



PEDECIBA BIOLOGÍA

TESIS DE DOCTORADO

Área: *Biología*

Sub Área: Biología Celular y Molecular

Caracterización funcional *in vitro* e *in vivo* de la enzima tumor-asociada GalNAc-T13

MSc. María Florencia Festari

Director: Dr. Eduardo Osinaga

Co-director: Dr. Henrik Clausen

Laboratorios de ejecución:

- Laboratorio de Inmunología y Glicobiología Tumoral, Institut Pasteur de Montevideo.
- Copenhagen Center for Glycomics, University of Copenhagen

Tribunal:

Dr. Otto Pritsch
Dr. Fernando Ferreira
Dr. Fernando Irazoqui

Fecha de Defensa: 22 de diciembre de 2016

Para Guillermina, lo más hermoso que la vida me pudo dar.

AGRADECIMIENTOS

A Alvaro y Guillermina, por acompañarme y apoyarme siempre y por darme todo el amor que una persona puede necesitar y más.

A mis padres, por su cariño, por creer en mí y por enseñarme a no rendirme nunca.

A mi familia, por cuidarme y mimarme tanto.

A mi amigas, ¿qué haría yo sin Uds.?

A Eduardo, por todos estos años trabajando y aprendiendo juntos, por darme todas las herramientas y oportunidades que me permitieron ser la persona que soy hoy y por confiar en mí siempre.

A Henrik Clausen, por enseñarme tantas cosas (en tan poco tiempo), por darme la oportunidad de ser parte de su grupo de trabajo y por esas 3 pasantías que representaron, sin duda alguna, unos de los momentos más felices de mi vida.

A Thomas Gerken y Leslie Revoredo por la colaboración que permitió la realización de los ensayos de glicosilación con péptidos al azar.

A Felipe Trajtenberg, por el trabajo en conjunto con las variantes, por siempre estar dispuesto a dar una mano y por tu buena onda

A Nora Berois, Sergio Pantano, Patricia Solari, Teresa Freire, Carlos Robello, Yun Kong, Yoshiki Narimatsu, Sylvie Bay y Jean Benard por todos los grandes aportes que cada uno hizo para la concreción del artículo sobre las variantes de splicing.

A mis compañeros del Laboratorio de Glicobiología e Inmunología Tumoral (IPMont) y del Departamento de Inmunobiología (FMed) por compartir el “día a día” y mucho más...

A la gente del Centro de Glicómica de Copenhagen, por ayudarme, enseñarme y bancarme y sobre todo por hacerme sentir como en casa.

A Alejandro Buschiazzi y Cristina Arruti que fueron parte de la Comisión de Seguimiento de mi Doctorado.

A PEDECIBA, la ANII, CSIC y la CAP por la financiación de becas y de pasantías.

ÍNDICE

AGRADECIMIENTOS.....	3
ÍNDICE.....	5
RESUMEN.....	8
INTRODUCCIÓN.....	9
1. Glicosilación de proteínas.....	9
2. O-glicosilación de tipo mucina.....	15
3. GalNAc-Ts.....	18
3.1. Estructura de las GalNAc-Ts.....	19
3.2. Familia génica GALNT humana.....	24
3.3. Regulación de las GalNAc-Ts.....	27
3.4. Especificidad de sustrato de las GalNAc-Ts.....	32
4. Funciones de la O-glicosilación tipo mucina.....	36
5. Glicosilación y cáncer.....	42
5.1. Alteraciones de la glicosilación en el cáncer.....	42
5.2. O-glicosilación alterada en el cáncer.....	46
6. GalNAc-Ts y cáncer.....	52
6.1. Subfamilia Ic.....	53
6.2. Subfamilia Ia.....	54
OBJETIVOS.....	61

Objetivo general	61
Objetivos específicos	61
MATERIALES Y MÉTODOS	62
1. Clonado y expresión de la GalNAc-T13 y sus variantes de splicing recombinantes.....	62
2. Ensayos de glicosilación in vitro.....	64
3. Análisis por MALDI-TOF MS	65
4. Glicosilación de sustratos peptídicos cortos al azar y determinación de la especificidad de sustrato de las transferasas.....	66
5. Estudio de la especificidad del dominio lectina con sustratos glicopeptídicos al azar	66
6. Líneas celulares y tejidos	67
7. RT-PCR de la GalNAc-T13 y sus variantes de splicing	69
8. Generación de líneas celulares COSMC ^{-/-} utilizando la tecnología de las nucleasas con dedos de zinc (ZFN).....	70
9. Generación de SC GALNT13 ^{-/-} utilizando la tecnología de CRISPR/CAS9	71
10. Análisis de amplicones para detectar indels (IDAA)	72
11. Procesamiento de los clones y cromatografía de baja afinidad con lectina...	75
12. Estrategia glicoproteómica cuantitativa	76
13. Análisis de los datos.....	78
RESULTADOS.....	79
1. Expresión de la GalNAc-T13 y 3 de sus variantes de splicing (Δ Ex9, Δ 39bpEx9 y Ex10b) recombinantes en células de insecto y posterior purificación.....	79

2.	Análisis comparativo de las especificidades de sustrato de la GalNAc-T13 y la GalNAc-T1.....	82
3.	Análisis funcional de las variantes de splicing de la GalNAc-T13.....	98
4.	Detección de ARNm de las variantes de splicing de la GalNAc-T13 en líneas celulares y tumores de neuroblastoma.....	100
5.	Generación de líneas celulares COSMC ^{-/-} and COSMC ^{-/-} GALNT13 ^{-/-} utilizando la tecnología de las ZFN y de las Crispr/Cas9	102
6.	Identificación de los sustratos naturales de la GalNAc-T13 en las líneas celulares seleccionadas utilizando una estrategia glicoproteómica comparativa.	107
	DISCUSIÓN	113
	CONCLUSIONES.....	123
	PERSPECTIVAS.....	124
	REFERENCIAS	127
	ANEXO I (Tablas 1-3).....	162
	ANEXO II (Manuscrito Festari <i>et al. Glycobiology</i> , 2016).....	259

RESUMEN

Las polipeptidil GalNAc-transferasas (GalNAc-Ts) constituyen una familia de 20 glicosiltransferasas en humanos (que a su vez consta de 9 subfamilias) que inician la O-glicosilación de tipo mucina. Se cree que los O-glicoproteomas están regulados por las diferencias en las especificidades de sustrato y por los diferentes patrones de expresión que presentan las diferentes isoformas. En este trabajo se presenta un análisis *in vitro* exhaustivo de la especificidad de sustrato peptídica de la GalNAc-T13, mostrando que esencialmente se solapa con la isoforma ubicua GalNAc-T1 que pertenece a la misma subfamilia que la GalNAc-T13. También se caracterizaron parcialmente 9 variantes de *splicing* de la GalNAc-T13. Dos variantes con cambios en sus dominios lectina fueron caracterizadas por ensayos de glicosilación *in vitro* y se encontró que una (Δ 39pbEx9) es inactiva mientras que la otra (Ex10b) presenta una actividad esencialmente inalterada. Se analizaron por RT-PCR diferentes líneas celulares tumorales humanas, cerebro normal y un pequeño panel de tumores de neuroblastoma para demostrar que varias variantes de *splicing* (Ex10b, Δ Ex9, Δ Ex2-7 y Δ Ex6/8-39pbEx9) estaban altamente expresadas en las líneas celulares tumorales comparadas con el cerebro normal, aunque las implicancias funcionales de esto aún no se conocen. También se utilizó una estrategia glicoproteómica para investigar la contribución de la GalNAc-T13 en dos líneas celulares diferentes (A549 and HEK-293) y encontramos que esta enzima parece presentar pocos sustratos específicos no redundantes relevantes en estas líneas, con la excepción de un péptido derivado de DR6, una proteína relacionada con el desarrollo del sistema nervioso y un péptido derivado de la carboxipeptidasa-D, enzima relacionada con la malignidad en el cáncer de pulmón.

En suma, podemos predecir que la isoforma GalNAc-T13 funciona de forma similar a la GalNAc-T1 con sustratos peptídicos *in vitro*, contrario a lo que se ha reportado previamente, y que su contribución específica al O-glicoproteoma puede estar dada por su expresión selectiva en el cerebro.

INTRODUCCIÓN

1. Glicosilación de proteínas

De las más de 400 modificaciones post-traduccionales (MPTs) conocidas¹, la modificación de proteínas a través de la adición enzimática de cadenas de carbohidratos (glicanos), o glicosilación de proteínas, es una de las más abundantes y ciertamente la más diversa desde el punto de vista estructural. La glicosilación ocurre en una serie compleja y concertada de pasos que tienen lugar en el retículo endoplásmico (RE) o más predominantemente en el aparato de Golgi^{2,3}. A diferencia de otros biopolímeros, la síntesis de glicanos no es dirigida por un molde, no es codificada directamente en el genoma y como consecuencia no se conoce bien como es regulada su síntesis. De hecho, es controlada por muchos factores diferentes que difieren mucho entre distintos tipos celulares y especies⁴. La glicosilación de proteínas en el humano es un proceso complejo que involucra cientos de genes diferentes (glicogenes) y los glicogenomas humanos constan de más de 400 genes⁵. Se estima que los genes involucrados en la glicosilación ocupan al menos un 1% de los genomas de los mamíferos, lo que apoya la idea de que la amplia persistencia y diversidad de la glicosilación debe sustentar procesos de mayor importancia funcional y por tanto adaptativa⁶.

Este tipo de modificación de proteínas está presente en esencialmente todos los organismos vivos, desde las eubacterias a los eucariotas. En estos últimos, se encuentra distribuida desde los organismos unicelulares, como las levaduras y los tripanosomas, hasta los tejidos altamente diferenciados de los reinos animal y vegetal⁴. Casi todas las proteínas de la superficie celular y secretadas están glicosiladas⁷⁻¹¹. Los glicanos asociados con las proteínas de la superficie celular e intracelulares contribuyen con numerosas funciones biológicas en los sistemas animales¹². Esto se enfatiza por el hecho de que las funciones de algunos glicanos están altamente conservadas en la evolución de los vertebrados¹³. En la vía secretoria

temprana, las estructuras de los glicanos sobre las glicoproteínas recién sintetizadas son cruciales para la secreción de las mismas, ya que pueden influir en su plegado, actuar como ligandos para las lectinas chaperonas, contribuir con el control de calidad que ocurre en el RE y mediar el tráfico y la dirección selectiva a través de la vía secretoria^{14,15}. Las estructuras oligosacáridicas de la superficie celular influyen las interacciones célula-célula y con el ambiente extracelular al proveer ligandos para la adhesión celular, las interacciones macromoleculares y la invasión de patógenos^{12,16-20}. Los glicanos asociados con los receptores y las proteínas de la superficie celular también modulan directamente la función, señalización, conformación y la vida media en la superficie celular de estas proteínas así como también alteran la dinámica de su endocitosis y proveen ligandos para las proteínas de unión a carbohidratos como las selectinas y las galectinas²¹. Otras funciones más generales que poseen las estructuras glucídicas incluyen la regulación de algunas funciones citosólicas y nucleares, la vigilancia inmunológica, las reacciones inflamatorias, la autoinmunidad, la acción de las hormonas y la metástasis tumoral^{12,13,22}.

El evento definitorio en la biosíntesis de los oligosacáridos asociados al esqueleto polipeptídico es la formación del enlace entre el azúcar y el aminoácido. Este enlace generalmente determina la naturaleza de las unidades de carbohidratos que se formarán subsiguientemente por la maquinaria celular enzimática, lo que influenciará la actividad biológica de la proteína. En las proteínas, los glicanos pueden unirse a al menos 9 de los 20 tipos de aminoácidos disponibles²³.

Se ha estimado que aproximadamente 700 proteínas se requieren para generar la gran diversidad de glicanos presentes en los mamíferos (≥ 7000 estructuras estimadas), que son ensamblados a partir de sólo 10 monosacáridos: fucosa (Fuc), galactosa (Gal), glucosa (Glc), N-acetilgalactosamina (GalNAc), N-acetilglucosamina (GlcNAc), ácido glucurónico (GlcA), ácido idurónico (IdoA), manosa (Man), ácido siálico (SA) y xilosa (Xyl)^{7,11}. Dentro de estas proteínas, aproximadamente 200 son glicosiltransferasas, que son enzimas que extienden las estructuras glucídicas utilizando azúcares unidos a

nucleótidos o lípidos como sustratos donadores activados. Las combinaciones de monosacáridos junto con las diferencias en los enlaces (1-3 *versus* 1-4, etc.), los diferentes estados anoméricos (α *versus* β), las ramificaciones, las diferentes longitudes y los componentes sustituidos (fosfatos, sulfatos, etc.) crean aún mayor diversidad.

Los glicanos pueden estar unidos a las estructuras polipeptídicas a través de enlaces amida con las cadenas laterales de las asparaginas (Asn) (N-glicosilación)²⁴, a través de enlaces O-glicosídicos (O-glicosilación) con las cadenas laterales de las serinas (Ser), treoninas (Thr), hidroxilisinas (Hyl)²⁵ o tirosinas (Tyr)^{26,27}, o a través de enlaces C-C con la posición C2 de los triptófanos (Trp) (C-manosilación)^{28,29}. Alternativamente, pueden unirse formando una estructura que actúa como puente entre el fosfatidilinositol y la cadena polipeptídica⁴ (Figura 1). En eucariotas, los dos tipos principales de glicosilación de proteínas son la N- y la O-glicosilación^{30,31}.

La N-glicosilación es única en el sentido de que se inicia por la transferencia de un glicano complejo pre-formado, desde un glicano fosfato asociado a un lípido anclado a membrana al residuo de Asn aceptor. La transferencia requiere, casi exclusivamente, el reconocimiento de una secuencia tripeptídica consenso, Asn-X-Ser/Thr (X \neq Pro), y puede ocurrir co- y/o post-traduccionalmente. Este proceso, incluyendo la estructura entera del glicano preformado donador, está conservado en todos los eucariotas. Luego de la transferencia ocurre una remodelación estructural considerable y este proceso diverge entre los reinos eucariotas y sus diferentes órdenes²⁴.

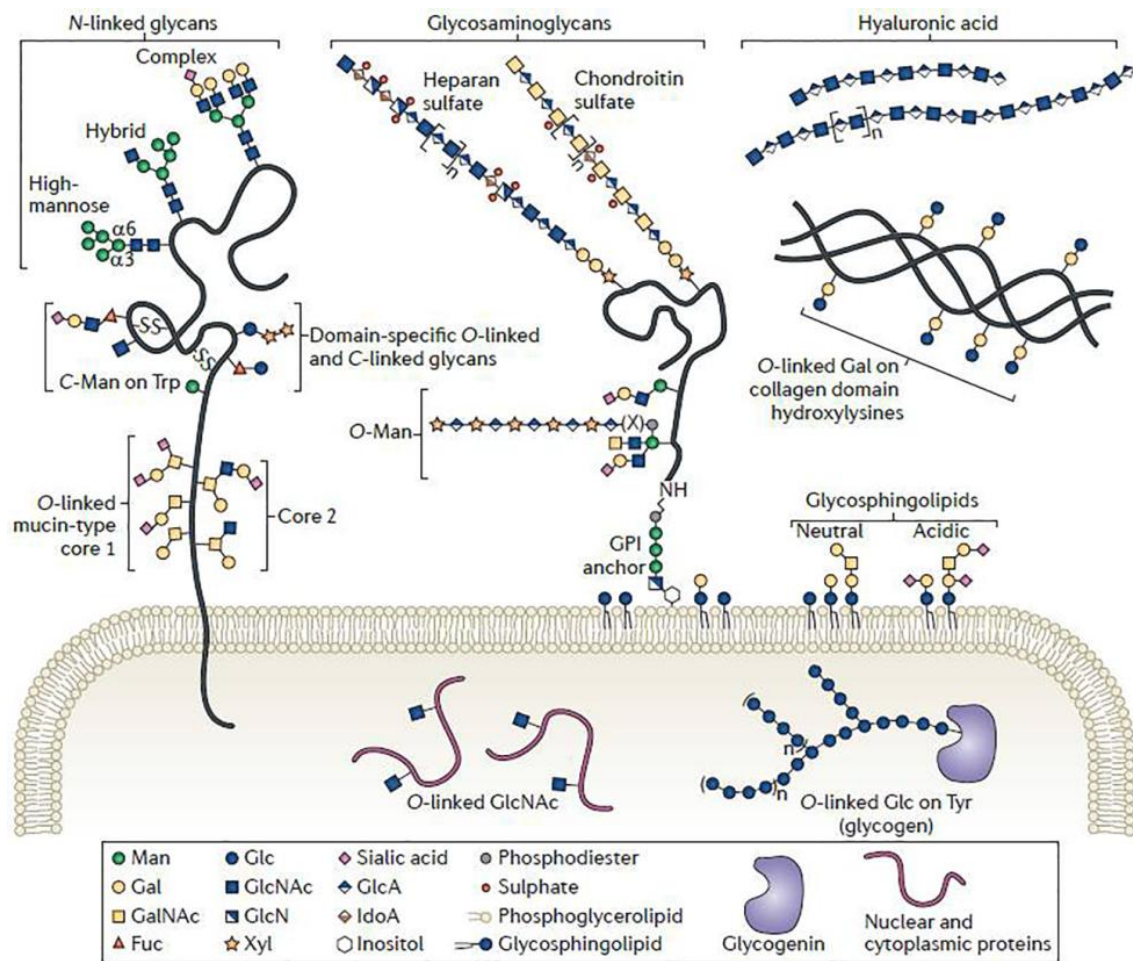


Figura 1- Clases principales de estructuras glucídicas presentes en los vertebrados. Extraído de ³.

Los O-glicanos se clasifican por sus monosacáridos iniciadores. Existen varios tipos diferentes de O-glicosilación en el humano incluyendo O-GalNAc³², O-galactosa (sobre Hyl)²⁵, O-manosa³³, O-fucosa³⁴, O-glucosa³⁵ y O-xilosa³⁶, encontrados sobre las proteínas que pasan a través de la vía secretoria, y O-GlcNAc³⁷ encontrada principalmente en las proteínas citosólicas (Figura 2). La adición de GalNAc a las Ser/Thr inicia la O-glicosilación de tipo mucina, el tipo más ubicuo de O-glicosilación. Los otros tipos de O-glicosilación son menos frecuentes o están restringidos a ciertas especies, tejidos o proteínas. La O-GlcNAc (GlcNAc- β -Ser/Thr) se encuentra sobre un gran número de proteínas citosólicas y nucleares, donde contribuye a la regulación de numerosas funciones celulares y puede competir con la fosforilación de Ser/Thr²². Se han descrito también modificaciones extendidas con O-GlcNAc en proteínas

extracelulares³⁸⁻⁴⁰. Interesantemente, la O-glicosilación de las mucinas de *Trypanosoma cruzi* se inicia por la adición enzimática de GlcNAc a las Thr por la UDP-GlcNAc:polypeptidil α -N-acetilglucosaminiltransferasa (pp- α -GlcNAc-T) en el Golgi⁴¹.

Todos los tipos de glicosilación de proteínas involucran dos pasos fundamentales (excepto la O-GlcNAc citosólica, que solo incluye el primer paso): i) un paso de inicio, donde las glicosiltransferasas reconocen motivos en las proteínasceptoras y transfieren el primer monosacárido (o un oligosacárido preformado en la N-glicosilación); y ii) un paso de procesamiento, donde un gran número de glicosiltransferasas (y glicosidasas en la N-glicosilación) actúan de forma secuencial para construir diversas estructuras glucídicas. La glicosilación de proteínas es una de las pocas MPTs que involucra dicho paso de procesamiento donde reacciones secuenciales organizadas catalizadas por múltiples enzimas construyen diversas estructuras oligosacáridicas con funciones biológicas independientes. La competencia entre glicosiltransferasas que poseen preferencias solapadas de glicanos aceptores pero diferentes especificidades de donadores puede influenciar fuertemente la abundancia relativa de estructuras glucídicas en el glicoma total de una célula o tejido. Por tanto, el potencial biosintético de los glicanos de una célula está determinado por múltiples factores, incluyendo la abundancia relativa y la localización de las enzimas, la abundancia y tráfico de los sustratos glicoproteicos y la disponibilidad de azúcares donadores activados en compartimentos apropiados³.

