), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1						
B5BUB5	Autoantigen La (Fragment) OS=Homo sapiens GN=SSB PE=2 SV=1	3	1	1	46,8	7,12	0,173
A8K2W3	cDNA FLJ78516 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	6	2	2	47,1	5,25	0,161
P02749	Beta-2-glycoprotein 1 OS=Homo sapiens GN=APOH PE=1 SV=3	6	14	3	38,3	7,97	0,16
B4DTX5	cDNA FLJ60072, highly similar to Homo sapiens sorbin and SH3 domain containing 1 (SORBS1), transcript variant 6, mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	7	5	3	83,9	7,15	0,155
P51636	Caveolin-2 OS=Homo sapiens GN=CAV2 PE=1 SV=2	7	3	1	18,3	5,27	0,147
A2RTX5	Probable threonine--tRNA ligase 2, cytoplasmic OS=Homo sapiens GN=TARSL2 PE=1 SV=1	2	1	1	92,6	6,05	0,146
P12273	Prolactin-inducible protein OS=Homo sapiens GN=PIP PE=1 SV=1	39	35	5	16,6	8,05	0,145
P02760	Protein AMBP OS=Homo sapiens GN=AMBP PE=1 SV=1	2	3	1	39	6,25	0,14
Q53H37	Calmodulin-like skin protein variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	8	2	1	15,9	4,44	0,14
Q5TBU5	HCG1773630 OS=Homo sapiens GN=hCG 1773630 PE=2 SV=1	59	6	2	7,9	5,31	0,132
P23297	Protein S100-A1 OS=Homo sapiens GN=S100A1 PE=1 SV=2	39	5	2	10,5	4,5	0,126
E7DVW4	Epididymis secretory protein Li 104 OS=Homo sapiens GN=FABP4 PE=2 SV=1	43	33	5	14,7	7,14	0,104
A0A087X079	Ig gamma-1 chain C region OS=Homo sapiens GN=IGHG1 PE=1 SV=1	29	402	1	51,9	8,07	0,094
P04271	Protein S100-B OS=Homo sapiens GN=S100B PE=1 SV=2	40	5	2	10,7	4,59	0,022
Q99584	Protein S100-A13 OS=Homo sapiens GN=S100A13 PE=1 SV=1	11	2	1	11,5	6,16	0,001
P84157	Matrix-remodeling-associated protein 7 OS=Homo sapiens GN=MXRA7 PE=1 SV=1	14	2	1	21,5	4,26	0,001
A0A024RBB7	Nucleosome assembly protein 1-like 1, isoform CRA a	7	8	1	45,3	4,46	0,001

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
	OS=Homo sapiens GN=NAP1L1 PE=3 SV=1						
P55259	Pancreatic secretory granule membrane major glycoprotein GP2 OS=Homo sapiens GN=GP2 PE=2 SV=3	2	2	1	59,4	5,24	0,001
Q9BW30	Tubulin polymerization-promoting protein family member 3 OS=Homo sapiens GN=TPPP3 PE=1 SV=1	7	1	1	19	9,13	0,001
O00151	PDZ and LIM domain protein 1 OS=Homo sapiens GN=PDLIM1 PE=1 SV=4	3	3	1	36	7,02	0,001
B8Q183	Glycophorin A OS=Homo sapiens GN=GYPA PE=2 SV=1	45	6	3	16,3	5,74	0,001
P08138	Tumor necrosis factor receptor superfamily member 16 OS=Homo sapiens GN=NGFR PE=1 SV=1	5	1	1	45,2	4,7	0,001
P11171	Protein 4.1 OS=Homo sapiens GN=EPB41 PE=1 SV=4	4	2	2	97	5,58	0,001
S6BGD6	IgG L chain OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	30	113	1	24,8	7,24	0,001
A8E631	KIAA1881 protein (Fragment) OS=Homo sapiens GN=KIAA1881 PE=2 SV=1	26	29	1	64,7	6,21	0,001
P46109	Crk-like protein OS=Homo sapiens GN=CRKL PE=1 SV=1	5	1	1	33,8	6,74	0,001
Q59EU3	Dematin variant (Fragment) OS=Homo sapiens PE=4 SV=1	2	1	1	56,8	9,74	0,001
A0A024 R8N2	Integrin beta OS=Homo sapiens GN=ITGB4 PE=3 SV=1	1	2	1	207,7	6,29	0,001
P15924	Desmoplakin OS=Homo sapiens GN=DSP PE=1 SV=3	1	1	1	331,6	6,81	0,001
Q13753	Laminin subunit gamma-2 OS=Homo sapiens GN=LAMC2 PE=1 SV=2	1	2	1	130,9	6,19	0,001
P43652	Afamin OS=Homo sapiens GN=AFM PE=1 SV=1	3	2	2	69	5,9	0,001
B7Z4C3	cDNA FLJ50805, highly similar to Erythrocyte membrane protein band 4.2 OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	2	1	1	77	8,19	0,001
B2R7W4	cDNA, FLJ93632, highly similar to Homo sapiens heterogeneous nuclear ribonucleoprotein R (HNRPR), mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	5	13	1	70,9	7,74	0,001
P0C0L4	Complement C4-A OS=Homo sapiens GN=C4A PE=1 SV=2	26	126	1	192,7	7,08	0,001
Q86SX6	Glutaredoxin-related protein 5,	9	2	1	16,6	6,79	0,001

