

# タンパク質同定結果について

株式会社 島津テクノリサーチ

# タンパク質情報

⑨	①	②	③	④	⑤	⑥	⑦	⑧
	Accession	Description	Score Mascot	Coverage [%]	# Peptides	# AAs	MW [kDa]	calc. pl
+	2 P02769	Albumin OS=Bos taurus OX=9913 GN=ALB PE=1 SV=4	8495	59	37	607	69.2	6.18
+	41 P14639	Albumin OS=Ovis aries OX=9940 GN=ALB PE=1 SV=1	2483	22	14	607	69.1	6.15
+	57 P02768	Albumin OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ALB PE=1 SV=2	1745	9	7	609	69.3	6.28
+	66 Q5XLE4	Albumin OS=Equus asinus OX=9793 GN=ALB PE=1 SV=1	709	7	6	607	68.5	6.28
+	74 Q95NE0	Ecto-ADP-ribosyltransferase 4 OS=Pan troglodytes OX=9598 GN=ART4 PE=3 SV=1	132	2	1	314	35.8	9.22
+	78 P12303	Transthyretin OS=Ovis aries OX=9940 GN=TTR PE=2 SV=1	67	16	2	147	15.8	5.86
+	82 P00760	Cationic trypsin OS=Bos taurus OX=9913 PE=1 SV=3	58	4	1	246	25.8	8.07
+	85 Q61543	Golgi apparatus protein 1 OS=Mus musculus OX=10090 GN=Glg1 PE=1 SV=1	34	1	1	1175	133.6	6.84
+	88 Q9TTE1	Serpin A3-1 OS=Bos taurus OX=9913 GN=SERPINA3-1 PE=1 SV=3	25	4	2	411	46.2	5.99

① Accession : データベース上のタンパク質登録番号、アクセッション番号

② Description : Accessionに対応するタンパク質情報  
[“タンパク質名” OS=“生物種” OX=“生物種ID” GN=“遺伝子名” PE=“タンパク質の存在を裏付ける証拠(※1)” SV=“配列情報のバージョン”]  
※1 タンパク質の存在を裏付ける証拠は下記の通り区分されている。

- 1. Experimental evidence at protein level
- 2. Experimental evidence at transcript level
- 3. Protein inferred from homology
- 4. Protein predicted
- 5. Protein uncertain

③ Score Mascot : Mascotにより算出されたタンパク質スコア

④ Coverage [%] : タンパク質全長に対する配列カバー率 (%)

⑤ # Peptides : 同定されたペプチドの数

⑥ # AAs : 同定タンパク質のアミノ酸残基数(データベース登録情報)

⑦ MW [kDa] : タンパク質の分子量(理論値)

⑧ calc.pI : タンパク質の等電点(理論値)

