

A

MQKLGLSGLR GLEGFRSLAG STSTAAKAPN PKPSSDIGGS TYGSFANLKI TAEKLVEQA
 SVKTDLEMTV YFSAFTIIYG NFTGWVYGN IFTVVIFHGA NVLVISWIK AKLQQAVNEN
 AKLKVKQTED SKLWQGLDSK VSSTKTLNQL LTETLQQLAS QTERAEEDKK FFEIILGKNS
 KAFEEFNCLL HDSSIKLECA EQMISGKQE MLRIKQEKEE MDQSYKEQLY ASDTTIREKN
 SLIKQLEDSI EQNKARLLYV DSRLECMEQE LKLKEDVCIC LKENLASTES EKNDLKLNE
 GYTLEVQKLS KDNKELNEL SGFTVKVTEL DKEHTSISSH VTQLISSFER YDGKVHEEKM
 LMIKSAKDF EHLNQYVNL ISENNALQTE IEELKSRIIE LQKTQEIWMV QHVEECQVAE
 DKIRLESEA EISASNISQL EKVASDLEGR VQKLLDSRS AENHKQELLQ KILKLESNDQ
 ELLGRVQSVL NEKSNDSLES QGEIAKRDDQ VETLENQVNL LCSIIDKEQ LHTCAVEREK
 NLEEQKLQVQ ASLAATESQL TEAKQYDIM LEGKKIELSK HLKELSLKND QAINEIRRY
 ELEKVEIINI EKEKAELIK EMENKCNEKI SENRQDSESS FEMVARIQD NEHKESTLRA
 YHKEELQRIQ SQAENELRER LSSLRKDHEI QMKSLTKKHE ENCQKLQDEL ELOKSKEEKQ
 RALLQLQWKV MGETQQVDQE VNSKKEYSVS SIKRRDPYIR KEHQLQLVSP ETKRKDVNLS
 GIIQSPITNM LRKVEKGTQD IPKHKRVTHH EYEVEANGR ITKRRKTKST VMFGEPNTQK
 SLHDTADKDP TKMKKVAVGS HPHPANIGEL FSEGSNLNPA EDPYAFG

Sequence	MH+	% Mass	AA	% AA
LGLSGLR	715.45	0.70	4–10	0.79
GLEGFRSLAGSTSTA	1652.86	1.62	11–27	1.92
LWQGLDSK	946.50	0.93	133–140	0.90
EQLYASDTTIR	1296.64	1.27	227–237	1.24
RLESEAIEISASNISQLEK	2004.02	1.97	425–442	2.03
LESNDQELLGR	1273.64	1.25	475–485	1.24
VQSVLNEK	916.51	0.90	486–493	0.90
KQYDIMLEGK	1224.63	1.20	565–574	1.13
QYDIMLEGK	1096.53	1.08	566–574	1.01
AYHKEELQR	1173.60	1.15	660–668	1.01
LQDELELQK	1115.59	1.09	706–714	1.01
ALLQLQWK	999.60	0.98	722–729	0.90
STVMFGEPNTQK	1338.64	1.31	829–840	1.35
Totals:	6803.51	6.68	58	6.54

B



C