Erişim ID	Protein Açıklaması	Kapsama [%]	# PSM	# Eşsiz Peptit	MW [kDa]	Hesaplanan pI	Abundans Oranı: (GLM) / (Control)
	mitochondrial OS=Homo sapiens GN=GLRX5 PE=1 SV=2						
A8K9M5	cDNA FLJ77947, highly similar to Human complement protein C8 beta subunit mRNA OS=Homo sapiens PE=2 SV=1	2	1	1	67	8,18	0,001
P05198	Eukaryotic translation initiation factor 2 subunit 1 OS=Homo sapiens GN=EIF2S1 PE=1 SV=3	3	1	1	36,1	5,08	0,001
P08514	Integrin alpha-IIb OS=Homo sapiens GN=ITGA2B PE=1 SV=3	1	2	1	113,3	5,38	0,001
O00339	Matrilin-2 OS=Homo sapiens GN=MATN2 PE=1 SV=4	1	2	1	106,8	6,27	0,001
P46939	Utrophin OS=Homo sapiens GN=UTRN PE=1 SV=2	0	3	1	394,2	5,33	0,001
Q86YZ3	Hornerin OS=Homo sapiens GN=HRNR PE=1 SV=2	2	3	1	282,2	10,04	0,001
A0A024 R687	Pleckstrin homology domain containing, family C (With FERM domain) member 1, isoform CRA_b OS=Homo sapiens GN=PLEKHC1 PE=4 SV=1	1	1	1	77,8	6,7	0,001
F8WAL6	Abl interactor 2 OS=Homo sapiens GN=ABI2 PE=4 SV=2	2	1	1	55,6	6,02	0,001
Q5VW26	Nuclear factor 1 OS=Homo sapiens GN=NFIB PE=3 SV=1	2	1	1	63,4	8,66	0,001

Ek-3: LC-MS/MS analizi ile tanımlanan proteinlerin tam listesi

Ek-4:LC-MS/MS sonuçlarının STRING analiz sonuçları

Biyolojik Süreç (Gene Ontology)				
<i>GO-terim</i>	<i>Açıklama</i>	<i>Ağıdaki sayı</i>	<i>Güç</i>	<i>Hata Keşif Oranı</i>
GO:0002376	Bağışıklık sistemi süreçleri	26 of 2481	0,61	3,64E-07
GO:0002252	Bağışıklık efektör süreçleri	17 of 969	0,84	9,58E-07
GO:0045321	lökosit aktivasyonu	16 of 929	0,83	3,34E-06
GO:0065008	Biyolojik kalitenin düzenlenmesi	30 of 4042	0,46	5,36E-06
GO:0002274	Miyeloid lökosit aktivasyonu	13 of 585	0,94	5,59E-06
GO:0043312	nötrofil degranülasyonu	12 of 484	0,99	6,50E-06
GO:0006887	ekzositoz	14 of 789	0,84	6,76E-06
GO:0032868	insüline yanıt	9 of 231	1,18	6,88E-06
GO:0006810	Ulaşım	30 of 4353	0,43	7,86E-06
GO:0010033	Organik maddeye tepki	25 of 3011	0,51	8,52E-06
GO:0032869	İnsülin uyarısına hücreyel yanıt	8 of 169	1,27	9,86E-06
GO:0045055	Düzenlenmiş ekzositoz	13 of 697	0,86	1,09E-05
GO:1901652	Peptide yanıt	11 of 476	0,96	1,80E-05
GO:0050776	Bağışıklık tepkisinin düzenlenmesi	14 of 896	0,79	2,13E-05
GO:0016192	Vezikül aracılı taşıma	19 of 1805	0,61	2,22E-05
GO:0043434	Peptid hormonuna yanıt	10 of 394	1	2,88E-05
GO:0046903	salgı	15 of 1097	0,73	2,89E-05
GO:0071310	Organik maddeye hücreyel tepki	21 of 2369	0,54	4,82E-05
GO:0050793	Gelişim sürecinin düzenlenmesi	22 of 2648	0,51	6,14E-05
GO:0009725	hormona tepki	13 of 849	0,78	6,35E-05
GO:1901653	Peptide hücreyel tepki	9 of 331	1,03	6,43E-05
GO:0070887	Kimyasal uyarana hücreyel tepki	23 of 2919	0,49	6,54E-05
GO:0006955	bağışıklık tepkisi	17 of 1588	0,62	7,62E-05
GO:0042221	Kimyasala tepki	28 of 4333	0,4	7,62E-05
GO:0071417	Organonitrojen bileşiğine hücreyel yanıt	11 of 590	0,86	8,47E-05
GO:1901701	Oksijen içeren bileşiğe hücreyel tepki	14 of 1055	0,72	8,92E-05
Hücreyel Komponent (Gene Ontology)				
GO:0070062	hücre dışı eksozom	32 of 2099	0,78	4,90E-16
GO:0005615	hücre dışı boşluk	35 of 3195	0,63	2,34E-14
GO:0031982	vezikül	36 of 3879	0,56	8,93E-13
GO:0005576	hücre dışı bölge	36 of 4166	0,53	7,49E-12
GO:0043227	Zarla çevrili organel	49 of 12427	0,19	1,04E-06
GO:0099503	Salgı bezleri	15 of 1010	0,76	4,55E-06
GO:0031410	sitoplazmik vezikül	22 of 2386	0,56	4,55E-06
GO:0012505	endomembran sistemi	30 of 4542	0,41	4,55E-06