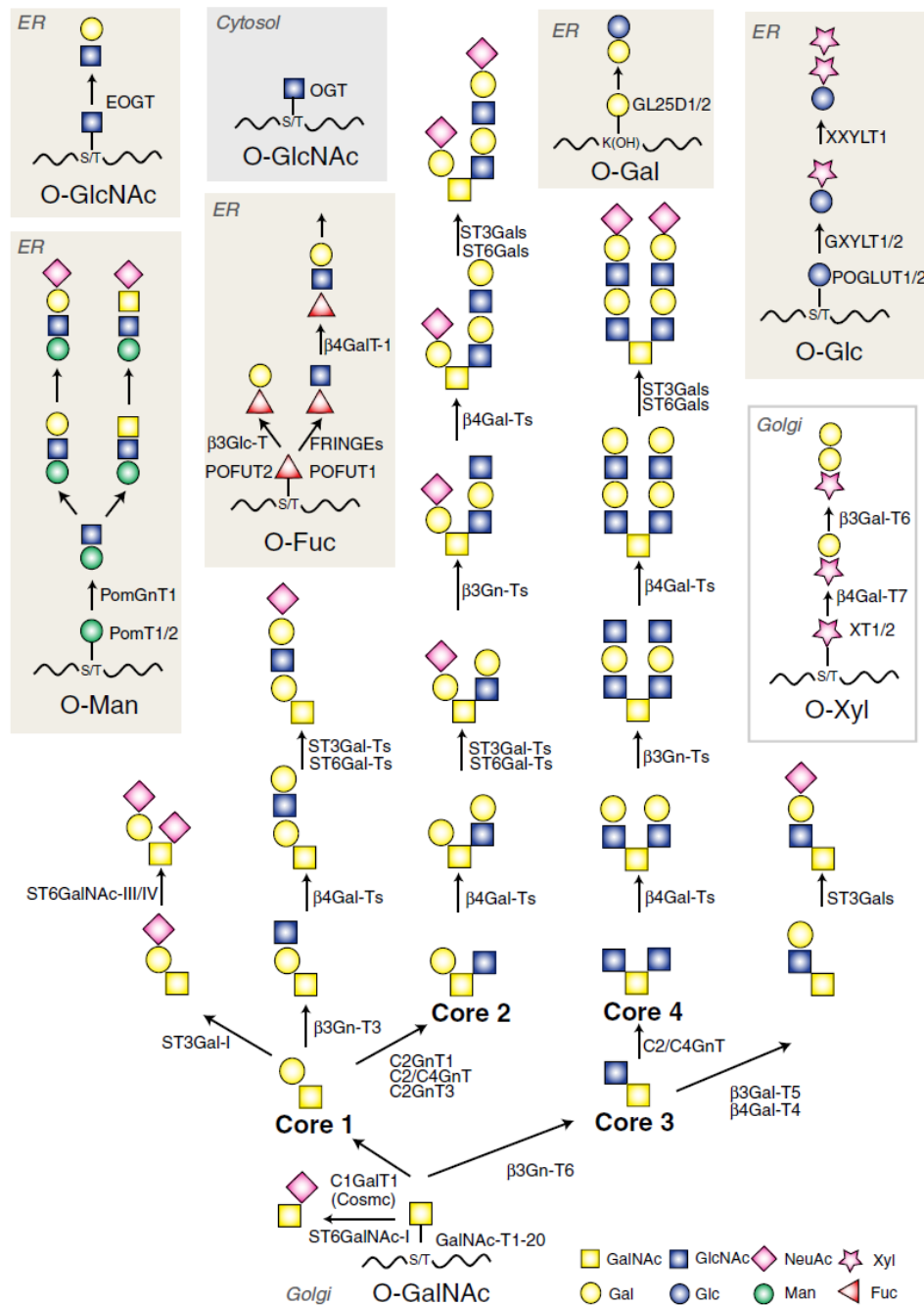


Figura 2- Representación esquemática de las principales vías de O-glicosilación de proteínas en animales. Visión general de los tipos más comunes de O-glicosilación de proteínas en mamíferos: O-manosa, O-fucosa, O-GlcNAc, O-galactosa, O-glucosa, O-xilosa y O-GalNAc. La O-manosa se encuentra en el distroglicano, en CD24, en el receptor de la tirosin-fosfatasa b y en los proteoglicanos cerebrales y se inicia en el RE por la O-manosiltransferasa POMT1⁴². Se ha reportado O-manosa fosforilada unida a través de un enlace β1-4 a O-GlcNAc⁴³. La O-fucosa se encuentra en los repetidos EGF de varias proteínas y su síntesis se inicia en el RE por la adición de fucosa a las Ser/Thr por la O-fucosiltransferasa POFUT1 (elongada por FRINGE) o POFUT2 (elongada por β3Glc-T)⁴⁴. Se ha encontrado O-GlcNAc elongada sobre proteínas secretadas y la

síntesis se inicia por EOGT en el RE³⁹. La O-galactosa se adiciona específicamente a hidroxilisinas en colágenos por la hidroxilisin galactosiltransferasa 1 (GL25D1) en el RE⁴⁵. La O-glucosa se adiciona por la O-glucosiltransferasa 1⁴⁶ en el RE y se encuentra por ejemplo sobre Notch. La modificación con O-GlcNAc original se encuentra exclusivamente en el núcleo y en el citoplasma. La síntesis se inicia por la O-GlcNAc transferasa OGT⁴⁷ y no es posteriormente extendida más allá de la GlcNAc. La O-glicosilación con O-GalNAc es iniciada por hasta 20 GalNAc-transferasas diferentes. La adición de GalNAc a las serinas o treoninas forma la estructura Tn que puede ser sialilada o elongada para formar hasta 4 estructuras *core*. Las estructuras *core* pueden ser posteriormente elongadas. Extraído de ⁵.

Por tanto, la glicosilación expande y diversifica exponencialmente la información genómica codificada^{5,48}, incrementando la complejidad bioquímica de los eucariotas⁴⁹. Sin embargo, no se debe pensar que la glicosilación ocurre al azar con grandes variaciones incluso en una proteína específica. Normalmente solo sitios específicos de una proteína dada son glicosilados y con un número limitado de estructuras glucídicas en cada sitio (microheterogeneidad)⁵⁰. Esto sugiere que existen mecanismos regulatorios precisos que controlan la biosíntesis de los glicanos, particularmente en el Golgi, donde está presente la mayor parte de la maquinaria de glicosilación⁵¹.

2. O-glicosilación de tipo mucina

La O-glicosilación con GalNAc (de aquí en más simplemente O-glicosilación) se encuentra en la mayoría de las proteínas que pasan a través de la vía secretoria y a menudo también en las regiones *linker* y *stem* de las proteínas⁹. Los O-glicanos están covalentemente unidos por un enlace O-glicosídico entre una GalNAc y el grupo hidroxilo de una serina o treonina. Interesantemente, la glicosilación de tirosinas con O-GalNAc fue inicialmente reportada en la proteína precursora amiloidea²⁶ y luego sobre varias otras proteínas^{27,52}.

Este tipo de O-glicosilación se ha encontrado sobre glicoproteínas pertenecientes a casi todos los filos del reino animal. Incluso las plantas superiores son capaces de iniciar la glicosilación de sus proteínas con la transferencia de GalNAc a los residuos de serina o treonina⁵³. Interesantemente, la maquinaria de la N-glicosilación está presente en eucariotas inferiores pero la de O-glicosilación solo se encuentra en eumetazoos⁵⁴. Las mucinas y las proteínas tipo mucina son los sustratos clásicos de la O-glicosilación, conteniendo repetidos PTS (Pro, Thr y Ser) que portan una alta densidad de O-glicanos de forma heterogénea^{32,55}. Por esta razón, se sugiere el término “tipo mucina” para designar a esta clase compleja de O-glicanos^{32,55}.

La O-glicosilación requiere un conjunto complejo de enzimas localizadas en el aparato de Golgi. Este proceso biosintético es el equivalente biológico a una “tubería industrial” en donde se sintetizan conjuntos de O-glicanos complejos a través de la acción sucesiva y ocasionalmente competitiva de las glicosiltransferasas que están localizadas en el Golgi^{56,57}. La construcción de los O-glicanos se inicia por la familia de enzimas GalNAc-Ts (20 miembros han sido identificados en humanos) que catalizan la transferencia de GalNAc desde un azúcar donador (UDP-GalNAc) a los residuos de Ser/Thr (y posiblemente Tyr) sobre los sustratos proteicos (Figura 3A)⁵⁸. Esta transferencia genera el antígeno Tn. La GalNAc puede ser inmediatamente cubierta con ácido siálico por la ST6GalNAc-I sialiltransferasa, produciendo el antígeno sialil-Tn (sTn) (Figura 3B). Esto ocurre raramente en los tejidos normales pero es común en el cáncer. En los tejidos normales, el O-glicano naciente con GalNAc es modificado por enzimas formadoras de *core* para generar O-glicanos *core* 1 o *core* 3. En la mayoría de los tejidos, se adiciona galactosa por la *core* 1 sintasa (C1GalT), que genera el O-glicano *core* 1 (antígeno T). Por el contrario, en los tejidos colónicos se adiciona un azúcar diferente, una GlcNAc, por la *core* 3 sintasa (C3GnT/β3GnT6), que produce el O-glicano *core* 3. La biosíntesis de la *core* 1 sintasa activa requiere una chaperona molecular localizada en el RE, Cosmc (*core* 1 β3-galactosiltransferase-specific molecular chaperone), que previene la agregación y la subsiguiente proteólisis intracelular de esta enzima⁵⁹⁻⁶². Los O-glicanos *core* 1 pueden ser inmediatamente cubiertos con ácido siálico por las ST3Gal- y ST6Gal-sialiltransferasas, generando O-glicanos *core* 1

mono- y di-sialilados, respectivamente. Los O-glicanos *core 1* no modificados y sialilados son poco comunes en la mayoría de los tejidos normales pero están altamente enriquecidos en los tejidos tumorales. En la mayoría de los tejidos normales, se adiciona GlcNAc a los O-glicanos *core 1* por las β 1,6-N-acetilglucosaminiltransferasas (C2GnT-1, -2 y -3) para producir el O-glicano *core 2*. La isoforma C2GnT2 puede adicionar GlcNAc al O-glicano *core 3*, lo que genera el O-glicano *core 4*. La GlcNAc de los O-glicanos *core 2* y *core 4* puede ser posteriormente extendida de muchas formas diferentes [por ejemplo por la adición de galactosa por las enzimas β 4GalT o por la adición de repetidos de polilactosamina (Gal-GlcNAc) por la acción concertada de las enzimas β 4GalT y β 3GnT]. Por el contrario, la GlcNAc de los O-glicanos *core 3* puede ser extendida sólo por la adición de galactosa por la β 4GalT4. Para terminar la O-glicosilación, a todos los O-glicanos se les adiciona ácido siálico por acción de las ST3Gal- y ST6Gal-sialiltransferasas. O-glicanos adicionales se han caracterizado bioquímicamente en diferentes tejidos (*cores 5-8*) y se cree que se generan por la modificación directa del O-glicano naciente pero aun no se conoce la maquinaria enzimática necesaria para generar estos O-glicanos^{63,64}.

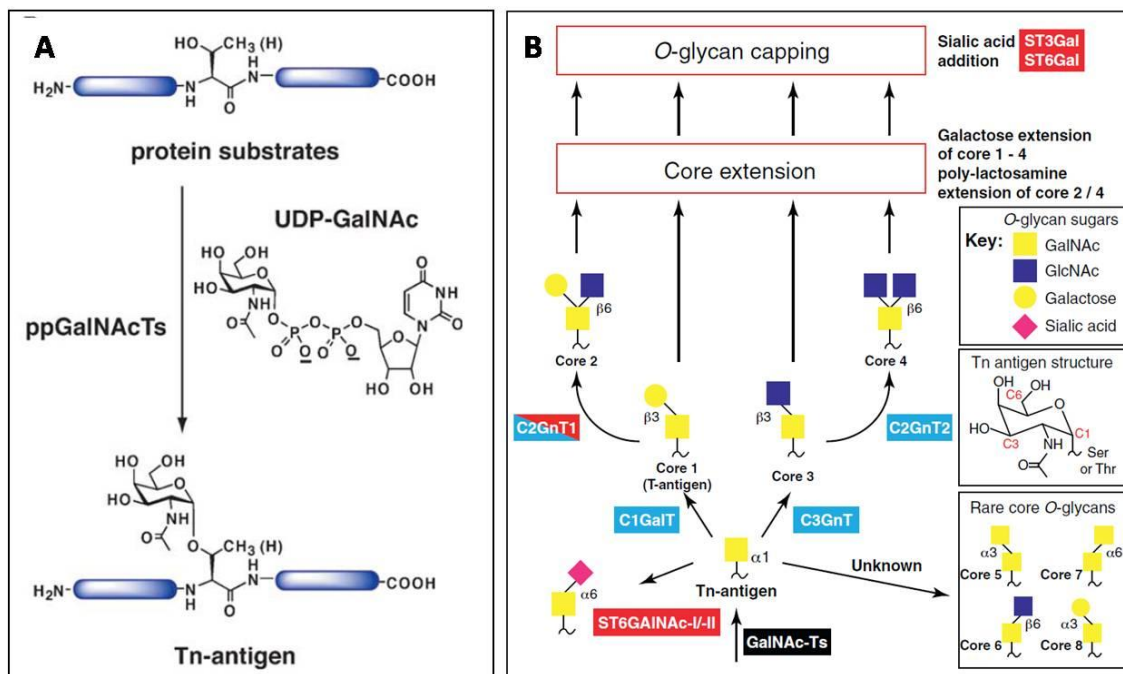


Figura 3- A. Inicio de la O-glicosilación de tipo mucina por las GalNAc-Ts, que utilizan UDP-GalNAc como el azúcar nucleótido donador y modifican los sustratos proteicos. B. La O-glicosilación celular es un proceso de múltiples pasos que involucra un paso complejo de inicio (unión de GalNAc) y un paso de procesamiento que genera O-glicanos extendidos con

diversas estructuras. Una familia de enzimas GalNAc-Ts inicia la O-glicosilación a través de la adición de GalNAc a los residuos de Ser/Thr en los sustratos proteicos para generar el antígeno Tn (GalNAc-Ser/Thr). Una serie de glicosiltransferasas actúan paso a paso y de forma competitiva luego de las GalNAc-Ts para sintetizar diferentes *cores* de O-glicanos. El tipo de *core* de O-glicano que se sintetiza es regulado principalmente a través de la alteración de la expresión de las diferentes enzimas formadoras de *cores*. La expresión anormal de estas enzimas, presente en muchas enfermedades incluyendo el cáncer, altera el tipo de O-glicano que se sintetiza. Las enzimas cuya expresión está aumentada o disminuida en el cáncer están marcadas en rojo y celeste, respectivamente. Los *cores* de O-glicanos pueden ser posteriormente modificados en una variedad de formas a través de reacciones enzimáticas de extensión y por la adición de ácido siálico. Extraído de ⁵⁵(A) y ⁶³(B).

3. GalNAc-Ts

La O-glicosilación se inicia por una gran familia de polipeptidil N-acetilgalactosaminil (GalNAc)-transferasas (GalNAc-Ts) homólogas (EC 2.4.1.41) que catalizan el primer paso en la biosíntesis, formando el enlace GalNAc α 1-O-serina (Ser)/treonina (Thr) sobre las O-glicoproteínas en el aparato de Golgi. Las GalNAc-Ts catalizan la transferencia del azúcar GalNAc desde el UDP-GalNAc al grupo hidroxilo de los residuos de Ser/Thr (y posiblemente Tyr) (Figura 3A). El gran número de enzimas que controlan el paso inicial hacen que la O-glicosilación sea única entre los diferentes tipos de glicosilación de proteínas. Todos los demás pasos de inicio de los diferentes tipos de glicosilación de proteínas involucran 1 o 2 isoenzimas o, en el caso de la N-glicosilación, un complejo proteico.

Las GalNAc-Ts se clasifican como miembros de la familia GT27 en la clasificación CAZy de las glicosiltransferasas (<http://www.cazy.org>), que se basa en las similitudes de secuencia y de estructura. Hay disponible un total de 20 entradas de genes de GalNAc-Ts humanas, todos reportados en la literatura. La mayoría de estos genes de GalNAc-Ts codifican enzimas funcionalmente activas^{58,63,65}. La familia de las GalNAc-Ts está

altamente conservada a lo largo de la evolución de los metazoarios y aunque el número de miembros varía, todos los genomas completos contienen grandes familias de secuencias altamente homólogas, lo que estaría indicando que la estructura y la función de las GalNAc-Ts han sido conservadas^{64,66,67}. Interesantemente, las GalNAc-Ts no están presentes en las levaduras ni en las plantas⁵⁴.

Es pertinente preguntarse si el gran número de genes de GalNAc-Ts son utilizados para regular dinámicamente la O-glicosilación de forma de alcanzar modificaciones diferenciales de las proteínas y así cumplir funciones específicas o si, alternativamente, el gran número de genes se necesita para cubrir un amplio espectro de secuencias aceptoras y proveer una “reserva” ante cualquier mutación deletérea. Las deficiencias en los genes que controlan el inicio de otros tipos de glicosilación de proteínas generalmente causan fenotipos severos⁶⁸⁻⁷⁸. En contraste, las deficiencias en algunas de las GalNAc-Ts de los vertebrados generalmente producen solo fenotipos sutiles^{6,79}, lo que sugiere un considerable grado de redundancia así como también funciones únicas de las isoformas individuales. Contrastando esto está la observación de que varias isoformas de GalNAc-Ts en *Drosophila* son esenciales para su viabilidad⁸⁰. Por tanto, las isoformas individuales de GalNAc-Ts cumplen funciones celulares no redundantes únicas y esenciales conservadas durante la evolución^{66,80}. Sin embargo, solo hemos comenzado a comprender las funciones que desempeñan las isoformas individuales de GalNAc-Ts y la mayoría de las isoformas con patrones de expresión más restringido aún son pobremente comprendidas.

3.1. Estructura de las GalNAc-Ts

Las GalNAc-Ts comparten la estructura transmembrana de tipo II de las glicosiltransferasas del Golgi con una corta cola citoplasmática N-terminal, una secuencia señal hidrofóbica que sirve como dominio que se inserta en la membrana, una región *stem* de longitud variable y un dominio catalítico globular luminal⁸¹ (Figura

4). Las GalNAc-Ts poseen alrededor de 600-800 aminoácidos y son generalmente más grandes y únicas entre las glicosiltransferasas eucariotas porque poseen, además de la unidad catalítica, un dominio lectina C-terminal de tipo ricina (de aproximadamente 120 aminoácidos)^{58,82-84}. Ambos dominios están conectados por un *linker* flexible y corto que varía en longitud entre las diferentes isoformas (10-25 aminoácidos)^{82,85,86}.

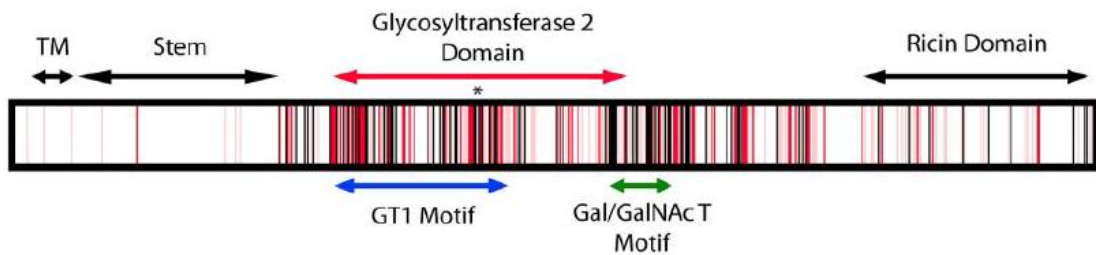


Figura 4- Estructura de dominios de la familia de las GalNAc-Ts. Diagrama de secuencias consenso de varias GalNAc-Ts con actividad demostrada. Las regiones en blanco, rosado, rojo y negro representan 0-29%, 30-69%, 70-99% y 100% de identidad de secuencia, respectivamente. Las posiciones de los dominios transmembrana (TM), *stem*, catalítico (dominio glicosiltransferasa 2, motivo GT1 y motivo Gal/GalNAc-T) y ricina se indican con las flechas coloreadas. Los asteriscos muestran la posición del motivo conservado DXH que se piensa que está involucrado en la unión al nucleótido azúcar. Extraído de ⁸⁷.