⑨ : クリックすると各タンパク質において同定されたペプチド情報が開きます。

# ペプチド情報

1	Accession	Description	①	Score Mascot	②	Co	③	I	# P	④	#	⑤	MW	⑥	calc	⑦		⑧
2	P02769	Albumin OS=Bos taurus	①	SN=ALB PE=1 SV=4	②	8495	③	59	④	37	⑤	7	⑥	69.2	⑦	6.18		⑧
3	Sequence		①	Modifications	②	Ions Score	③	m/z [Da]	④	Charge	⑤	Theo. MH+ [Da]	⑥	DeltaM [ppm]	⑦	# Missed Cleavages		
4	AEFVEVTK		①		②	43	③	922.4881	④	1	⑤	922.48802	⑥	0.08	⑦	0		
5	ATEEQLK		①		②	24	③	409.71664	④	2	⑤	818.42542	⑥	0.72	⑦	0		
6	CCAADDKEACFAVEGPK		①	3xCarboxymethyl [C1; C2; C10]	②	85	③	644.25543	④	3	⑤	1930.75034	⑥	0.73	⑦	1		
7	CCTESLVRN		①	2xCarboxymethyl [C1; C2]	②	65	③	570.73688	④	2	⑤	1140.46598	⑥	0.43	⑦	0		
8	CCTKPESER		①	2xCarboxymethyl [C1; C2]	②	45	③	584.73444	④	2	⑤	1168.4609	⑥	0.6	⑦	0		
9	DAFLGSFLYEYSR		①		②	79	③	784.37494	④	2	⑤	1567.74273	⑥	-0.09	⑦	0		
10	DDPHACYSTVFDK		①	1xCarboxymethyl [C6]	②	57	③	519.2182	④	3	⑤	1555.63695	⑥	1.99	⑦	0		
11	DDSPDLPK		①		②	51	③	443.71143	④	2	⑤	886.41525	⑥	0.36	⑦	0		
12	DLGEEHFK		①		②	22	③	487.733	④	2	⑤	974.45779	⑥	0.96	⑦	0		
13	EACFAVEGPK		①	1xCarboxymethyl [C3]	②	65	③	554.75317	④	2	⑤	1108.49794	⑥	1.02	⑦	0		
14	ECCDKPILEK		①	2xCarboxymethyl [C2; C3]	②	34	③	647.28876	④	2	⑤	1293.57011	⑥	0.1	⑦	0		
15	ECCHGDLLECADDR		①	3xCarboxymethyl [C2; C3; C10]	②	37	③	584.87659	④	3	⑤	1752.61457	⑥	0.36	⑦	0		
16	ETYGDMDACCEK		①	2xCarboxymethyl [C9; C10]; 1xOxidation [M6]	②	62	③	748.74786	④	2	⑤	1496.48619	⑥	1.51	⑦	0		
17	EYEATLEECAK		①	2xCarboxymethyl [C9; C10]	②	55	③	752.79425	④	2	⑤	1504.5818	⑥	-0.38	⑦	0		
18	FKDLGEEHFK		①		②	44	③	417.21207	④	3	⑤	1249.62116	⑥	0.39	⑦	1		
19	GLVLIAFSQYLQQCPFDEHVK		①	1xCarboxymethyl [C14]	②	34	③	831.75385	④	3	⑤	2493.24826	⑥	-0.51	⑦	0		
20	KQTALVELLK		①		②	66	③	571.86108	④	2	⑤	1142.71434	⑥	0.49	⑦	1		
21	KVPQVSTPTLVEVSR		①		②	63	③	820.47211	④	2	⑤	1639.93775	⑥	-0.49	⑦	1		
22	LCVLHEK		①	1xCarboxymethyl [C2]	②	27	③	450.23608	④	2	⑤	899.46551	⑥	-0.69	⑦	0		
23	LGEYGFQNAILVR		①		②	71	③	740.40161	④	2	⑤	1479.79544	⑥	0.34	⑦	0		
24	LKECCDKPILLEK		①	2xCarboxymethyl [C4; C5]	②	82	③	512.25446	④	3	⑤	1534.74914	⑥	-0.21	⑦	1		
25	LKDPLNTLCDEFK		①	1xCarboxymethyl [C9]	②	55	③	789.37976	④	2	⑤	1577.75158	⑥	0.42	⑦	0		

- ① Sequence : 同定されたペプチドのアミノ酸配列
- ② Modifications : 同定されたペプチドに含まれる修飾の情報
- ③ Ion Score : Mascotにより算出されたペプチドスコア
- ④ m/z [Da] : プリカーサーイオンの m/z 値 [Da]
- ⑤ Charge : プリカーサーイオンの価数
- ⑥ Theo. MH+ [Da] : ペプチドのモノアイソトピック質量(プロトン付加イオン)
- ⑦ DeltaM [ppm] : ペプチドのモノアイソトピック質量の測定値と理論値の差
- ⑧ # Missed Cleavages : 不完全な酵素消化による切れ残りの数