Ek-5: LC-MS/MS sonuçlarının DAVID analiz sonuçları

KANSER İLİŞKİLİ PROTEİNLER	
Accession Number	Gene Adı
Q9BY50	SEC11 homolog C, sinyal peptidaz kompleksi alt birimi(SEC11C)
A0A0A0MSV9	TAP bağlayıcı protein (TAPBP)
P09917	araşidonat 5-lipoksijenaz(ALOX5)
P17213	bakterisidal geçirgenliği artıran protein (BPI)
P36222	kitinaz 3 benzeri 1(CHI3L1)
P04839	sitokrom b-245 beta zinciri (CYBB)
P02792	ferritin hafif zincir (FTL)
D7NNS0, Q2PP85	majör doku uygunluk kompleksi, sınıf I, A(HLA-A)
G9I2K8, E9BVF4	majör doku uygunluk kompleksi, sınıf I, B(HLA-B)
Q30030	majör doku uyumluluk kompleksi, sınıf II, DP beta 1(HLA-DPB1)
D5H3J4	majör doku uyumluluk kompleksi, sınıf II, DQ alfa 1(HLA-DQA1)
F8RHL1, A0A090KQC4	majör doku uyumluluk kompleksi, sınıf II, DR beta 1(HLA-DRB1)
H9STE0	mitokondriyal olarak kodlanmış sitokrom c oksidaz II(MT-CO2)
A0A024R0Q4	fosfolipaz D ailesi üyesi 3(PLD3)
P78527	protein kinaz, DNA ile aktive olan, katalitik alt birim(PRKDC)
P42224	sinyal dönüştürücü ve transkripsiyon aktivatörü 1(STAT1)
P04179	süperoksit dismutaz 2(SOD2)
A8K6Q8	transferrin reseptörü (TFRC)
P30536	translokator proteini (TSPO)
Q03518	taşıyıcı 1, ATP bağlayıcı kaset alt ailesi B üyesi (TAP1)
BAĞIŞIKLIK İLİŞKİLİ PROTEİNLER	
Accession Number	Gene Adı
P04271	S100 kalsiyum bağlayıcı protein B(S100B)
A0A0A0MSV9	TAP bağlayıcı protein (TAPBP)
P09917	araşidonat 5-lipoksijenaz(ALOX5)
P17213	bakterisidal geçirgenliği artıran protein (BPI)
P36222	kitinaz 3 benzeri 1(CHI3L1)
P04839	sitokrom b-245 beta zinciri (CYBB)
B8Q183	glikoforin A (MNS kan grubu)(GYPA)
P20701	integrin alt birimi alfa L(ITGAL)
D7NNS0, Q2PP85	majör doku uygunluk kompleksi, sınıf I, A(HLA-A)
G9I2K8, E9BVF4	majör doku uygunluk kompleksi, sınıf I, B(HLA-B)
Q30030	majör doku uyumluluk kompleksi, sınıf II, DP beta 1(HLA-DPB1)
D5H3J4	majör doku uyumluluk kompleksi, sınıf II, DQ alfa 1(HLA-DQA1)
F8RHL1, A0A090KQC4	majör doku uyumluluk kompleksi, sınıf II, DR beta 1(HLA-DRB1)
H9STE0	mitokondriyal olarak kodlanmış sitokrom c oksidaz II(MT-CO2)
P78527	protein kinaz, DNA ile aktive olan, katalitik alt birim(PRKDC)
P42224	sinyal dönüştürücü ve transkripsiyon aktivatörü 1(STAT1)
P04179	süperoksit dismutaz 2(SOD2)
A8K6Q8	transferrin reseptörü (TFRC)
Q03518	taşıyıcı 1, ATP bağlayıcı kaset alt ailesi B üyesi (TAP1)