La corta cola citoplasmática de todas las GalNAc-Ts contiene residuos básicos que pueden estar involucrados en la interacción con los complejos proteicos de anclaje a la membrana del Golgi periférico⁸⁸. Las regiones *stem* son variables en longitud y tienen aproximadamente entre 90 (GalNAc-T1, -T13 y -T16) y hasta 170 aminoácidos (GalNAc-T3, -T8 y -T15) con la excepción de la región *stem* extendida de 470 aminoácidos de la GalNAc-T5. Se cree que las regiones *stem* posicionan al dominio catalítico en el lumen de las cisternas del Golgi, pero resta determinar si tienen otras funciones específicas dado la gran variabilidad que poseen. Los dominios catalíticos de las GalNAc-Ts (aproximadamente 230 aminoácidos de longitud) contienen un motivo GT-A estructural⁸⁹ caracterizado por dos pliegues tipo Rossmann β - α - β que interactúan estrechamente. Los pliegues tipo Rossmann contienen residuos que se unen al grupo uracilo del sustrato donador UDP-GalNAc^{82,90}. El motivo DXH de unión a Mn^{2+} , que está conservado en todas las isoformas humanas y que interactúa con el difosfato del sustrato donador UDP, está localizado cerca del extremo C-terminal del segundo

pliegue Rossmann. El motivo Gal/GalNAc⁹¹ es compartido entre las GalNAc-Ts y las β 4Gal-Ts, y esta región interactúa con la GalNAc del sustrato donador^{85,90}. En el dominio catalítico de la GalNAc-T10 existe un bolsillo adicional de unión a GalNAc^{92,93}. En la parte restante del dominio catalítico, los residuos que se unen al sustrato donador están cerca o dentro de un *loop* que sufre un gran cambio conformacional en respuesta a la unión a la UDP-GalNAc. Los residuos presentes en este *loop* contribuyen a la unión de los sustratos peptídicos aceptores. Sin embargo, la mayoría de los residuos que se unen al sustrato aceptor están presentes en un canal pre-formado en la superficie del dominio catalítico (Figura 5A). Algunos de estos residuos forman un “bolsillo de prolina”⁸², lo que explica la preferencia de algunas isoformas de GalNAc-Ts por los aceptores que contienen una prolina 3 residuos C-terminal a la Thr o Ser a la que se le va a adicionar la GalNAc⁹⁴⁻⁹⁶ (Figura 5B). Con la estructura del cristal de la GalNAc-T2 unida a un péptido se pudo evidenciar un bolsillo adicional que acomoda al grupo metilo de la Thr aceptor⁸², lo que explicaría porque las GalNAc-Ts a veces muestran preferencia por glicosilar residuos de Thr en vez de Ser. La amplia y variable ranura de unión al sustrato en el dominio catalítico es importante para acomodar los sustratos glicosilados ya que la adición de GalNAc promueve grandes cambios conformacionales en el esqueleto polipeptídico⁹⁷.

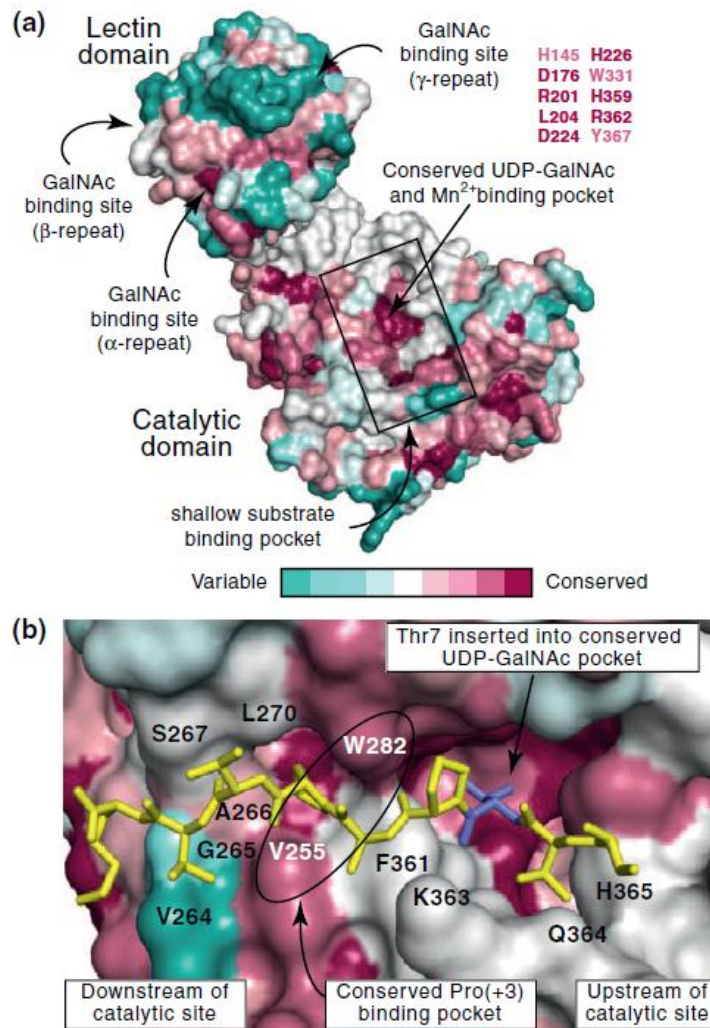


Figura 5- Estudios estructurales y bioquímicos de las enzimas GalNAc-Ts han permitido identificar características regulatorias importantes que controlan el inicio de la O-glicosilación. A. Los dominios catalítico y lectina en las enzimas GalNAc-Ts actúan juntos para seleccionar sitios potenciales para adicionar GalNAc en Ser/Thr sobre los polipéptidos. La conservación de los residuos en las 20 GalNAc-Ts homólogas humanas calculada utilizando el servidor CONSURF^{98,99} está coloreada en una representación superficial de la GalNAc-T2 humana (2FFU)^{82,85,90}. Los residuos que unen los cofactores UDP-GalNAc y Mn²⁺ están muy conservados entre todas las GalNAc-Ts humanas porque su función es esencial para la actividad catalítica de la enzima. La ranura superficial de unión al sustrato está menos conservada, lo que permite que cada isoforma de GalNAc-T se una a un grupo diverso de sustratos polipeptídicos. De forma similar, los residuos superficiales en el dominio lectina de las GalNAc-Ts humanas están pobremente conservados. El sitio putativo de unión a GalNAc-

Ser/Thr en el repetido α (centrado en D458 en la GalNAc-T2) está más conservado que los sitios putativos de unión a GalNAc-Ser/Thr en los repetidos β y γ . B. Acercamiento de la ranura de unión al sustrato en el dominio catalítico. Los residuos que son importantes para la unión de un sustrato de tipo mucina (barras amarillas) en la GalNAc-T2 humana (2FFU) están resaltados. La única característica conservada de esta ranura en las GalNAc-Ts humanas es un bolsillo hidrofóbico delimitado por V255 y W282 en la GalNAc-T2 humana que es importante para la unión de sustratos que contienen Pro en la posición +3. Extraído de ⁶³.

El dominio lectina único de las GalNAc-Ts pertenece a la familia estructural de las lectinas de tipo ricina¹⁰⁰. Este módulo se encuentra en muchos reinos incluyendo los procariotas (excluyendo *Archaea*) y adopta una estructura de tipo trébol β compuesta por 3 repetidos homólogos (α , β y γ) que se piensa que han evolucionado a través de una serie de eventos de duplicación génica¹⁰¹. El trébol β se encuentra en superfamilias como las citoquinas (interleucinas y factores de crecimiento fibroblástico)¹⁰², toxinas tipo ricina B (como aglutininas y lectinas hemolíticas)⁸³, inhibidores de proteasas tipo Kunitz y proteínas de unión a actina (como la β -cristalina y la proteína de unión a actina tipo hisactofilina)¹⁰³⁻¹⁰⁵. Las características generales de los tréboles β son: i) la presencia de motivos QXW y CLD en cada repetido de aproximadamente 40 aminoácidos, ii) similitud de secuencia limitada¹⁰⁶ y iii) especificidades de unión diversas que incluyen al heparan sulfato, GalNAc sulfatada, Xyl, Gal, Glc, lactosa y GalNAc. Las secuencia de los dominios lectina de las GalNAc-Ts está poco conservada exceptuando los motivos QXW y CLD y los 6 residuos de cisteínas invariables que forman puentes disulfuro dentro de cada uno de los 3 repetidos α , β y γ ⁸⁵. Los estudios de las especificidades de unión a carbohidrato de los dominios lectina de las GalNAc-Ts han demostrado una alta especificidad por GalNAc y por glicopéptidos que contengan GalNAc¹⁰⁷, pero no por glicopéptidos que posean O-glicanos elongados como Gal β 1-3GalNAc α -O-Ser/Thr, NeuAc α 2-6GalNAc α -O-Ser/Thr o GlcNAc β 1,3GalNAc α -O-Ser/Thr¹⁰⁸. Cada repetido puede potencialmente unir Ser/Thr modificada con GalNAc pero se ha demostrado que los dominios lectina de la GalNAc-T1 humana contiene solo 2 sitios funcionales de unión a GalNAc (α y β), mientras que

la GalNAc-T2 (α), la GalNAc-T4 (α), la GalNAc-T3 (α) y la GalNAc-T10 (β) contienen solo uno^{85,90,107-110}.

La secuencia del *linker* presenta una gran variabilidad en cuanto a su flexibilidad de acuerdo a datos estructurales. El posicionamiento relativo de los dominios catalítico y lectina ha sido atribuido, en parte, a las diferencias en las propiedades de la secuencia del *linker*. Por tanto, la flexibilidad del *linker* puede controlar la orientación relativa de los dominios catalítico y lectina e influenciar así las especificidades de sustrato mediadas por el dominio lectina de las GalNAc-Ts^{82,85,86,90}.

3.2. Familia génica GALNT humana

Los 20 genes *GALNT* humanos se localizan en diferentes *loci* cromosómicos excepto por dos grupos de genes en *cluster*. Un *cluster*, *GALNT7/T17*, está separado por 100 kb y el otro, *GALNT11/T20*, por 8.5 kb. El tamaño de los loci génicos *GALNTs* individuales varía desde 5 kb para *GALNT4* a más de 1.2 Mb para *GALNT17*. Todos los genes contienen múltiples exones codificantes (8-16 exones) excepto *GALNT4*. El análisis del posicionamiento intron/exón de las *GALNTs* reveló que 3 posiciones intrónicas están conservadas en todos los genes (Figura 6) y que otras están conservadas en un grupo de ellos¹¹¹. Esto sugiere que todos los genes *GALNT* se originan de un gen *GALNT* ancestral que contenía al menos estos 3 intrones y que se fueron adquiriendo intrones adicionales durante la evolución de varios parálogos.

Para todos los *GALNTs*, los exones que codifican para la unidad catalítica están flanqueados en el extremo 5' por un intrón C1 conservado y en el extremo 3' por un intrón que está semi-conservado en 16 de todos los genes *GALNT*. La mayoría de los intrones que se encuentran en los dominios lectina han sido posicionados de forma idéntica en 16 de los *GALNTs* y en estos casos la posición de los intrones relativa al ORF (marco abierto de lectura) es 0, es decir, que el intrón está posicionado entre dos codones (Figura 6).

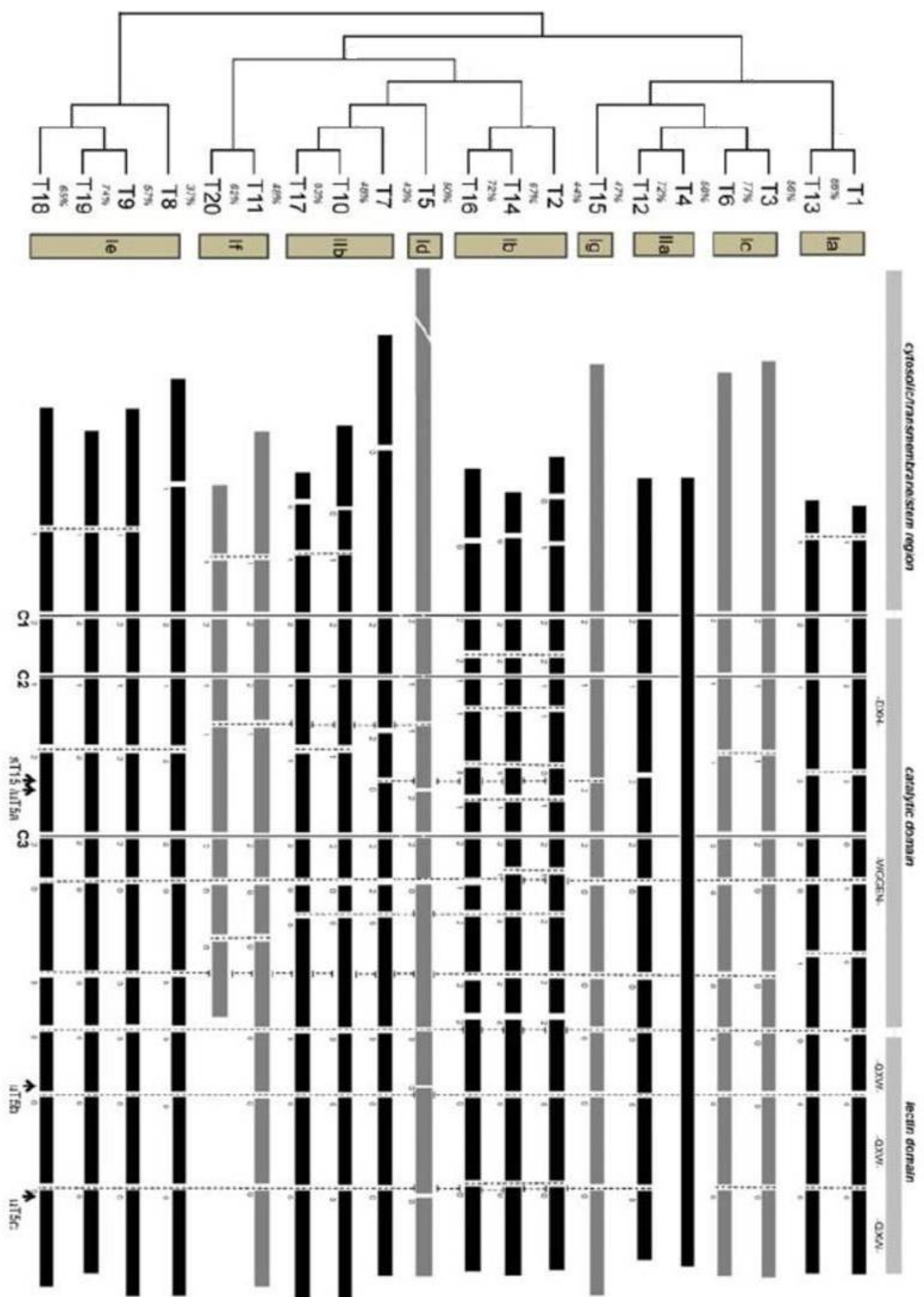


Figura 6- Organización filogenética y genómica de la familia génica de las GalNAc-Ts humanas. En el panel izquierdo se muestra el árbol filogenético de la familia génica de las GalNAc-Ts humanas. Las identidades de aminoácidos de los dominios catalíticos (%) se indican entre las isoformas. El panel derecho representa la organización genómica del ORF para los 20 genes *GALNT* humanos. Los exones se muestran como rectángulos y las isoformas agrupadas en el cladograma se encuentran sombreadas intermitentemente en gris y negro. Para *GALNT5*, el primer exón que codifica una región *stem* extendida de aproximadamente 500 aminoácidos ha sido truncado como se indica con un corte. Las uniones exón/intrón conservados (uniones compartidas entre todos los genes excepto *GALNT4*) se indican como una línea entera y se designaron C1-C3 abajo. Los límites de los intrones compartidos entre dos o más genes se muestran con una línea punteada. Las fases de los intrones (0, 1, 2) se indican con números debajo de los intrones (los intrones en fase 0 están posicionados entre dos codones, en fase 1 luego de la primera base del codón y en fase 2 luego de la segunda base del codón). Las posiciones de los intrones únicos de la GalNAc-T5 (ut5a, b y c) y de la GalNAc-T15 (sT15) están indicadas con flechas en sus posiciones relativas. Basándose en el cladograma y en las similitudes en cuanto a la organización genómica, las GalNAc-Ts fueron clasificadas en 7 subfamilias designadas Ia-g y IIa-b. La subfamilia I contiene isoformas de GalNAc-T que predominantemente presentan especificidad por sustratos peptídicos y la subfamilia II contiene isoformas de GalNAc-T que predominantemente presentan especificidad por sustratos glicopeptídicos con GalNAc. Las regiones que codifican para los diferentes dominios de las GalNAc-Ts (citósólico, transmembrana, región *stem*, catalítico y lectina), incluyendo la posición de los motivos funcionales identificados, se muestran en la parte de arriba. Extraído y modificado de ⁵⁸.

Los miembros de la familia de las GalNAc-Ts han sido clasificados en dos grupos principales, I y II, con especificidades de sustrato predichas predominantemente por péptidos y por péptidos con GalNAc, respectivamente. Aunque esta distinción ha sido históricamente utilizada, existe cierto solapamiento en las preferencias de sustrato entre las isoformas. Las familias han sido entonces divididas en subfamilias (Ia-g y IIa-b, Figura 6) basándose en las similitudes de las secuencias de aminoácidos que tienden a correlacionarse en general con las preferencias por los sustratos peptídicos/glicopeptídicos^{58,66} (aunque una nueva clasificación basada en estudios más detallados sobre las preferencias de sustratos y glicosustratos ha sido propuesta

recientemente¹¹²). Los miembros de la familia I glicosilan sustratos peptídicos y han sido llamados “isoformas que prefieren péptidos”. Sin embargo, varios miembros de esta familia (Ia-d) se ha visto que pueden ser influenciados por la O-glicosilación previa y remota (6-17 residuos) de Ser/Thr con GalNAc a través de la utilización de sus dominios lectina¹¹³. Los miembros de la familia IIa-b, por el contrario, comúnmente solo presentan actividad contra glicopéptidos que posean Ser/Thr-O-GalNAc y por tanto han sido denominados “isoformas que prefieren glicopéptidos”, aunque algunas isoformas (particularmente la subfamilia IIa) pueden también glicosilar sustratos peptídicos no glicosilados^{96,109}. La subfamilia *GALNT3/T6* es la mejor caracterizada. Exhibe alta similitud de secuencia a través de toda la región codificante, idéntica estructura genómica con 9 uniones exón/intrón y las enzimas codificadas poseen especificidades de sustrato similares¹¹⁴. Los miembros de una misma subfamilia pueden tener especificidades de sustrato similares pero generalmente se expresan en diferentes tejidos, lo que resulta en una redundancia funcional parcial¹¹⁴.

Dos genes, *GALNT5* y *T15*, no muestran una relación significativa con estas subfamilias. Estos dos genes no se agrupan en subfamilias en el análisis filogenético y contienen posiciones únicas de intrones. *GALNT20* carece de los exones que codifican para el dominio lectina.

3.3. Regulación de las GalNAc-Ts

La regulación de la O-glicosilación ocurre en dos niveles: primero, qué proteínas y qué sitios están siendo glicosilados y segundo, como la GalNAc es posteriormente modificada para formar el O-glicano final. En otras palabras, existe regulación a nivel del inicio así como también a nivel de la elongación. El inicio es controlado por las GalNAc-Ts, que pueden ser reguladas en cuanto a sus niveles de expresión así como también a través de la compartimentación por la vía GALA¹¹⁵.

Las GalNAc-Ts se expresan diferencialmente en células y tejidos y las isoformas pueden clasificarse según si tienen patrones de expresión ubicuo (GalNAc-T1, T2, T7), selecto (GalNAc-T3, T4, T6, T11, T12, T14, T16, T18) o más restringido (GalNAc-T5, T8, T9, T10, T13, T15, T17, T19)⁵⁸. El repertorio de GalNAc-Ts expresado en las células varía con el tipo celular en los tejidos¹¹⁶ y en células y tejidos durante la diferenciación, el desarrollo y la maduración^{117,118}. Además varios estudios han demostrado que la transformación maligna está asociada a cambios sustanciales en la expresión de GalNAc-Ts individuales¹¹⁹.

La expresión variable de los miembros de esta gran familia sugiere que existe una regulación precisa individual. Aunque los cambios en la expresión han sido documentados tanto a nivel de ARNm como a nivel de proteína, es sorprendente cuando poco se conoce sobre los elementos regulatorios de los genes *GALNT*. Hasta ahora, el análisis de la región *upstream* de *GALNT3* es lo único reportado sobre los elementos regulatorios que controlan la expresión de los genes *GALNT*¹²⁰. La expresión de los genes *GALNT* también puede estar modulada por microARNs (miARNs)¹²¹⁻¹²⁴. En un análisis bioinformático de la regulación por miARNs de genes relacionados con la glicosilación, 3 *GALNTs* (1, 7 y 3) estaban entre los 10 glicogenes identificados mayormente regulados por este mecanismo¹²⁵. La participación de los miARNs probablemente posibilita la co-regulación de las GalNAc-Ts junto con otras proteínas.

La visión general ha sido que la expresión de las GalNAc-Ts en las células es estática porque las enzimas del Golgi generalmente poseen una larga vida media¹²⁶ con un transporte retrógrado continuo a través de vesículas COPI^{127,128}. La liberación/eliminación de las enzimas del Golgi se piensa que involucra el clivaje endoproteolítico en la región *stem* con la secreción de las enzimas solubles catalíticamente activas presentes en los fluidos corporales. Nuestro conocimiento sobre este proceso es limitado pero han sido reportados dos ejemplos de regulación específica por este

mecanismo^{129,130} y se ha presentado evidencia de un tercer ejemplo¹³¹. Es probable que similares eventos de proteólisis específica aseguren la rápida liberación de otras glicosiltransferasas, lo que permitiría una rápida regulación positiva y negativa de la capacidad de glicosilación en las células tanto a nivel de la expresión génica/traducción como a nivel de proteína. Esta regulación dinámica de las glicosiltransferasas puede ser requerida para que la glicosilación pueda regular otras funciones biológicas también dinámicas. Interesantemente, han sido identificados múltiples sitios de glicosilación en las regiones *stem* de las glicosiltransferasas^{27,132,133} y resta determinar si estos O-glicanos pueden regular el clivaje y consiguiente liberación de estas enzimas, como veremos posteriormente que se ha reportado para otras proteínas.

Otro nivel adicional de regulación de las GalNAc-Ts ocurre a nivel de su localización espacial. Una característica importante de estas enzimas es la plasticidad en su localización subcelular¹²⁷. La activación del receptor del factor de crecimiento epidérmico (EGFR), del receptor del factor de crecimiento derivado de las plaquetas (PDGF-R) y de Src, induce el tráfico de las GalNAc-Ts del Golgi al RE, específicamente a través de la activación de la maquinaria de transporte COPI. Esto aparentemente resulta en una O-glicosilación más densa con estructuras de O-glicanos inmaduros, especialmente incrementando los niveles intracelulares de Tn¹²⁷ (Figura 7). Esta relocalización de las enzimas parece ser específica de las GalNAc-Ts y no de otras enzimas de la glicosilación (por tanto se la ha denominado "GALA", de *GalNAc-T Activation*)^{127,134}.

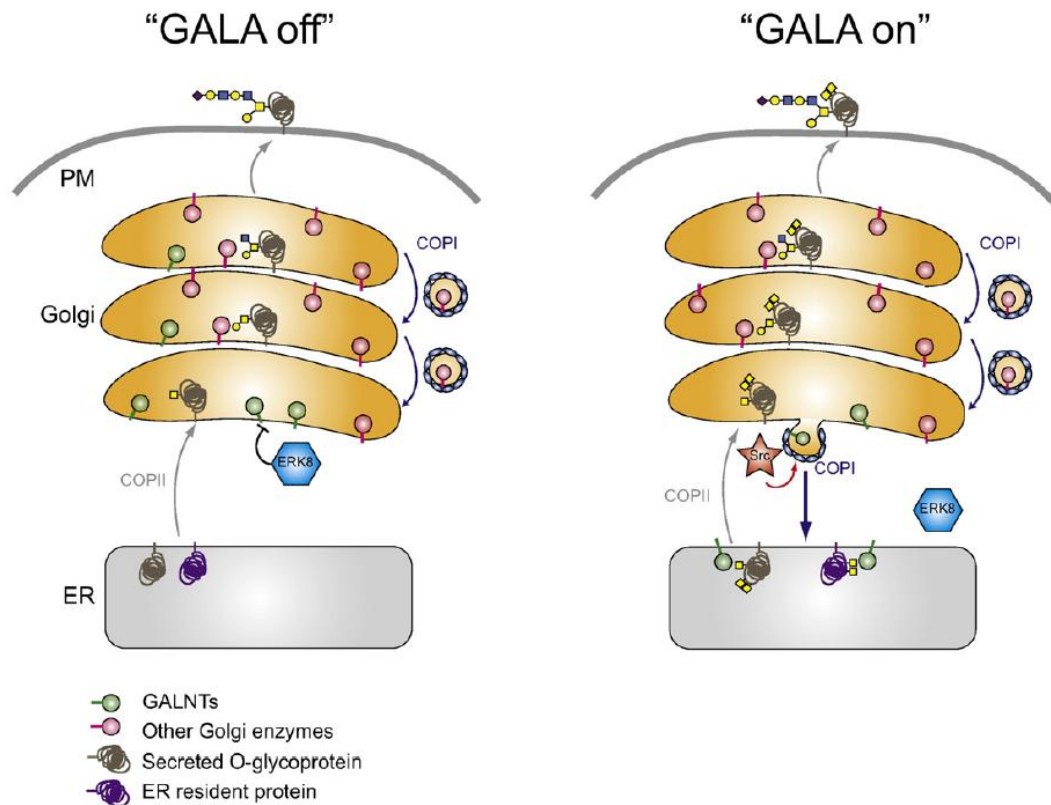


Figura 7- Regulación molecular de la vía GALA. En condiciones normales sin la activación de GALA, casi todo el inicio de la O-glicosilación de las glicoproteínas secretadas y de membrana ocurre en el Golgi. Los residuos de GalNAc son rápidamente modificados por la galactosiltransferasa C1GALT1 que actúa después, previniendo la unión del dominio lectina y la adición secundaria de GalNAc por la misma u otras GalNAc-Ts. Cuando GALA se activa por la activación de Src o la pérdida de ERK8, las GalNAc-Ts son transportadas al RE y pueden glicosilar proteínas residentes del RE. La localización de las GalNAc-Ts en el RE puede facilitar la adición de GalNAc dependiente del dominio lectina sobre glicositos secundarios y también en regiones inaccesibles de las proteínas que normalmente están plegadas cuando están presentes en el Golgi. Por razones aún no conocidas, algunas de las GalNAc adicionadas luego de GALA permanecen sin ser extendidas y aparecen en la superficie celular, donde generalmente se concentran en adhesiones focales. Extraído de ²³.

El movimiento de las GalNAc-Ts al RE aísla la O-glicosilación de las enzimas competidoras que extienden los O-glicanos, lo que puede servir para controlar la eficiencia y la densidad de O-glicosilación sobre, por ejemplo, las mucinas que requieren la O-glicosilación de hasta un 50% de sus aminoácidos en la regiones de los

repetidos en tándem. Las GalNAc-Ts están enzimáticamente activas en el RE y tienen acceso a muchos sustratos proteicos, incluyendo proteínas residentes del RE^{63,134}. C1GALT1 parece no relocalizarse por la vía GALA y si lo hiciera estaría inactiva debido a que estaría unida a su chaperona residente en el RE, Cosmc⁶⁰. Por tanto, el Tn generado por las GalNAc-Ts en el RE no puede ser extendido en el mismo compartimento. Esta falta de extensión permite que las GalNAc-Ts sigan actuando gracias a su dominio lectina, y de hecho, los niveles de Tn luego de la activación de GALA son altamente dependientes de que el dominio lectina de la GalNAc-T esté funcional¹²⁷, lo que sugiere que la glicosilación dependiente del dominio lectina es el principal evento promovido por la re-localización al RE⁶³. Todo esto probablemente explica por qué la re-localización lleva a incrementar los niveles intracelulares de Tn.

Un análisis semi-cuantitativo luego de la activación de la vía GALA reveló que la mayor parte del Tn está localizado en el RE con una pequeña fracción en la superficie celular¹²⁷. Esto sugiere que la mayoría de los residuos de GalNAc que se adicionan en el RE son extendidos cuando las proteínas que los portan son transportadas a través del Golgi. Sin embargo, es probable que la activación de la vía GALA influya en la extensión. De hecho, una mayor densidad de O-glicanos puede impedir las reacciones de extensión, favoreciendo la formación de O-glicanos más cortos. Una consecuencia potencial interesante de la re-localización de las GalNAc-Ts al RE es la competencia entre la O-glicosilación de tipo mucina y otros tipos de O-glicosilación. Exceptuando la biosíntesis de proteoglicanos con O-xilosa que se inicia en el Golgi y la O-glicosilación con GlcNAc que ocurre en el citoplasma y en el núcleo, los otros tipos de O-glicosilación de proteínas (incluyendo O-manosa, O-fucosa, O-glucosa y O-galactosa) son iniciados en el RE. La vía GALA puede permitir que las GalNAc-Ts compitan en el RE por los sitios de O-glicosilación que son normalmente modificados antes de que lleguen al Golgi, haciendo que el balance vaya hacia más sitios de O-glicosilación de tipo mucina respecto a otros tipos de O-glicosilación. Varios estudios han mostrado de que hay cierto solapamiento en las especificidades de sustrato peptídico entre las polipeptidil O-manosiltransferasas y las GalNAc-Ts¹³⁵⁻¹³⁷. Además, un estudio del glicoproteoma con O-manosa reveló sitios en las proteínas que también se sabe que

están modificados con GalNAc, incluyendo a los de la proteína disulfuro-isomerasa A3 (PDIA3)¹³⁸. El descubrimiento de la vía GALA abre la posibilidad de una competición directa entre las vías de la O-manosa y la O-GalNAc y de sus funciones biológicas asociadas. Además de la competición entre diferentes vías de glicosilación, la localización del paso de inicio al RE también posibilita el acceso a sustratos proteicos temprano en los eventos de plegamiento y dimerización.

3.4. Especificidad de sustrato de las GalNAc-Ts

Las isoenzimas GalNAc-Ts poseen especificidades de sustrato diferentes aunque también parcialmente solapantes con ningún motivo consenso aparente global o específico de isoforma⁵⁸. La selectividad de sustrato se basa en diferencias en los sitios catalíticos de las GalNAc-Ts. Los sustratos polipeptídicos (o glicopeptídicos para la subfamilia II) son seleccionados por la unión a las GalNAc-Ts en el surco superficial del dominio catalítico (Figura 5A). Sorprendentemente, aunque los residuos que seleccionan la unión al sustrato dentro de cada isoforma están altamente conservados, hay muy poca conservación de estos residuos entre diferentes isoformas de GalNAc-Ts (Figura 5B). Esto sugiere que existió una fuerte presión selectiva sobre las GalNAc-Ts durante la evolución de los eumetazoos que mantuvo sus preferencias de unión a sustratos y nuevas GalNAc-Ts adquirieron nuevas preferencias, posibilitando que un rango diverso de sustratos sean O-glicosilados. Como consecuencia, las GalNAc-Ts ortólogas unen un repertorio similar de sustratos de O-glicosilación y las isoformas de GalNAc-Ts homólogas unen un rango más diverso de sustratos¹²⁷. Además, el dominio lectina promueve la adición secundaria de GalNAc en posiciones vecinas de la secuencia peptídica, regulando y promoviendo la glicosilación de sustratos glicopeptídicos^{86,92,113}.

Esta modulación de la especificidad de sustrato se basa en la secuencia peptídica, en la carga y, de forma importante, también en las glicosilaciones vecinas. Los estudios

sobre las especificidades de aceptor de las GalNAc-Ts han sido limitados a los ensayos *in vitro* con un número reducido de péptidos. Sin embargo, se ha visto que las especificidades de sustrato identificadas con dichos péptidos se correlacionan muy bien con las funciones de las proteínas correspondientes en las células¹³⁹⁻¹⁴². Más recientemente, el uso de librerías de sustratos peptídicos y glicopeptídicos al azar ha permitido la determinación cuantitativa de las preferencias de residuos vecinos y la determinación de motivos de secuencia aceptoras específicos de cada isoforma de GalNAc-Ts^{93,96,112,113,143,144}. Esta estrategia se basa en el uso de sustratos peptídicos con el motivo general: GAGA(X)_nT(X)_nGAGA (donde X=grupo de residuos de aminoácidos al azar incluyendo Ser-O-GalNAc y n=3-5). Estos sustratos relativamente cortos se cree que pueden revelar la especificidad por péptidos y glicopéptidos del dominio catalítico independientemente del dominio lectina.

El motivo de secuencia principal que determina la especificidad de sustrato de las GalNAc-Ts reside en los 3 residuos vecinos N- y C-terminales que flanquean los sitios de glicosilación. Interesantemente, la mayoría de las transferasas, excepto la GalNAc-T10 y la -T7, prefieren un motivo de secuencia C-terminal bastante similar que consiste en Pro, Gly/Ala y Pro en las posiciones +1, +2 y +3 relativas al sitio de glicosilación. Este motivo común de prolinas se correlaciona en estas transferasas con la presencia de residuos aromáticos que forman el “bolsillo de prolina”⁸² y posiblemente incrementa la exposición a los residuos de Ser/Thr en una conformación de giro β . La GalNAc-T10 carece de los residuos que forman el “bolsillo de prolinas” y prefiere Ser-O-GalNAc en la posición +1, lo que muestra claramente que el dominio catalítico de la GalNAc-T10 une directamente glicopéptidos⁹³. Recientemente se ha demostrado el mismo comportamiento con la GalNAc-T7, perteneciente a la misma subfamilia que la GalNAc-T10¹¹². A diferencia de las preferencias C-terminales, en la parte N-terminal existe un amplio rango de preferencias específicas de cada isoforma con predilección mayor por Pro, Val y Tyr, siendo los aminoácidos más comunes en las posiciones -3 a -1⁹⁶. Por tanto, hasta la fecha, parece que la especificidad de sustrato de las transferasas que poseen el “bolsillo de prolinas” está dominada por la

preferencia que tenga cada isoforma a los residuos N-terminales al sitio de glicosilación^{143,144}.

En el caso de las “transferasas que prefieren glicopéptidos” de las subfamilias IIa y IIb, estas glicosilarán fácilmente glicopéptidos que contengan Ser/Thr-O-GalNAc pero difieren en su capacidad de glicosilar sustratos peptídicos no glicosilados^{92,93,96,112,114,145}. Los miembros de estas subfamilias prefieren adicionar GalNAc en cercanía a un residuo previamente glicosilado (glicosilación vecina), lo que sugiere un mecanismo por el cual el dominio catalítico preferencialmente reconoce una GalNAc existente en los sustratos glicopeptídicos¹¹².

Otro nivel de complejidad adicional deriva de los dominios lectina. Estos dominios claramente actúan modulando e incrementando la eficiencia catalítica de las GalNAc-Ts con sustratos parcialmente glicosilados con GalNAc y que contienen una alta densidad de sitios aceptores como los que se encuentran en las secuencias de los repetidos en tándem de las mucinas^{92,107,109,110}. Los dominios lectina promueven la unión de las GalNAc-Ts a los sustratos mucínicos de forma de completar el inicio de la O-glicosilación antes de que los O-glicanos sean elongados (paso de procesamiento), ya que esto interfiere con la adición de más residuos de GalNAc. Ya que el paso de inicio ocurre simultáneamente con el procesamiento en el Golgi, las afinidades de unión combinadas de los dominios catalítico y lectina mejora la competición mientras haya sitios aceptores disponibles. Esta hipótesis es apoyada por un estudio que demuestra que la biosíntesis de la mucina MUC5A pasa por una glicoforma intermedia glicosilada con GalNAc antes de que la elongación comience¹⁴⁶. Además, como se explico anteriormente, la re-localización selectiva de las GalNAc-Ts al RE resulta en un incremento en la densidad de O-glicosilación¹²⁷.

La unión a residuos de GalNAc en sustratos parcialmente procesados incrementa la eficiencia de modificación enzimática en otros sitios aceptores menos preferidos a través de la unión simultánea de los dominios catalítico y lectina^{92,107,109,110}. La especificidad por sustratos que contengan GalNAc mediada por el dominio lectina ha sido observada en todas las GalNAc-Ts analizadas hasta la fecha (excepto la GalNAc-T20). El reposicionamiento del dominio lectina relativo al dominio catalítico por el *linker*^{82,85,86,90} puede ser importante para dirigir la selección de nuevos sitios a ser modificados con GalNAc en los sustratos glicosilados (que están unidos al dominio lectina). Interesantemente, en algunas isoformas de GalNAc-Ts, el posicionamiento del dominio lectina puede bloquear parcialmente el acceso al surco de unión al sustrato (por ejemplo, el dominio lectina de la GalNAc-T10 bloquea el surco de unión al sustrato, lo que previene la unión a sustratos no glicosilados)⁹⁰. En estos casos, luego de la unión a polipéptidos modificados con GalNAc debe ocurrir un cambio conformacional que permita el acceso de los sustratos al dominio catalítico.

Aunque se creía que el dominio lectina solamente promovía la adición de más GalNAc en sitios cercanos a residuos de GalNAc ya existentes^{92,107,109,110}, actualmente se sabe que los dominios lectina de diferentes isoformas también presentan selectividades de sustrato diferenciales¹⁰⁸. La orientación de una Thr-O-GalNAc remota (N- o C-terminal al glicositio), reconocida por el dominio lectina, también influencia la actividad catalítica de las isoformas de las subfamilias Ia-Id y las preferencias por la orientación también varía entre las diferentes isoformas¹¹³. Esta selectividad N- o C-terminal se cree que se debe a la unión del glicopéptido Ser/Thr-O-GalNAc al dominio lectina cuya orientación es altamente dinámica y dependiente de la isoforma^{86,113}.

En suma, cada isoforma contiene una combinación única de especificidad por Ser/Thr (o GalNAc-Ser/Thr) dirigida por el dominio catalítico y de especificidad por GalNAc-Ser/Thr remotos dirigida por el dominio lectina. Además, el hecho de que casi todas las isoformas de GalNAc-Ts reconozcan ya sea glicosilación previa vecina (dominio catalítico) o remota (dominio lectina), o una combinación de ambas, sugiere que estas

transferasas deben operar en un proceso ordenado para realizar sus funciones de glicosilación, donde una transferasa produce un sustrato glicopeptídico óptimo para sí misma o para otra transferasa¹¹². Así, el gran número de isoenzimas en la familia de las GalNAc-Ts permite que haya una regulación diferencial del inicio de la O-glicosilación, que es específica de la célula y de las proteínas, y que va a determinar los sitios a los que se les va a unir un O-glicano. Esto eventualmente genera el conjunto diverso de O-glicoproteomas que existe en la naturaleza⁵⁸.

4. Funciones de la O-glicosilación tipo mucina

Los O-glicanos generalmente se encuentran agrupados en “dominios mucina” presentes en mucinas unidas a membrana (membranas mucosas de varios órganos, como los ojos, el tracto gastrointestinal, respiratorio y genitourinario) o secretadas¹⁴⁷⁻¹⁴⁹. Estos grupos densos de O-glicanos pueden estar presentes entre 10-100 veces en una misma mucina y generalmente se conocen como repetidos en tándem. Como consecuencia, los componentes glucídicos de las mucinas generalmente comprenden más del 50% de su peso molecular⁵⁵. Las mucinas y mucha de la maquinaria de O-glicosilación necesaria para su modificación aparecen temprano en la evolución de los eumetazoos, lo que sugiere que la adquisición de las barreras mucínicas fue central para el desarrollo de los mismos^{54,150}.

Los O-glicanos hidrofílicos y cargados negativamente forman arreglos densos altamente hidratados en los repetidos en tándem de las mucinas lo que permite que funcionen como barreras protectoras, brindando resistencia al daño físico y químico e inhibiendo la infección por patógenos^{17,55}. Los O-glicanos pueden bloquear la accesibilidad de las proteasas al esqueleto polipeptídico y conferir resistencia a la degradación¹⁵¹, regular la vida media en el suero de las quimioquinas y hormonas para atenuar su actividad *in vivo*^{55,152}, modular el tráfico intracelular de proteínas¹⁵³⁻¹⁵⁷ y proveer lubricación en una variedad de tejidos debido a su capacidad de

hidratación^{149,158,159}. Las mucinas de la superficie celular funcionan también como plataformas de las señales integradoras entre las células y su ambiente local. La función de los O-glicanos también es mediada a través de las interacciones con las lectinas específicas para los diferentes tipos de O-glicanos. Por ejemplo, el sialil-Lewis-X (SLe^X) es un O-glicano de tipo *core* 2 que se encuentra presente en la superficie de las células mieloides y se une a la P-selectina, una lectina presente en los neutrófilos que permite su reclutamiento a los sitios de inflamación¹⁶⁰.

Aunque este tipo de O-glicosilación ha sido tradicionalmente considerada como que solo ocurre en grupos densos en las mucinas y en los dominios mucina de las proteínas, análisis de proteomas completos recientes han demostrado que la O-glicosilación está ampliamente distribuida en la mayoría de las proteínas que pasan a través de la vía secretoria y que la mayoría solo tienen uno o pocos O-glicanos aislados^{9,132,133}. Por tanto, es probable que los O-glicanos en sitios específicos cumplan otras funciones biológicas importantes.

Se ha verificado por ensayos de glicosilación *in vitro* que muchos glicositos son específicos de una isoforma de GalNAc-T^{64,87,161}. Estos O-glicanos específicos de una isoforma poseen funciones especializadas en la célula, incluyendo la regulación hormonal, el metabolismo lipídico y la señalización por factores de crecimiento⁵, lo que se verificó por estudios de asociación en animales y en enfermedades. La gran incidencia de letalidad embrionaria o fenotipos severos en los *knockouts* de *GALNT* en *Drosophila* también muestra la importancia de la O-glicosilación específica de sitio durante el desarrollo^{80,162}.

Por ejemplo, la O-glicosilación de las proteínas de la matriz extracelular (MEC) es importante para la secreción y, por tanto, influencia la composición de la MEC y afecta la adhesión, el crecimiento celular y la organogénesis en general. La pérdida de la

pgant3 de *Drosophila* interrumpe el desarrollo de las alas debido a un defecto en la secreción de la proteína de la MEC y ligando de integrina *Tiggrin*¹⁶³. De forma similar, los ratones deficientes en *Galnt1* sufren defectos en el crecimiento en las glándulas submandibulares (GSMs)¹⁶⁴ y el corazón¹⁶⁵ debido a la secreción defectuosa de las proteínas de la MEC y a una composición alterada de la misma. La O-glicosilación de proteínas de membrana específicas de tejido también impacta en el desarrollo de los órganos. Por ejemplo, los cambios en O-glicanos específicos sobre la podocalixina y la podoplanina afectan la formación de los riñones¹⁶⁶ y el desarrollo endotelial¹⁶⁷, respectivamente. La O-glicosilación también controla la secreción directamente al afectar los reguladores de la vía secretoria. Tango1, una molécula principal en la formación del cargamento secretorio, debe estar O-glicosilada para protegerse de la proteólisis mediada por furina¹⁶⁸.

El procesamiento por las convertasas de proproteínas (CP) es una modificación post-traducciona y un paso fundamental en la maduración proteica donde la proteólisis activa, o en algunos casos inactiva, muchas proteínas de diferentes clases, como por ejemplo hormonas, factores de crecimiento, citoquinas, proteasas y receptores¹⁶⁹. Se cree que una fracción sustancial de las 3500 proteínas secretadas de mamífero sufren maduración mediada por CP y se han descrito varios mecanismos co-regulatorios del procesamiento incluyendo la activación dependiente de pH¹⁷⁰, la topología de membrana¹⁷¹ e inhibidores proteicos o peptídicos endógenos^{172,173}. La O-glicosilación específica de sitio es un mecanismo co-regulatorio del procesamiento por las CP (efecto protector) y aproximadamente 700 proteínas pueden ser reguladas por ambos⁵. Este mecanismo es complejo y diferencialmente regulado por el gran número de isoformas de GalNAc-Ts que determinan directamente los sitios a los que se va a unir la GalNAc⁵.

Un ejemplo claro involucra el procesamiento del factor de crecimiento fibroblástico 23 (FGF23) cuyos defectos han sido asociados al desorden metabólico calcinosis tumoral familiar (FTC; OMIM 211900). FGF23 es una hormona peptídica circulante que

disminuye la reabsorción de fosfato en los riñones^{174,175} y se procesa en la célula por una CP tipo subtilisina en el sitio de procesamiento de la furina RHTR↓SA^{181 176–178}. En base a estudios de ligamiento se encontró que la GalNAc-T3 glicosila al FGF23 en la Thr¹⁷⁸ y eso bloquea el procesamiento por CP e induce la secreción del FGF23 intacto¹⁷⁹. La pérdida de la GalNAc-T3 lleva a un incremento en la secreción de la región C-terminal clivada del FGF23 lo que inhibe la señalización y la reabsorción renal de fosfato¹⁸⁰. De forma similar, en el metabolismo lipídico, los niveles elevados en el suero de triglicéridos y de colesterol de lipoproteína de alta densidad (HDL-C) están asociados con la pérdida de la GalNAc-T2, según estudios de asociación del genoma completo y con modelos animales^{181–183}. La GalNAc-T2 glicosila la Thr²²⁶ próxima al sitio de procesamiento de furina de la proteína tipo angiopoyetina tipo 3 (ANGPTL3) (RAPR↓TT²²⁶), lo que inhibe el procesamiento y permite la secreción de la ANGPTL3 entera¹⁴². El clivaje N-terminal de la ANGPTL3 inhibe la lipasa endotelial, la lipasa lipoproteica y la lipasa hepática de triacilglicerol¹⁴².

El mecanismo por el cual un O-glicano específico de sitio modula el procesamiento por CP ha sido recientemente explorado. El modelado *in silico* reveló que una O-GalNAc hidrofílica sola posicionada ± 3 residuos del sitio de clivaje de furina es suficiente para bloquear el procesamiento¹³¹ y esto parece ser más específico para las proteasas tipo furinas. Esto ha sido validado con estudios de clivaje *in vitro* de los sustratos glicoproteicos¹⁸⁴. Estos estudios por tanto demuestran que la función biológica y la actividad de las O-glicoproteínas dependen de un balance delicado entre estos dos procesos.

La O-glicosilación específica de sitio también cumple funciones más generales en otros eventos de procesamiento por proteasas, especialmente brindando estabilidad proteolítica a diferentes proteínas cuyas funciones están reguladas por el clivaje proteolítico^{185–193} (Figura 8). Los O-glicanos protegen a las proteínas de membrana y secretadas como el receptor de la lipoproteína de baja densidad (LDLR) del clivaje proteolítico extracelular, afectando su estabilidad. El LDLR es un receptor de la

superficie celular asociado a membrana que es crucial para la homeostasis del colesterol plasmático. La O-glicosilación en la región yuxtamembranaria del LDLR (y de varios miembros de su familia como el VLDLR, LRP1 y ApoER2) es importante para la estabilidad en la superficie celular del receptor, protegiéndolo del clivaje proteolítico por la secretasa y la subsiguiente liberación del ectodominio¹⁸⁵⁻¹⁸⁷. La ausencia de O-glicosilación en el LDLR consecuentemente altera la captación celular de LDL¹⁸⁵. Recientemente se descubrió que el LDLR también está O-glicosilado en las regiones *linker* entre los repetidos de clase A en el dominio de unión al ligando¹⁹⁴. Es probable que la glicosilación de estas regiones afecte la función del LDLR, aunque actualmente no sabemos cómo.

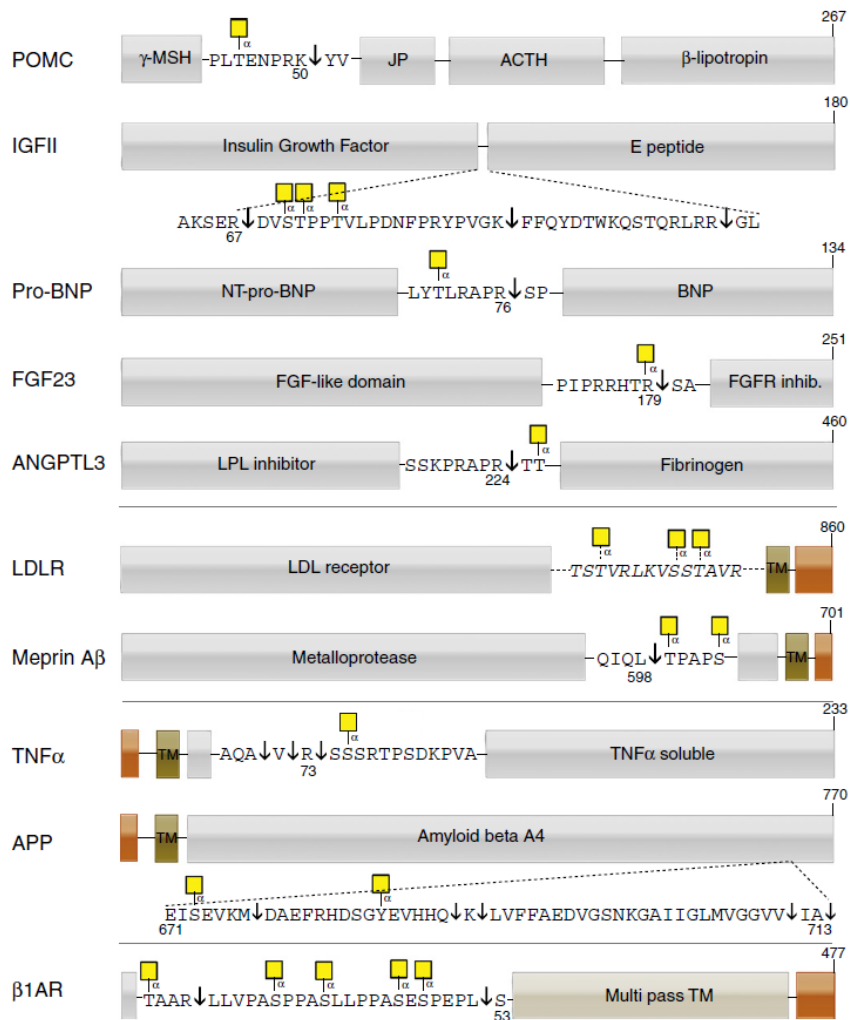


Figura 8- Ejemplos donde la O-glicosilación regula el procesamiento de proteínas secretadas. Representación esquemática de proteínas secretadas y transmembrana donde la O-glicosilación y el procesamiento proteolítico afectan su función. Los dominios citosólicos están representados en naranja y los dominios extracelulares en gris. Los cuadrados amarillos

indican las posiciones de los O-glicanos y las flechas indican el sitio de clivaje. La representación ilustra como los sitios de O-glicosilación y de clivaje están localizados entre los dominios de las proteínas secretadas y cerca del dominio transmembrana (TM) en las proteínas transmembrana. Se representan diferentes tipos de proteínas transmembrana; tipo I (LDLR y *meprin* A β), tipo II (TNF- α y la proteína precursora amiloidea (APP)) y multipaso 7TM (receptor adrenérgico beta 1 (β 1AR)). Las secuencias en itálica y las líneas punteadas indican que las posiciones exactas de los O-glicanos y del clivaje no se conocen. Extraído de ⁵.

Además de las proteínas mencionadas anteriormente, el repertorio de O-glicoproteínas identificadas se ha expandido exponencialmente en los años recientes, principalmente debido al desarrollo de la tecnología de las *Simple Cells* (SC)⁹. Las SC son *knockouts* del gen *COSMC* y por tanto poseen una C1GalT1 inactiva, lo que resulta en que todos los O-glicanos sean Tn o sTn. Esto reduce enormemente la heterogeneidad de los O-glicanos, lo que permite que puedan ser enriquecidos utilizando lectinas y facilita la identificación de glicositos en las O-glicoproteínas por espectrometría de masa.

Junto con la función general que tienen los O-glicanos en bloquear la proteólisis proteica^{5,195}, la información disponible sugiere que aún hay una cantidad de funciones biológicas moduladas por ellos que permanecen desconocidas. Hay que resaltar que muchas O-glicoproteínas son pertenecientes a la MEC (fibronectina, colágeno, etc.) y otras son de superficie (como los receptores GPCRs LDLR, VLDLR, LRP1, LRP1B, LRP2, LRP8 y proteínas de adhesión CD44, cadherinas, integrinas, etc.). Ya que muchas de estas proteínas están asociadas con el cáncer, no sería sorprendente encontrar que la O-glicosilación está directamente involucrada en los mecanismos moleculares asociados con la progresión tumoral.

5. Glicosilación y cáncer

5.1. Alteraciones de la glicosilación en el cáncer

La glicosilación puede actuar como mecanismo regulatorio clave de diversos mecanismos fisiopatológicos. La glicosilación alterada fue inicialmente descrita hace más de 60 años y desde entonces ha sido reconocida como una de las características universales de la transformación oncogénica^{2,196,197}. El proceso de glicosilación es una característica que está asociada con la adquisición de todas las capacidades universales del cáncer (Figura 9) y a la inversa, la composición de glicanos de las células tumorales puede ser influenciada por dichas características¹⁹⁸. Se han observado varios cambios en los glicanos de las células tumorales comparado con las células normales correspondientes incluyendo la menor o mayor expresión de estructuras glucídicas específicas, la expresión de estructuras glucídicas nuevas o incompletas/truncadas o mayores niveles de estructuras precursoras¹⁹⁹. Los glicanos participan en la señalización y la disociación de las células tumorales, la invasión, las interacciones célula-matriz, la angiogénesis, la metástasis y la modulación inmune. Solo unos pocos glicanos están asociados con la transformación y la progresión maligna. Dado que la selección clonal de las células más adaptadas a partir de una población genéticamente heterogénea es un aspecto clave en la progresión tumoral, esto sugiere que los glicanos específicos del cáncer son seleccionados y probablemente promuevan la supervivencia de la célula tumoral¹⁹⁹.

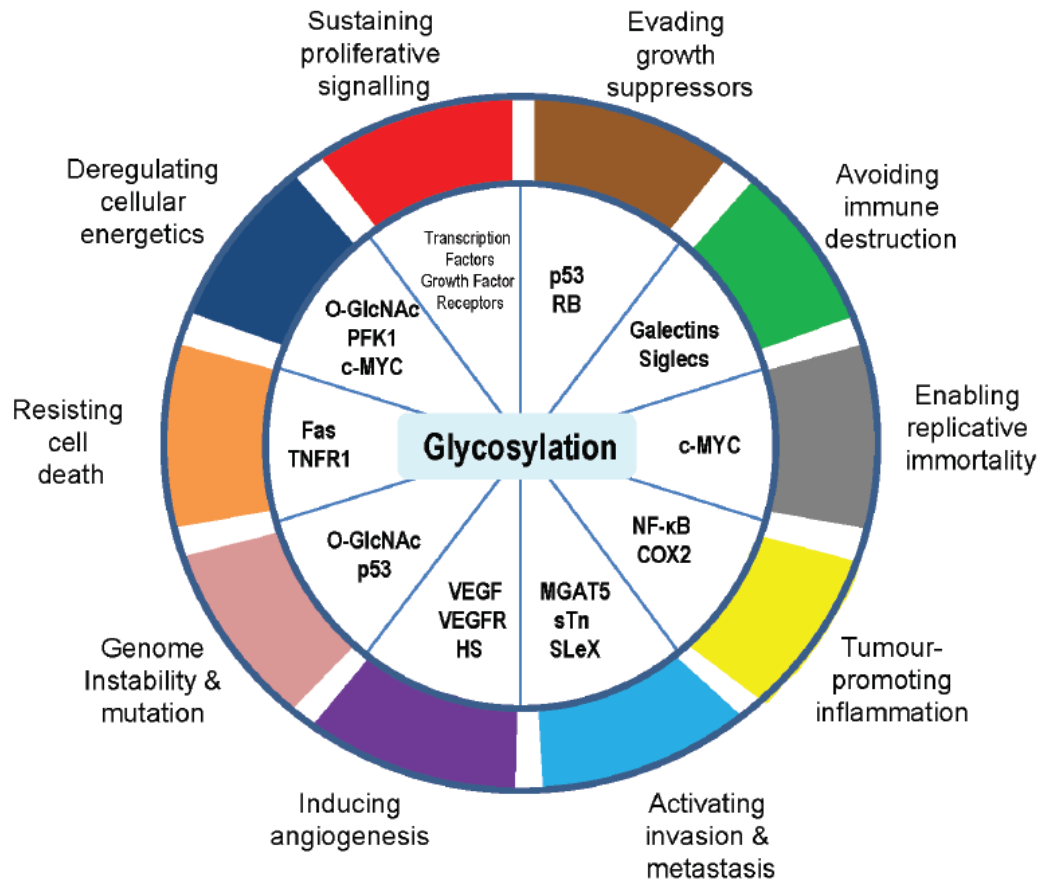


Figura 9- La glicosilación es una característica que está asociada con la adquisición de las capacidades universales del cáncer. Extraído de ¹⁹⁸.

Dos mecanismos principales subyacentes a las alteraciones de las estructuras glucídicas asociadas a los tumores fueron inicialmente postulados por Hakomori y Kannagi, y se denominaron proceso de síntesis incompleta y proceso de neo-síntesis²⁰⁰. El proceso de síntesis incompleta, que ocurre generalmente en los estadios tempranos del cáncer, es consecuencia de la incapacidad de realizar la síntesis normal de los glicanos complejos que se expresan en las células epiteliales normales, lo que lleva a la biosíntesis de estructuras truncadas, como por ejemplo la expresión de sTn en el cáncer gastrointestinal y de mama^{201,202}. Contrariamente, la neo-síntesis, se observa comúnmente en los estadios avanzados del cáncer y consiste en la expresión asociada al cáncer de ciertos genes involucrados en la síntesis de determinantes carbohidratos, como por ejemplo la expresión *de novo* de ciertos antígenos (como SLe^a y SLe^x) en muchos tipos de cáncer²⁰³.

En general, ocurre un cambio en las vías de glicosilación normales en las células tumorales, lo que lleva a la expresión alterada de glicanos debido a uno o varios factores (principalmente la desregulación genética y epigenética de glicogenes y al microambiente tumoral). Primero, la expresión alterada de glicanos puede atribuirse a la menor o mayor expresión de glicosiltransferasas (debido a la desregulación a nivel transcripcional²⁰³⁻²⁰⁶, a la desregulación de la función de chaperonas^{61,207} y/o a la alteración de la actividad glicosidasa²⁰⁸). Segundo, la expresión alterada de glicanos puede deberse a cambios en la conformación terciaria de los esqueletos peptídicos y de la cadena de glicano naciente¹⁹⁹. Tercero, las diferencias pueden surgir de la variabilidad de diversos sustratos aceptores así como también de la disponibilidad y abundancia de los azúcares nucleótido dadores y cofactores²⁰⁹. Finalmente, los cambios en la expresión de los glicanos pueden deberse a una alteración en la expresión y la localización de las glicosiltransferasas relevantes en el aparato de Golgi^{127,210}.

Los cambios más comunes en la glicosilación asociados al cáncer son la sialilación, la fucosilación, la O-glicosilación truncada y la ramificación de los N- y O-glicanos²¹¹⁻²¹³ (Figura 10).

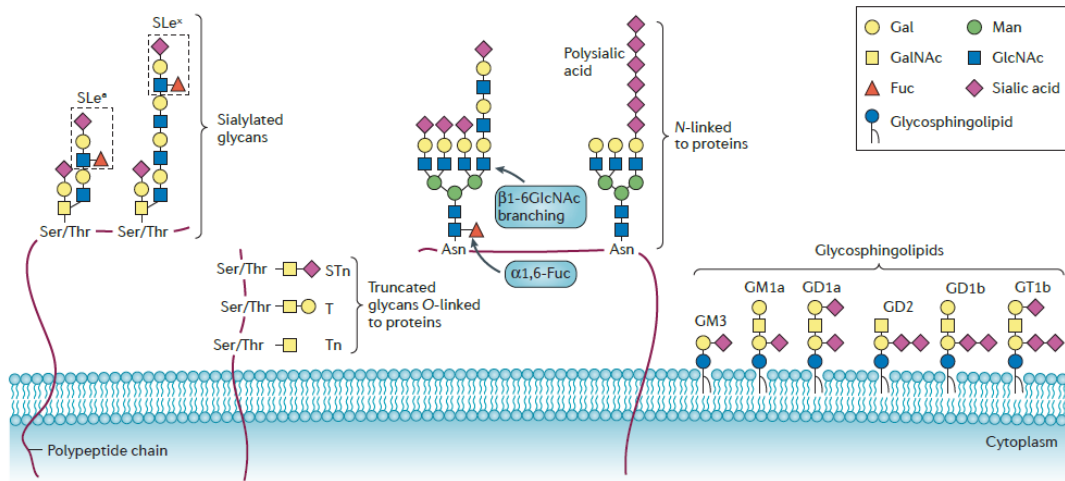


Figura 10- Principales glicanos asociados a tumor. Las células tumorales comúnmente expresan glicanos con diferentes estructuras y niveles de expresión comparado con las células normales correspondientes. Estos glicanos específicos de tumor son considerados una característica universal de las células tumorales. Uno de los cambios más comunes asociados al cáncer que ocurre en la glicosilación es un incremento en la sialilación general^{203,211}. La glicosilación aberrante en el cáncer frecuentemente involucra un incremento en los antígenos SLe^x y SLe^a²¹⁴, así como también un incremento en las estructuras α2,6-sialiladas terminales, tanto en O-glicanos truncados (como sTn^{56,201,215}) como en N-glicanos²¹⁶ y un incremento en el polímero unido por enlace α2,8 conocido como ácido polisialico²¹⁷. Además, ciertos glicosfingolípidos que contienen ácido siálico y que se conocen como gangliósidos (incluyendo monosialogangliósidos, como GM3 y GM1a, disialogangliósidos, como GD1a, GD2 y GD1b y trisialogangliósidos como GT1b) han sido asociados con la malignidad²¹⁸. Otro cambio en la glicosilación asociado con el cáncer que ocurre muy a menudo es un incremento en las estructuras ramificadas β1,6-N-acetilglucosamina (β1,6GlcNAc) en los N-glicanos, causado por una mayor actividad de la N-acetilglucosaminiltransferasa V (GnT-V)²¹⁹. La sobre-expresión de *cores* fucosilados (la adición de α1,6-fucosa (α1,6-Fuc) a la GlcNAc más interna de los N-glicanos) por la fucosiltransferasa VIII (Fuc-TVIII) también es considerada un evento importante en el desarrollo y progresión tumoral²²⁰. Extraído de ¹⁹⁹.

5.2. O-glicosilación alterada en el cáncer

Dado que la síntesis de O-glicanos es controlada por la disponibilidad de sustratos y enzimas en los compartimentos subcelulares, sin ningún tipo de mecanismo corrector como los que presentan la N-glicosilación y el plegamiento de las proteínas, es esperable que O-glicanos aberrantes sean usualmente encontrados asociados al cáncer. La O-glicosilación alterada es una característica universal de las células tumorales, pero solo cambios específicos en los O-glicanos son frecuentemente asociados a los tumores. Estas formas atípicas de los glicanos pueden deberse a una glicosilación incompleta que resulta en estructuras truncadas (Tn, sTn, T, sialil-T) o a la extensión aberrante de las cadenas de glicanos (SLe^x, SLe^a)^{211,221,222}. Los cambios en la O-glicosilación de la superficie celular se ha visto que están relacionados con la carcinogénesis y la metástasis^{13,57,223-225}

5.2.1. O-glicanos truncados

Una característica común de los tumores es la sobre-expresión de O-glicanos truncados, como el antígeno T, el antígeno Tn y sus formas sialiladas (sT y sTn, respectivamente)²²⁶. Se observan O-glicanos truncados en virtualmente todas las células tumorales epiteliales y en muchas lesiones pre-malignas epiteliales tempranas que preceden al desarrollo de los adenocarcinomas²²⁷⁻²³⁰. La expresión de O-glicanos truncados se correlaciona generalmente con un peor pronóstico y con una menor supervivencia global²³¹ y sirven como blancos para inmunoterapias^{57,232}.

Se ha propuesto que la expresión de O-glicanos inmaduros truncados como Tn y sTn en el cáncer se debe a diferentes mecanismos. Tn es normalmente extendido por la T-sintasa o la C3GnT para formar las estructuras *core* 1 o *core* 3, respectivamente. Se ha reportado la pérdida de la actividad T-sintasa y C3GnT en células y tejidos

tumorales^{59,233-235}. Los defectos en *Cosmc*, la chaperona molecular requerida para el plegamiento correcto de la T-sintasa, resultan en la pérdida de la actividad enzimática. Como *COSMC* está ligado al cromosoma X, su pérdida en el cáncer puede generarse más fácilmente a través de mutaciones génicas, deleciones cromosómicas y silenciamiento epigenético^{59,60,207,233,236}. Estos cambios se observaron en algunos especímenes de muestras tumorales cervicales, de cáncer colon y de páncreas y en líneas celulares derivadas de leucemia y melanoma^{233,237,238}.

Los altos niveles de Tn observados en el cáncer probablemente son debidos también a la activación de GALA²³⁹. Con GALA, la mayoría del Tn se espera que este en el RE (sobre las proteínas residentes del RE) con una pequeña cantidad en el Golgi y en la superficie celular (muchos de los residuos de GalNAc probablemente serán elongados a medida que la proteína es transportada a través del aparato de Golgi), mientras que la pérdida de la T-sintasa lleva a que Tn este principalmente en el Golgi y en la superficie celular. GALA también afecta el patrón de glicositos (el glicoproteoma) y puede también afectar la distribución de los glicanos extendidos. Por el contrario, la pérdida de la actividad C1GALT1 no afecta los glicositos pero induce una reducción drástica en los glicanos extendidos. En tumores sólidos humanos a menudo se observan O-glicanos extendidos, como los antígenos tipo Lewis. El patrón intracelular apoya fuertemente la acumulación de Tn en el RE. Por tanto, GALA es el mecanismo más probable que conduce a la expresión alta de Tn en los tumores sólidos humanos.

sTn a menudo se co-expresa con Tn y, por tanto, los mecanismos que resultan en la expresión de Tn probablemente también se aplican a sTn, incluyendo la alteración de *Cosmc*/T-sintasa, los defectos en C3GnT y las alteraciones en la estructura del Golgi y en la dinámica de las glicosiltransferasas, como se discutió previamente. Se han propuesto mecanismos independientes de Tn para la expresión de sTn, incluyendo el aumento en la expresión de la ST6GalNAc-I y su localización aberrante a través de todo el aparato de Golgi^{201,215,240} y la desesterificación de acetil-sTn para formar sTn^{221,241}.

También se ha sugerido que la relocalización de las GalNAc-Ts al trans-Golgi, las alteraciones en las proteínas requeridas para la retención de las glicosiltransferasas y las alteraciones en el pH del Golgi pueden resultar en la expresión de Tn y sTn^{210,242-244}.

La expresión del antígeno T puede ocurrir por una variedad de mecanismos. En algunos tumores de colon aumenta la expresión de los transportadores de UDP-Gal, lo que resulta en una mayor expresión del antígeno T, así como también de SLe^{a/x}, en las células tumorales²⁰⁹. Se ha propuesto que la reducción en la actividad sulfotransferasa en los tumores de colon resulta en la conversión del sulfo-T endógeno en el colon a antígeno T²⁴⁵. La alteración en el pH del Golgi incrementa la expresión del antígeno T en líneas celulares, presumiblemente debido a cambios en la estructura del Golgi y en la localización de las glicosiltransferasas²¹⁰. En cáncer de mama, la disminución en la C2GnT resulta en un cambio de estructuras *core 2* a estructuras *core 1*, lo que junto con otros mecanismos puede incrementar la expresión del antígeno T²⁴⁶.

5.2.2. Funciones de la O-glicosilación en la carcinogénesis

Probablemente existen múltiples vías por las cuales los O-glicanos pueden regular la formación tumoral, la invasión celular y la progresión del cáncer (Figura 11). De hecho, los O-glicanos han sido implicados en numerosos mecanismos moleculares que pueden cumplir funciones centrales en la carcinogénesis. Aunque existen muchas evidencias de que realmente cumplen esas funciones, lo que falta en la mayoría de los casos es una definición clara de las proteínas que portan esos O-glicanos y especialmente el entendimiento de los mecanismos que regulan dicha glicosilación.

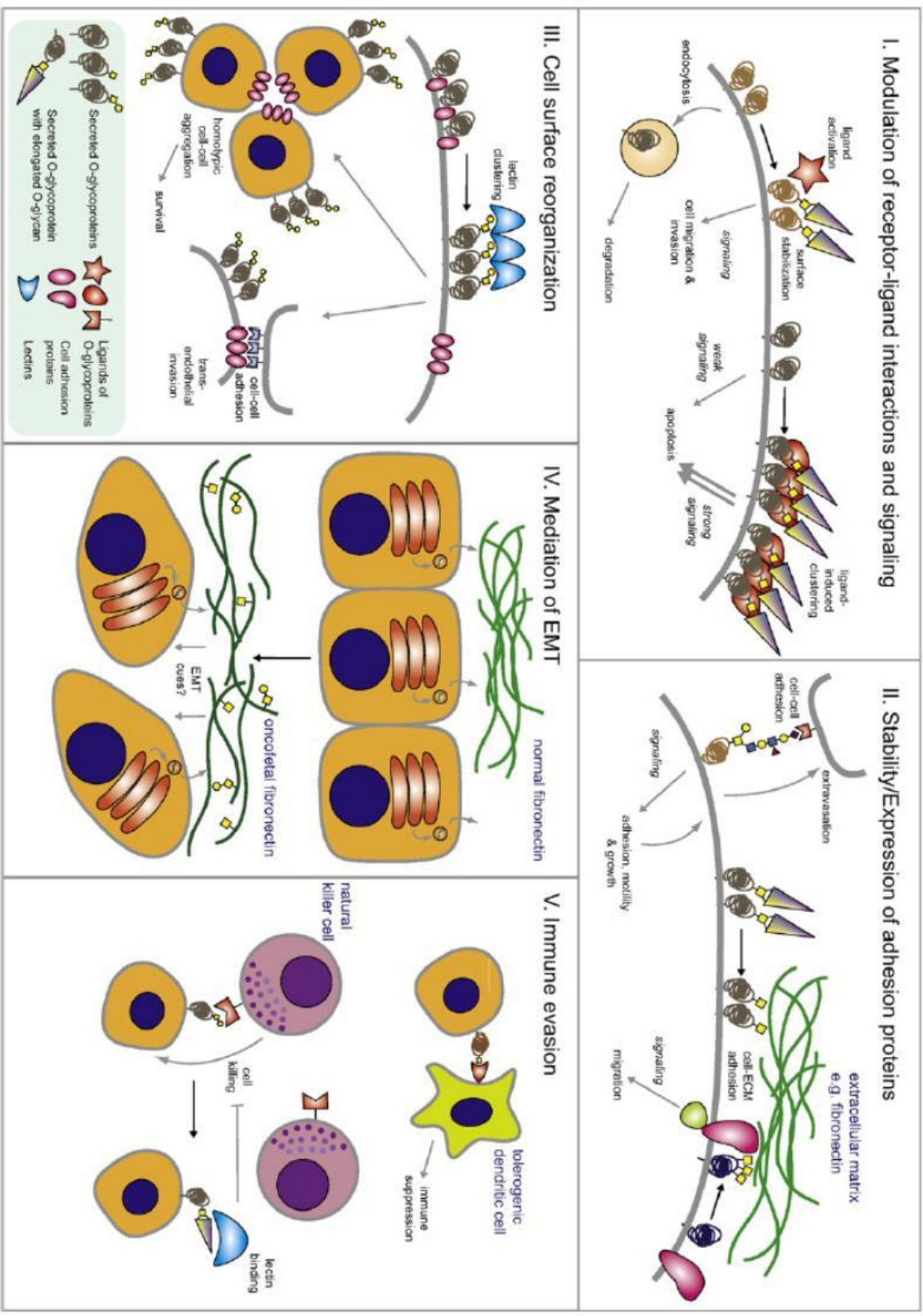


Figura 11- Funciones que cumplen los O-glicanos en la invasión de las células tumorales. Las flechas negras indican un cambio en la O-glicosilación. Las flechas grises indican vías de señalización u otro tipo de proceso celular. I) Los O-glicanos pueden estabilizar la expresión de un receptor sobre la superficie celular al reducir su endocitosis o al promover el agrupamiento inducido por el ligando, lo que posibilita, en ambos casos, una mayor señalización. II) O-glicanos específicos presentes sobre proteínas de adhesión celular o de la MEC pueden regular la adhesión célula-célula o célula-MEC al influenciar directamente las interacciones de la O-glicoproteína, así como también modular las vías de señalización relacionadas. III) Los O-glicanos pueden posibilitar la reorganización de las O-glicoproteínas de la superficie celular para exponer otras proteínas esenciales para la adhesión célula-célula. IV) Los O-glicanos pueden modular la transición epitelial-mesenquimal (TEM) al modificar la glicosilación de las proteínas de la MEC. V) Los O-glicanos pueden generar una supresión inmunológica al unirse a células dendríticas tolerogénicas o modular la muerte celular mediada por las células NK por unión competitiva a las lectinas. Extraído de ²³.

Se ha mostrado que varios O-glicanos sobre diferentes proteínas poseen efectos marcados sobre la adhesión célula-célula y célula-MEC. Por ejemplo, la expresión de sTn disminuye la adhesión celular e incrementa el potencial metastásico de las células de cáncer de mama T-47D²⁴⁷. Los O-glicanos también influyen en la estabilidad y los niveles de expresión de las proteínas adhesivas de la superficie celular y de la MEC como las integrinas y metaloproteinasas de matriz (MPMs) o fibronectina y colágeno, respectivamente²⁴⁸. Estos efectos probablemente modulan la invasividad al afectar las interacciones celulares con el microambiente. La sialilación de las integrinas regula su adhesión a la proteína de la MEC fibronectina²⁴⁹ y una mayor sialilación inhibe la adhesión^{250,251}, lo que facilita la diseminación y la metastasis²⁵². Los O-glicanos pueden ser ligandos de miembros de la familia de unión a β -galactósidos galectinas, que se pueden unir a las glicoproteínas de la superficie celular a través de sus dominios de reconocimiento de carbohidratos. Esta unión puede agrupar y polarizar a moléculas como MUC1 en la superficie celular, permitiendo la exposición de proteínas de adhesión más pequeñas como CD44 y ligandos de la E-selectina, promoviendo así la adhesión celular y la invasión transendotelial²⁵³. Por tanto, los O-glicanos pueden afectar la fisiología celular favoreciendo la unión a las galectinas²⁵⁴. Se ha propuesto

que la O-glicosilación es importante en el proceso de transición epitelial-mesenquimal (TEM)^{138,255}. La TEM involucra una disminución en la expresión de los marcadores epiteliales y un incremento de los marcadores mesenquimales, lo que lleva a cambios en la morfología celular y a un incremento en la movilidad celular. Se encontró que el tratamiento de líneas celulares epiteliales de próstata con TGF- β , un conocido inductor de TEM, induce un aumento en la expresión de la fibronectina oncofetal que presenta una treonina específica glicosilada con O-GalNAc en el dominio IIICS, junto con típicas características de TEM. El aumento en la expresión de la fibronectina oncofetal inducida por TGF- β y el proceso de TEM fueron ambos inhibidos por el silenciamiento de la *GALNT6* y *GALNT3*¹³⁸. En un estudio diferente, la sobreexpresión de *GALNT6* en una línea celular epitelial mamaria no tumoral estabilizó la fibronectina por un aumento en su O-glicosilación, lo que generó fenotipos asociados a TEM, incluyendo cambios morfológicos con morfogénesis acinar alterada y cambios en la cadherina (se deja de expresar E-cadherina y se expresa N-cadherina)²⁵⁵.

Los O-glicanos pueden regular la proliferación y la muerte celular. La expresión de GalNAc-Ts puede afectar la endocitosis del EGFR y subsiguientemente su señalización posterior y su degradación, lo que tiene consecuencias en la migración y la invasión celular²⁵⁶. La O-glicosilación específica de sitio sobre los ligandos secretados como el factor de crecimiento insulínico tipo 2 (IGF-II) afecta su procesamiento por la CP y por tanto su secreción, modulando así su capacidad de afectar el crecimiento²⁵⁷⁻²⁵⁹. Los O-glicanos pueden influenciar el número celular a través de la modulación de los receptores de muerte. La O-glicosilación de los receptores de muerte pro-apoptóticos DR4 y DR5 en las células tumorales es crítica para promover su agrupamiento inducido por TRAIL, lo que lleva a la activación de la caspasa-8 que inicia la apoptosis²⁶⁰.

Las interacciones O-glicano-lectina pueden cumplir funciones importantes en la evasión de la vigilancia inmune por la célula tumoral. MUC1 modificada con Tn en las células de carcinoma de colon, pero no MUC1 en las células epiteliales normales, se une a la lectina de galactosa de macrófagos (MGL) sobre las células presentadoras

mieloides como los macrófagos y las células dendríticas (CDs)²⁶¹. La unión desencadena la internalización de la proteína y la subsiguiente presentación del ligando Tn-MUC1 sobre el complejo mayor de histocompatibilidad de clase II (MHCII) en la superficie celular, lo que dispara ya sea una respuesta inmune y consiguiente muerte celular o tolerancia inmunológica vía la inhibición de la respuesta inmune. Interesantemente, la MGL es preferencialmente expresada sobre las CDs tolerogénicas²⁶² y CDs positivas para MGL se detectaron en carcinomas de colon²⁶¹ cuya tendencia a expresar Tn se correlaciona con un peor pronóstico. Esto sugiere que la unión de Tn a la MGL en estas CDs promueve la progresión tumoral a través de la supresión inmunológica.

6. GalNAc-Ts y cáncer

Las células tumorales a menudo exhiben una O-glicosilación aberrante típicamente con O-glicanos truncados pero el repertorio de GalNAc-Ts también se encuentra alterado en dichas células. Las GalNAc-Ts se han asociado con diferentes tipos de cáncer humanos. No se encuentran comúnmente mutaciones en las glicosiltransferasas en las células tumorales, pero un estudio encontró que la *GALNT12* es un blanco mutacional en el cáncer de colon, con dos mutaciones somáticas y seis germinales inactivantes identificadas²⁶³. Más frecuentemente se ha descrito una desregulación en la expresión de las GalNAc-Ts en muchos tipos diferentes de cáncer, con diferente tendencia dependiendo del contexto tisular y de la isoforma de GalNAc-T^{256,264-277}. La modulación de la expresión de las GalNAc-Ts puede afectar el repertorio de glicositos junto con la activación de GALA²³⁹.

Las funciones de la O-glicosilación específica de sitio en la biología del cáncer permanecen virtualmente inexploradas. Solo unos pocos estudios han estudiado las consecuencias funcionales de los cambios en el repertorio de GalNAc-Ts, pero queda claro por las funciones ya conocidas de la O-glicosilación específica de sitio⁵ que dichos

cambios pueden tener implicancias profundas en el fenotipo de la célula tumoral. Por tanto, es probable que los cambios en el repertorio de GalNAc-Ts sean directamente requeridos por las células tumorales para sus propiedades de crecimiento, invasivas y metastásicas, ya que dichas propiedades son reguladas, al menos en parte, por proteínas que sufren proteólisis limitada regulada.

6.1. Subfamilia Ic

En la clasificación propuesta por Bennett et al.⁵⁸, las isoformas estructuralmente idénticas GalNAc-T3 y GalNAc-T6 han sido agrupadas en la subfamilia Ic. A pesar de tener especificidades de sustrato similares como se ha visto por análisis *in vitro*, las dos isoformas poseen marcadas diferencias en cuanto a los patrones de expresión en diferentes células y tejidos¹¹⁴, lo que sugiere que cumplen funciones diferentes en diferentes tipos celulares. La GalNAc-T3 es ampliamente expresada mientras que se ha observado una alta expresión de la GalNAc-T6 en muchos tipos de cáncer^{269,271,277-279} pero casi no es detectable en los tejidos humanos normales²⁷⁰. Numerosos estudios basados en diferentes aproximaciones experimentales han sugerido una correlación entre la expresión de la GalNAc-T6 y -T3 con la diferenciación tumoral¹¹⁹. Sin embargo, la expresión de la GalNAc-T6 se ha sugerido como factor pronóstico mientras que la de la GalNAc-T3 no^{277,278}. Por ejemplo, se ha encontrado que la GalNAc-T6 actúa como marcador pronóstico independiente en el cáncer de páncreas, aunque tanto la GalNAc-T6 como la -T3 se co-expresan en un conjunto de casos de cáncer pancreático²⁷⁷.

La mayoría de los estudios sobre la GalNAc-T6 han mostrado su función esencial en el cáncer de mama^{255,278,280,281}. Durante la carcinogénesis de mama humana, se considera que la alta expresión de GalNAc-T6 en el carcinoma ductal *in situ* (CDIS) es un evento temprano que conlleva a la O-glicosilación aberrante de las mucinas. Además, la expresión selectiva de la GalNAc-T6 en células mioepiteliales en algunas pacientes con cáncer de mama se asoció con la angiogénesis y la invasividad²⁷⁸. La sobrevida libre de

enfermedad es más larga en las pacientes con cáncer de mama que mostraron una expresión negativa de la GalNAc-T6 en aspirados de la médula ósea en el momento de la cirugía²⁸⁰. Se ha reportado que la GalNAc-T6 estabiliza MUC1 a través de la O-glicosilación y MUC1 acumulada promueve la proliferación de las células de cáncer de mama e induce efectos anti-adhesivos²⁷⁰. Se encontró que los niveles de GalNAc-T6 son significativamente más elevados en las células de cáncer de mama comparados con las células mamarias normales o benignas²⁸¹. Además, la fibronectina, un sustrato importante *in vivo* de GalNAc-T3/T6, es estabilizada por la O-glicosilación inducida por la GalNAc-T6 y no sufre degradación por endocitosis. Como mencionamos anteriormente, al O-glicosilar a la fibronectina, la GalNAc-T6 muestra un potencial transformacional al generar una morfogénesis acinar disruptiva y cambios celulares similares a la TEM en las células epiteliales mamarias normales²⁵⁵. La O-glicosilación de la fibronectina mediada por la GalNAc-T6 también ha sido reportada en el proceso de TEM inducido por TGF- β en células de próstata humanas¹³⁸.

6.2. Subfamilia Ia

El primer experimento de *knock-out* de una GalNAc-T (GalNAc-T1) no reveló ningún cambio fenotípico aparente en los ratones homocigotos deficientes²⁸². Sin embargo, actualmente se conoce que el gen que se inactivó no fue el de la *GALNT1* sino un homólogo cercano con gran similitud de secuencia⁷⁹. El gen inactivado fue *GALNT13*.

La GalNAc-T13 humana fue previamente clonada y funcionalmente caracterizada por el grupo de Narimatsu²⁸³. Es una isoforma con un patrón de expresión restringido al sistema nervioso²⁸³. En los tejidos del sistema nervioso, la GalNAc-T13 se limita a las neuronas, siendo indetectable en las células gliales. Recientemente se demostró que la GalNAc-T13 contribuye a la diferenciación neuronal a través de la glicosilación y estabilización de la podoplanina²⁸⁴.

Tanto la GalNAc-T1 como la GalNAc-T13 están agrupadas en la subfamilia la ya que son altamente homólogas y son consideradas parálogos cercanos, compartiendo un 84% de identidad de aminoácidos⁵⁸. Ambos genes están compuestos por 11 exones de similar tamaño. Sin embargo, difieren enormemente en los intrones (*GALNT13* es 10 veces más largo *GALNT1*). En cuanto a los niveles de expresión, es relevante destacar que los ARNms de la GalNAc-T13 en los tejidos nerviosos son 10 veces menos abundantes que los de la GalNAc-T1 ubicua²⁸³. Mediante análisis *in vitro* se ha observado que los parálogos cercanos de las GalNAc-Ts tienen esencialmente idénticas especificidades de sustratos peptídicos^{114,144}. Sin embargo, se ha reportado que la GalNAc-T13 difiere en las preferencias de sustrato peptídico con la GalNAc-T1, y en particular respecto a sustratos importantes como el sindecán y la podoplanina^{283,284}. Además, se ha enfatizado la capacidad especial que tiene la GalNAc-T13 de glicosilar varios residuos consecutivos en el mismo sustrato, generando grupos de Tn²⁸³.

6.2.1. Variantes de splicing de la GalNAc-T13

Otra característica interesante de la GalNAc-T13 es la existencia de variantes de *splicing* alternativas que pueden producir productos proteicos. Hemos reportado la existencia de 9 variantes de *splicing* diferentes de la GalNAc-T13^{285,286}, que fueron identificadas durante el clonado de la región codificante de esta enzima a partir de ADNc de diferentes líneas celulares (Figura 12). La forma más abundante (55% de los clones) con 11 exones fue previamente identificada²⁸³. El segundo ARNm más abundante (aproximadamente 10% de los clones) incorpora un nuevo exón entre el exón 10 y el 11 (denominado exón 10b y por tanto a la variante se la llamó GalNAc-T13 Ex10b) y también ha sido previamente identificada²⁸⁷. Este nuevo exón está evolutivamente conservado, al menos en mamíferos superiores como el perro (99%), chimpancé (100%), ratón (97%), rata (100%) y hámster (87%), pero no está presente en la *GALNT1* humana. El exón 10b posee un codón de terminación en su extremo 3', por lo tanto, el exón 11 no está incluido en la proteína final. Por consiguiente, esta variante codifica una enzima con un nuevo repetido y en el dominio lectina, ya que el exón 10b conserva los residuos de cisteína que forman los puentes disulfuro y el

motivo QXW presente en todos los subdominios de unión a carbohidratos (Figura 13). Además de la variante GalNAc-T13 Ex10b, se encontraron otros dos ARNm bien representados que también difieren en la secuencia que codifica para el dominio lectina. Uno carece del exón 9 completo (GalNAc-T13 ΔEx9) y el otro carece de los primeros 39 pb del mismo exón (GalNAc-T13 Δ39pbEx9). A la GalNAc-T13 ΔEx9 le falta todo el repetido α del dominio lectina. Adicionalmente, se identificaron ARNm de baja frecuencia que codifican para proteínas con importantes deleciones en el dominio catalítico, reflejando probablemente errores en la maquinaria de *splicing*, como ser las variantes que tienen codones de terminación prematuros, como la GalNAc-T13 ΔEx6 y la GalNAc-T13 ΔEx8, ambas carentes del dominio lectina en la proteína definitiva. Por el contrario, se identificó una variante de *splicing* que carece de los exones 6 y 8 (GalNAc-T13 ΔEx6/8) y que codifica para una enzima con un dominio lectina completo. También se encontró un ARNm que carece de todos los exones entre el 2 y el 7 (GalNAc-T13 ΔEx2-7), y que por tanto pierde el dominio catalítico completo en la proteína final. Este ARNm podría codificar para una nueva proteína tipo lectina. También existen otras dos variantes, GalNAc-T13 ΔEx6/39pbEx9 y GalNAc-T13 ΔEx6/8/39pbEx9. La primera codifica para la misma proteína que la variante ΔEx6 y la segunda codifica para la misma proteína que la variante ΔEx6/8 pero con diferente dominio lectina. El Dr. Felipe Trajtenberg ha hecho una caracterización preliminar de estas variantes en sus tesis de maestría²⁸⁶ pero resta completar el análisis funcional para determinar si poseen alguna relevancia biológica o si se trata de proteínas no funcionales.

Se han reportado recientemente dos variantes de *splicing* de la GalNAc-T13, una con un dominio catalítico incompleto e inactivo (GalNAc-T13-V2) y otra que es igual a nuestra variante GalNAc-T13 Ex10b (ellos la llamaron GalNAc-T13-V1) y que fue solo parcialmente caracterizada²⁸⁷. Hace poco tiempo se reportaron también 3 variantes de la GalNAc-T13, generadas por el uso diferencial de exones²⁸⁸. Ninguna de ellas se corresponde con las variantes reportadas por nuestro grupo y no se ha hecho una caracterización funcional de las mismas.

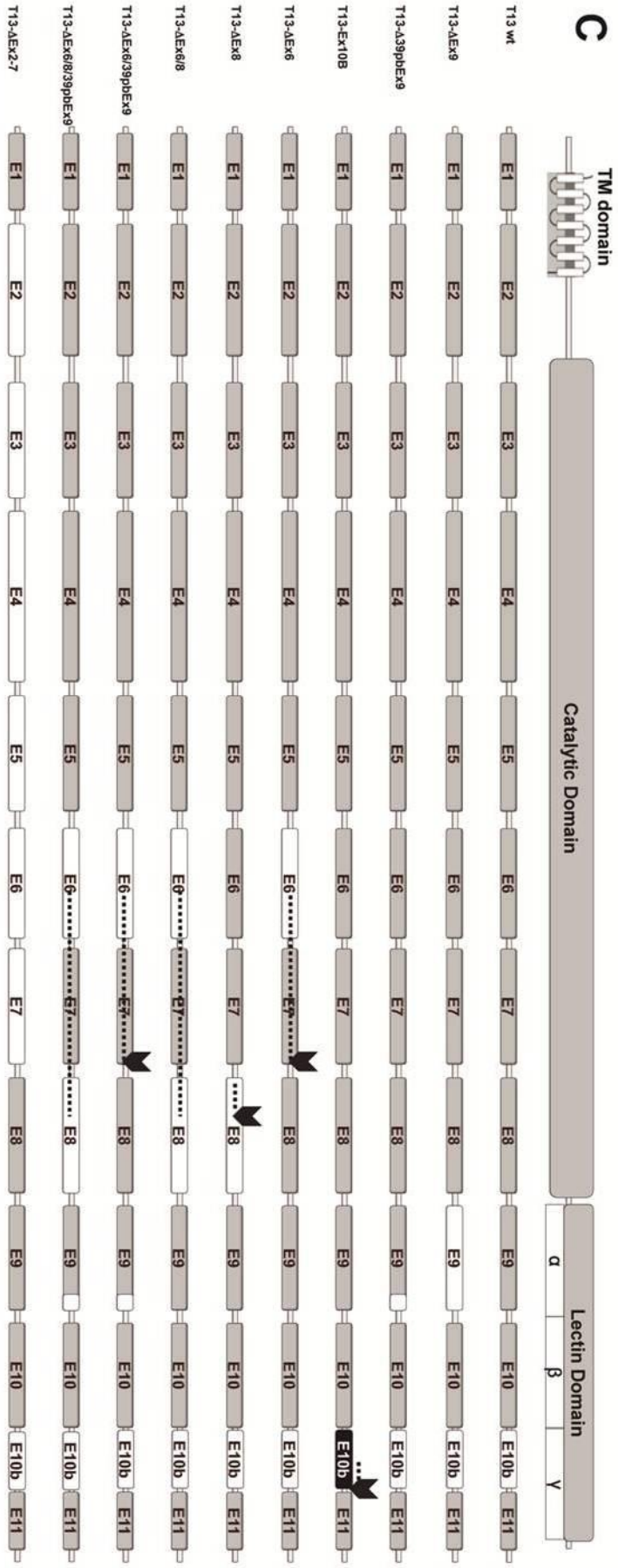


Figura 12- Variantes de *splicing* de la GalNAc-T13. Organización de exones de las variantes de *splicing* de la GalNAc-T13 recientemente identificadas en nuestro grupo. Se indican los dominios transmembrana (TM), catalítico y lectina de las GalNAc-Ts así como también los 3 subdominios α , β y γ del dominio lectina. Los exones omitidos se muestran en blanco, el exón 10b se muestra en negro y los codones de terminación se marcan con flechas. Las líneas punteadas indican las regiones donde la omisión exónica introduce un cambio en el marco de lectura, lo que resulta en diferentes secuencias de aminoácidos. Extraído de ²⁸⁵.

T 1	429:FSLGEIRNVETN QCL DNMARKENEKVGIFN CHGMGGN QVFS YTA	α
T13	428:YSLGEIRNVETN QCL DNMGRKENEKVGIFN CHGMGGN QVFS YTA	
T 1	473:NKEIRTDDL CL DVSKLNGPVTMLK CHHLKGNQL WEYDPV	β
T13	471:DKEIRTDDL CL DVSRNLNGPVIIMLK CHHMRGNQL WEYDAE	
T 1	512:KLTLQHVN S N QCL DKAT-EEDSQVPSIRD CNGSRS QQWLLRN VTLPEIF*	γ
T13	511:RLTLRHVN S N QCL DEPS-EEDKMVPTMQD CSGSRS QQWLLRN MTLGT*	
T13Ex10B	511: TH TL LHI I TOS CL SVNKVADGSOHPTVET CNDSTL OKWLLRN YTRME	
T13Ex10B	561: IFRNIFGNSTDI L*	

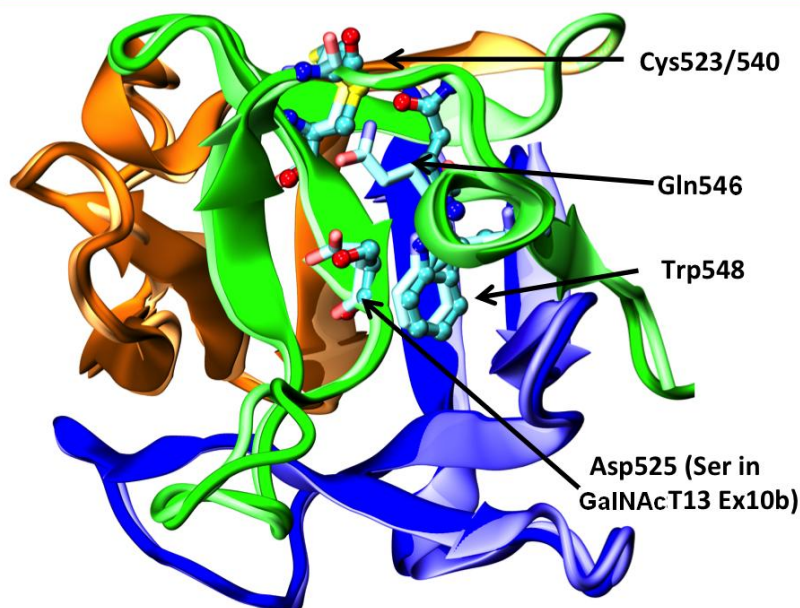


Figura 13- Modelo estructural de la GalNAc-T13 Ex10b. Arriba: alineamiento de secuencia entre la GalNAc-T1, la GalNAc-T13 y la GalNAc-T13 Ex10b en la región que comprende al dominio lectina. Cada panel coloreado representa desde arriba hacia abajo los 3 subdominios α , β y γ del dominio lectina. Los residuos idénticos en la familia de las GalNAc-Ts se muestran en rojo, mientras que los residuos altamente conservados se muestran en verde. Las letras en negrita indican regiones no estructuradas putativas de las proteínas. Los asteriscos indican los

extremos C-terminales de las proteínas. Nótese que el cambio en la secuencia introducido por el exón 10b coincide con el comienzo del subdominio γ . Abajo: superposición estructural de los dominios lectina de la GalNAc-T1 (colores pálidos) y un modelo homólogo de la GalNAc-T13 Ex10b (colores vívidos), mirando en dirección al sitio de unión a carbohidrato del subdominio γ del dominio lectina. El dibujo está coloreado de acuerdo a los subdominios y los residuos conservados se muestran como bastones para la GalNAc-T1 y bolas y bastones para la GalNAc-T13 Ex10b. Los números corresponden a los residuos de la GalNAc-T1. Extraído de ²⁸⁵.

6.2.2. La GalNAc-T13 en el cáncer

Al igual que la GalNAc-T6 en la subfamilia Ic, la isoforma más restringida (GalNAc-T13) en la subfamilia Ia también se ha asociado con la biología del cáncer²⁸⁸⁻²⁹¹. Utilizando microarrays para analizar la expresión génica en un modelo celular metastásico de neuroblastoma humano derivado de un xenotransplante (llamado IGR-N-91)²⁹², nuestro grupo encontró que *GALNT13* era el gen más expresado (12 veces más) en neuroblastos metastásicos malignos comparado con el tumor primario xenotransplantado²⁸⁹. Además, también encontramos que la expresión de *GALNT13* en la médula ósea está relacionada con un peor pronóstico clínico en los pacientes con neuroblastoma²⁸⁹. También es útil como marcador informativo para el diagnóstico molecular de la afectación de la médula ósea y para el seguimiento de la enfermedad residual mínima en pacientes con neuroblastoma²⁸⁹.

Por otra parte, *Galnt13* también fue identificado como un gen cuya expresión se ve aumentada en líneas celulares de cáncer de pulmón de ratón altamente metastásicas²⁹⁰. En este caso, la base molecular del comportamiento agresivo es que la GalNAc-T13 forma trímeros de Tn sobre sindecan-1 en el carcinoma de pulmón de Lewis en ratón²⁹¹. El sindecan-1 glicosilado con el trímero de Tn promueve la adhesión celular dependiente de integrina a la fibronectina lo que induce la fosforilación de FAK (quinasa de adhesión focal) y paxilina, facilitando así la migración celular. El sindecan-1 con el trímero de Tn también forma un complejo molecular con la integrina $\alpha 5\beta 1$ y con

MMP9 (metaloproteinasa de matriz 9) en microdominios enriquecidos en glicolípidos²⁹¹, lo que incrementa el potencial metastásico²⁹³. Recientemente, se demostró la alta expresión de la GalNAc-T13 en el cáncer de pulmón humano y esto se correlacionó con un peor pronóstico, lo que sugiere que esta enzima puede representar un factor pronóstico en este tipo de cáncer²⁸⁸. Por el contrario, se identificó a *GALNT13* como uno de los genes que está menos expresado en células progenitoras derivadas de tumores de glioma de alto grado relativo a las células derivadas de tumores de bajo grado²⁹⁴.

Abriendo la posibilidad de que las variantes de *splicing* también tengan alguna relevancia en la biología tumoral, Nogimori et al encontraron que una de las variantes reportadas posee una asociación significativa con un peor pronóstico mientras que otra está relacionada con un mejor pronóstico en pacientes con cáncer de pulmón²⁸⁸.

OBJETIVOS

Objetivo general

El objetivo general es ampliar el conocimiento existente sobre la funcionalidad de la GalNAc-T13 humana y sus variantes de *splicing* mediante estrategias *in vitro* e *in vivo*.

Objetivos específicos

Para alcanzar el objetivo general, se proponen los siguientes objetivos específicos:

1. Expresión de la GalNAc-T13 recombinante y 3 de sus variantes de *splicing* (Δ Ex9, Δ 39pbEx9 y Ex10b) en células de insecto y posterior purificación.
2. Identificación de las diferencias en la especificidad de sustrato entre la GalNAc-T13 y la GalNAc-T1 utilizando ambas enzimas recombinantes expresadas en células de insecto, un gran panel de péptidos y una librería de péptidos cortos al azar.
3. Análisis de la actividad y especificidad de sustrato de las variantes de *splicing* de la GalNAc-T13 Δ Ex9, Δ 39pbEx9 y Ex10b utilizando un panel de péptidos y una librería de sustratos glicopeptídicos al azar
4. Análisis de la expresión de la GalNAc-T13 y sus variantes de *splicing* en diferentes líneas celulares, tejidos y muestras tumorales por PCR cualitativa

5. Generación de líneas celulares *COSMC*^{-/-} (SC) y *COSMC*^{-/-}*T13*^{-/-} (SC/*T13*^{-/-}) a partir de diferentes líneas celulares que expresan cantidades detectables de GalNAc-T13
6. Identificación de los sustratos naturales de la GalNAc-T13 en las líneas celulares seleccionadas utilizando una estrategia glicoproteómica comparativa.

MATERIALES Y MÉTODOS

1. Clonado y expresión de la GalNAc-T13 y sus variantes de splicing recombinantes

La expresión de la GalNAc-T13 y sus variantes de *splicing* truncadas, secretadas y solubles en células de insecto se realizó de acuerdo a un procedimiento previamente reportado¹¹⁴. Las construcciones de expresión en pAcGP67 de Baculovirus conteniendo la región codificante soluble de la GalNAc-T13 humana y de las variantes ΔEx9, Δ39pbEx9 y Ex10b se prepararon comenzando con el clonado en pGEM-T de las diferentes secuencias utilizando los *primers* T13_EcoRI_His_Fw y T13_XhoI_Rev (Tabla 1). Se incluyó una secuencia de ADN que codifica para una His-tag en el primer *forward* (Fw). Luego, los plásmidos y el vector de transferencia Baculovirus *BD BaculoGold*TM pAcGP67 (BD Pharmingen) se digirieron con *EcoRI* (Biolabs). Los insertos se purificaron a partir de un gel de electroforesis de agarosa al 1.5% utilizando el *GFX PCR DNA and gel band purification kit* (Amersham). Luego de cuantificar los diferentes fragmentos purificados en un gel, utilizando el *Low DNA mass ladder* (Invitrogen) como estándar, se realizó la ligación con el vector utilizando la T4 ligasa de ADN (Invitrogen). Los vectores clonados se analizaron por digestión y secuenciado para descartar la presencia de mutaciones importantes.

Los plásmidos pAcGP67-T13, -T13ΔEx9, -T13Δ39pbEx9 y -T13Ex10b se co-transfectaron con ADN *BaculoGold*TM (BD Pharmingen) y los baculovirus recombinantes se obtuvieron luego de dos amplificaciones sucesivas en células de insecto *Sf9* (Life Technologies), de acuerdo a las instrucciones del fabricante. Los virus amplificados se utilizaron para infectar células de insecto *High Five* (Life Technologies) crecidas en el medio libre de suero *Express Five*[®] (Gibco) en botellas *roller* verticales agitadas a 100 rpm a 26.5°C (densidad celular de aproximadamente 2×10^5). Se recolectó el medio de cultivo y se dializó 3 veces en buffer Tris 50 mM pH 8.0, 150 mM NaCl a 4°C. Posteriormente se filtró el sobrenadante con un filtro Whatman y luego las enzimas con el His-tag se purificaron por afinidad con *Ni-NTA* agarosa como se describió previamente²⁹⁵. Las muestras se diluyeron en un tampón 10 mM MES, 10 mM NaCl pH 5.8 y se purificaron posteriormente por cromatografía de intercambio catiónico utilizando una columna *Mono S 5/50 GL* (GE Healthcare), eluyendo con un gradiente de NaCl de 0.01 a 1 M en 20 volúmenes de columna (VC). La presencia de las enzimas en las diferentes fracciones y la pureza correspondiente se determinó por SDS-PAGE teñido con azul de *Coomasie R-250* y por *western blot* utilizando un anticuerpo anti-His o anti-GalNAc-T13 (T13.5). Las fracciones que contenían las enzimas se juntaron y se analizó su actividad por ensayos estándar de glicosilación *in vitro*.

La GalNAc-T1 recombinante fue donada por el Prof. Henrik Clausen.

Tabla 1- Lista de *primers* utilizados en este trabajo

Nombre	Secuencia (5' → 3')
T13_EcoRI_His_Fw	CGCGGAATTCGATGGGGATCCGAGCAGCCATCATCATCATCACAGCTCTCTGCTGCCTGC
T13_XhoI_Rev	TCATGTGCCCAAGGCATGTTCC
T13_784_Fw	CTGAATTTCCGCTGGTATCC
T13_Ex7_Fw	CAATGTGGAGGCTCCTTG
GalNT13_Fw	ACATCTATCCGGACTCCC
T13_Δ6_Fw	GGAGACAGAACATTACCTGTCAGA
T13_Δ8_Rev	GATTGGTTTCAACATTTCTTATCTG
T13_Δ39bpEx9_Rev	GTCAGCAGTGTAAAGAAAATACT
T13_Ex11_Rev	TAGGCACCATTTTGTCTTCTT
T13_1393_Rev	GTCAGCAGTGTAAAGAAAATACCTC
T13_Ex7_Rev	GGGATATGATGTAGAAGAAATC
T13_XhoI_Fw	ATGAGGAGATTTGTCTACTGC
T13_Δ2-7_Rev	CTCCATAATCCACTTTGACAACACCC
T13_Ex10b_Fw	ACCCACACTCTTCTTCATATAATCACC
β2_M_Fw	ATGTCTCGCTCCGTGGCCTTAG
β2_M_Rev	AAGTTGCCAGCCCTCCTAGAGC
GalNAc-T1_Fw	AAAAGCCTCATGAAGGTCCTGG
GalNAc-T1_Rev	ATCCAGAACGTTGTTCCATTCC
GalNAc-T9_Fw	TACCGGCCAGAAAGTGCAG
GalNAc-T9_Rev	ACCGCTTGTTGACGTACTGGTC
Cosmc_Fw	AGGGAGGGATGATTTGGAAG
Cosmc_Rev	TTGTCAGAACCATTTGGAGGT
T13crispr_Fw	AGCTGACCGGCAGCAAATTTGGCCACCATTCTGTGTGTTG
T13crispr_Rev	TTCAGTCATAACCCAGGCAGAC
FAMF	AGCTGACCGGCAGCAAATTTG

2. Ensayos de glicosilación in vitro

Se realizaron ensayos de glicosilación *in vitro* analizando el desarrollo de productos. Las reacciones se llevaron a cabo en 25 µl de tampón (25 mM ácido cacodílico de sodio, pH 7.4, 10 mM MnCl₂, 0.25% Triton X-100), con 4 mM de UDP-GalNAc (Sigma), 0.1 µg de enzima purificada y 10 µg de péptido aceptor (Schafer-N y NeoBioSci) (Tablas 2 y 3). Las reacciones se dejaron toda la noche a 37°C con agitación suave. Para hacer una evaluación temporal, se tomó 1 µl de las mezclas de reacción luego de 1, 4 y 24

horas y se analizó por MALDI-TOF MS (*matrix assisted laser desorption ionization-time of flight mass spectrometry*).

Tabla 2- Lista parcial de péptidos sintéticos utilizados en este estudio

Péptido	Secuencia	PM (Da)	S + T
MUC1-b	TRPGSTAPPAC	1,057.1	3
IgAh	VPSTPPTPSPSTPPTPSPSK	1,959.1	9
SDC106	AVSTTPAVLK	986.1	3
MUC7	APPTPSATTPAPPSSAPPETTAA	2,204.3	9
Carl2	LSESTQLPGGGPGCA	1,474.6	4
SDC3a	VATARATTPEAPSPPTTAAVLDTEAP	2,535.8	7
SDC3b	APT _P RLVSTATSRPRALPR	2,047.4	5
FGF23a	IHFNTPIPRRHTRS _A EEDD	2,162.3	3
FGF23b	PIPRRHTRS _A EEDD _S ERDP	2,134.2	3
ANGPTL3	KPRAPRTTPFLQ	1,411.7	2
HCPitb	PRFQDSSSSKAPPPSLPSPRLPG	2,492.7	7
HCHIV	IRIQRGPGRAFVTIGKIGNM	2,184.6	1
GMCSF	APARSPSPSTQPWEHV	1,746.9	4
CD59	WKF _E H _C N _F N _D V _T T _R LRENEL	2,551.8	2

3. Análisis por MALDI-TOF MS

La evaluación de la incorporación de residuos de GalNAc a los sustratos peptídicos se realizó por MALDI-TOF MS. El muestreo de las reacciones (1 µl) se diluyó 10 veces en 0.1% TFA (ácido trifluoroacético) y 1 µl de esta dilución se mezcló con 1 µl de matriz. La matriz fue ácido 2,5-dihidroxibenzoico (25 mg/ml, Sigma-Aldrich) disuelto en una mezcla 1:1 de metanol y agua. Los espectros se adquirieron en un espectrómetro de masa 4800 MALDI TOF/TOF Analyzer, Abi Sciex. Los datos obtenidos se procesaron con el software Data Explorer.

4. Glicosilación de sustratos peptídicos cortos al azar y determinación de la especificidad de sustrato de las transferasas

Se utilizaron 3 librerías de péptidos cortos orientados al azar en la forma de GAGAXXXXXTXXXXXAGAG (donde X=G,A,P,V,L,E,Q,R,H (PVI), G,A,P,I,M,F,D,N,R,K (PVII) o G,A,P,V,Y,E,N,S,R,K (PVIII)) para obtener la especificidad del dominio catalítico de la GalNAc-T13 como se describió previamente⁹⁶. Brevemente, las reacciones se llevaron a cabo en 10 mM MnCl₂, 50 mM de cacodilato de sodio, pH 6.5, 1.3 mM de 2-mercaptoetanol, 2 mM UDP-GalNAc (conteniendo un total de 100μCi UDP-[³H]-GalNAc), una dilución 1/100 de los *cocktails* de inhibidores de proteasas P8340 y P8849 (Sigma-Aldrich), 0.003% de azida de sodio, 5 mg/mL del sustrato peptídico al azar (~1.7 mM) y 50 μL de GalNAc-T13 (~0.1 mg/mL) hasta un volumen final de 250 μL. Las reacciones se incubaron toda la noche a 37°C y los productos glicopeptídicos se aislaron como se describió previamente⁹⁶. La comparación de las secuencias de aminoácidos obtenidas por secuenciación de Edman (ABI Procise 494) de los péptidos al azar iniciales y los productos glicopeptídicos al azar aislados genera lo que se denominan valores de acrecentamiento (*enhancement values*)⁹⁶. Los datos obtenidos para la GalNAc-T13 se basaron en 5 determinaciones para cada librería de péptidos al azar y estos datos fueron promediados (ver Figura 18, 19 y 20). Los valores de acrecentamiento representan la propensión de un tipo de residuo de aminoácido particular a ser utilizado por la transferasa, donde valores mayores a 1 sugieren una alta preferencia mientras que valores menores a 1 indican una baja preferencia, sugiriendo un efecto inhibitorio.

5. Estudio de la especificidad del dominio lectina con sustratos glicopeptídicos al azar

Los sustratos glicopeptídicos al azar utilizados para estudiar el dominio lectina GP(T*22)R y GP(T*10)L y sus controles no glicosilados GP(A22)R and GP(A10)L, cuyas

secuencias se muestran en la Figura 21A, permitieron comparar la especificidad (mediada por el dominio lectina) por glicopéptidos con GalNAc-O-Thr de la GalNAc-T13 y la GalNAc-T13 Ex10b, como se describió previamente¹¹³. Las reacciones se llevaron a cabo utilizando 68 mM de cacodilato de sodio, pH 6.5, 1.8 mM de 2-mercaptoetanol, 10 mM MnCl₂, 50 μM [³H]-UDP-GalNAc (~ 6 x 10⁸ DPM/μmol), 5 mg/mL (~1.5 mM) de los sustratos GP(T*22)R, GP(A22)R, GP(T*10)L y GP(A10)L y 100-150 μL de GalNAc-T13 o GalNAc-T13 Ex10b (0.06-0.1 mg/ml) hasta un volumen final de 250-300 μl. Las reacciones se incubaron a 37°C y alícuotas de 50-80 μl se tomaron para su análisis luego de 15 minutos, 45 minutos, 2 horas, 4 horas y toda la noche para la GalNAc-T13 y 2 horas, 4 horas y toda la noche para la GalNAc-T13 Ex10b debido a la reducida cantidad de enzima de la que se disponía. En todos los casos, las reacciones con la GalNAc-T13 y la GalNAc-T13 Ex10b se realizaron al mismo tiempo bajo idénticas condiciones de reacción. La síntesis y aislamiento de los glicopéptidos se realizó como se describe en ¹¹³, terminando con una cromatografía en *Sephadex G10*. El conjunto de fracciones glicopeptídicas liofilizadas se resuspendió en 1 ml de agua y la actividad transferasa se cuantificó midiendo el contenido de [³H]-GalNAc normalizado con los valores de densidad óptica (DO) a 220 y 280 nm. Con esta aproximación, cualquier pérdida de sustratos (glico)peptídicos durante el procesamiento de la muestra es corregida al normalizar con los valores de DO peptídica. Los cocientes de utilización de glicopéptidos al azar C-terminales/N-terminales (GP(T*22)R/ GP(T*10)L) se obtuvieron a partir de estos valores normalizados como se muestra en la Figura 21.

6. Líneas celulares y tejidos

El modelo metastásico de neuroblastoma, IGR-N-91, derivado de un paciente de 8 años con neuroblastoma de alto riesgo, se obtuvo al cultivar *in vitro* neuroblastos malignos derivados de la médula ósea y xenotrasplantarlos de forma sucesiva en ratones *nude*, como se describió previamente²⁹². Se establecieron sub-líneas a partir del tumor primario xenotrasplantado (IGR-N-91 PTX) y de la metástasis en la médula ósea (IGR-N-91 BM), y fueron cultivadas en medio de cultivo *Eagle* modificado de

Dulbecco (DMEM) suplementado con 2 mmol/L de L-glutamina, 1 mmol/L de piruvato de sodio y 10% de suero bovino fetal (SBF), a 37°C en una atmósfera húmeda con 5% de CO₂. IMR-32 (línea celular de neuroblastoma humano), HeLa (línea celular de cáncer cervical humano) y A549 (línea celular de cáncer de pulmón humano), obtenidas en ATCC (*American Type Culture Collections*), fueron cultivadas en las mismas condiciones y todas se crecieron hasta un 80% de confluencia. Las células se lavaron con tampón fosfato salino (PBS) estéril y fueron despegadas del cultivo en monocapa utilizando 0.05% de tripsina en PBS a 37°C. Las células obtenidas en DMEM conteniendo SBF se centrifugaron, se lavaron con PBS estéril y se utilizaron para extraer su ARN.

Los tejidos de tumores primarios de neuroblastoma se obtuvieron de pacientes del *Institut Gustave Roussy* (Francia) con la aprobación de los Comités de Ética correspondientes y de acuerdo con las leyes nacionales que amparan a las personas que forman parte de las investigaciones biomédicas. Los tumores fueron inmediatamente congelados luego de su extracción y se almacenaron en nitrógeno líquido hasta el momento de realizar la extracción de los ácidos nucleicos. La muestra de sistema nervioso central (SNC) se obtuvo de una cirugía de un paciente con daño cerebral.

Las células HEK-293 (línea celular de riñón embrionario) y A549 utilizadas en la estrategia glicoproteómica, se obtuvieron en ATCC y fueron cultivadas en las mismas condiciones anteriormente detalladas. Células SHSY5Y (línea celular de neuroblastoma, ATCC) y IGR-N-91 BM también se cultivaron con el mismo fin pero al no poder obtener buenas transfecciones (baja eficiencia o viabilidad celular reducida) no se continuó trabajando con ellas.

7. RT-PCR de la GalNAc-T13 y sus variantes de *splicing*

El ARN total de las diferentes líneas celulares y tejidos fue extraído utilizando *Tri-Reagent* (Sigma-Aldrich), de acuerdo con las instrucciones del fabricante. El ADNc se sintetizó utilizando 1 µg de ARN con la transcriptasa reversa MMLV (Amersham, Piscataway, NJ). La mezcla de reacción consistió de 200 U de enzima, 2 µl de 10 mmol/L de cada desoxinucleótido trifosfato (dNTP) y 1 µL de 250 ng de hexámeros al azar en 20 µl de volumen final. Luego de una incubación de 1 hora a 37°C, la mezcla se calentó a 96°C, se enfrió inmediatamente y se almacenó a -20°C hasta su uso.

El gen de la β2-microglobulina (β2M) se amplificó para verificar la calidad del ADNc (excepto para SNC, donde se amplificó la GalNAc-T9 como control). Se optimizaron diferentes reacciones de RT-PCR de forma de amplificar fragmentos de la GalNAc-T13 y sus variantes de *splicing*, por medio de una sola ronda de 35 ciclos para amplificar la GalNAc-T13 y la variante Ex10b y 40 ciclos para la variante ΔEx2-7, y *nested* PCR para las variantes ΔEx6, ΔEx8, ΔEx9, Δ39bpEx9, ΔEx6/39bpEx9, ΔEx6/8 y ΔEx6/8/39bpEx9. Para amplificar la GalNAc-T13, 1 µl de ADNc se adicionó para un volumen final de 25 µl de una mezcla de PCR que contenía 10 mM Tris-HCl (pH 8.8), 50 mM KCl, 3mM MgCl₂, 400 nM de cada *primer* (GALNT13-Fw/T13_XhoI_Rev), 200 µM de dNTPs y 1 unidad de Taq ADN polimerasa (Fermentas INC, MD). Se realizaron 35 ciclos de la siguiente manera: 30s a 95°C, 30s a 60°C y 1 min a 72°C. El producto de PCR analizado por electroforesis en un gel de agarosa al 2% resultó en una banda de 425pb. Las mismas condiciones pero con 2 mM de MgCl₂ (y 2 µl de ADNc para ΔEx2-7) se utilizaron para la amplificación de Ex10b y ΔEx2-7 utilizando los pares de *primers* T13_Ex10b_Fw/T13_Ex11_Rev y T13_XhoI_Fw/T13_Δ2-7_Rev, respectivamente. Las temperaturas de *annealing* fueron 60°C y 62°C, mientras que los productos de PCR obtenidos fueron de 270 y 166 pb, respectivamente. Se realizó la misma primera ronda para las 7 variantes restantes, sembrando 1 µl de ADNc en un volumen final de 25 µl. La mezcla de PCR contenía 10 mM Tris-HCl (pH 8.8), 50 mM KCl, 1.5 mM MgCl₂, 400 nM de cada *primer* (T13_784_Fw/T13_Ex11_Rev), 200 µM dNTPs y 1 unidad de Taq ADN polimerasa. Se amplificó por 20 ciclos a 59°C de temperatura de *annealing* y el producto de PCR obtenido fue de 820 pb. La segunda ronda se realizó con 25 ciclos para la variante ΔEx9,

30 ciclos para las variantes Δ Ex8 y Δ Ex6/8, y 35 ciclos para las variantes Δ Ex6, Δ 39bpEx9, Δ Ex6/39bpEx9 y Δ Ex6/8/39bpEx9. Se sembró 1 μ l del producto de la primera ronda y se realizó la segunda ronda en las mismas condiciones, aunque se utilizó 2mM de $MgCl_2$ en el caso de las variantes Δ Ex8 y Δ Ex9. Los pares de primers utilizados fueron: T13_ Δ 6_Fw/T13_Ex7_Rev (201 pb); T13_Ex7_Fw/T13_ Δ 8_Rev (197 pb); T13_Ex7_Fw/T13_1393_Rev (336 pb); GalNT13_Fw/ T13_ Δ 39bpEx9_Rev (131 pb); T13_ Δ 6_Fw/T13_ Δ 8_Rev (226 pb) and T13_ Δ 6_Fw/T13_ Δ 39bpEx9_Rev (425 y 285 pb) para las variantes Δ Ex6, Δ Ex8, Δ Ex9, Δ 39bpEx9, Δ Ex6/8, Δ Ex6/39bpEx9 y Δ Ex6/8/39bpEx9, respectivamente. Los productos de PCR (15 μ l) se analizaron por electroforesis en geles del agarosa al 2% y se visualizaron directamente luego de la tinción con bromuro de etidio. La identidad de cada banda se confirmó por secuenciado. La secuencia de los primers utilizados se muestra en la Tabla 1.

8. Generación de líneas celulares *COSMC*^{-/-} utilizando la tecnología de las nucleasas con dedos de zinc (ZFN)

La construcción para mutar *COSMC* utilizando la tecnología de las ZFN fue producida por Sigma-Aldrich, con el siguiente sitio de unión (el sitio de corte se indica entre paréntesis):

COSMC 5'-CCCAACCAGGTAGT(AGAAGGCT)GTTGTTTCAGATATGGCTGTT-3'

Las células HEK-293 y A549 se transfectaron con un vial de ARNm (Sigma-Aldrich) mediante nucleofección utilizando el *Amaya Nucleofector* (Lonza). Las células fueron luego clonadas por dilución límite, expandidas, tripsinizadas y fijadas en acetona fría en láminas recubiertas con teflón para ser posteriormente teñidas con un anticuerpo monoclonal anti-Tn (5F4)²⁷. Los clones *knockout* para *COSMC* (SC) se seleccionaron por su reactividad con el anticuerpo anti-Tn y luego se confirmó que poseían *COSMC* mutado realizando PCR y posterior secuenciado utilizando los *primers* *Cosmc_Fw* y

Cosmc_Rev (Tabla 1). Se seleccionó un clon de cada línea celular para el posterior análisis glicoproteómico y para generar las líneas celulares SC T13^{-/-}.

9. Generación de SC GALNT13^{-/-} utilizando la tecnología de CRISPR/CAS9

Los plásmidos Cas9 y ARNg fueron generosamente suministrados por el Prof. Henrik Clausen (Copenhagen Center for Glycomics). El plásmido Cas9 co-expresa la nucleasa Cas9 humana junto con la proteína verde fluorescente (GFP). La secuencia del ARNg para mutar *GALNT13* es:

5'-TTAATACGTGCCCGTCTTCG-3' (exón 4)

Probamos diversos métodos de transfección con las HEK-293 SC y A549 SC (Nucleofección con *Amaxa Nucleofector*, *Lipofectamine 3000*, kit de transfección *TransIT-PRO* (Mirus), polietilenimina (PEI) y reactivo *FreeStyle™ MAX* (Thermo)) y probamos diferentes condiciones (número de células y cantidad de ADN). Finalmente seleccionamos la condición y método que resultaron en una mejor eficiencia de transfección y mayor viabilidad celular para cada línea celular.

Las células HEK-293 SC se transfectaron con ambos plásmidos utilizando PEI. Brevemente, 1×10^5 células se plaquearon por pocillo de una placa de 24 el día antes de la transfección. El siguiente día se transfectaron con 1 µg de plásmido Cas9 y plásmido ARNg (0.5 µg de cada uno) previamente incubados por 10 minutos con la mezcla de PEI (1 mg/ml de PEI en NaCl 150 mM).

Las células A549 SC se transfectaron con ambos plásmidos utilizando el reactivo *FreeStyle™ MAX*. Brevemente, 1×10^5 células se plaquearon por pocillo de una placa de 24 pocillos el día antes de la transfección. El siguiente día se transfectaron con 1 µg de

plásmido Cas9 y plásmido ARNg (0.5 µg de cada uno) de acuerdo a las instrucciones del fabricante.

Las células transfectadas fueron sujetas a la técnica de clasificación de células activadas por fluorescencia (FACS) dos días después de la transfección para aislar las células con mayor intensidad de fluorescencia para GFP. Una fracción de esta mezcla de células fue clonada depositando una única célula por pocillo (*single cell deposition*) en placas de 96 y se expandieron para generar líneas celulares clonales. La otra fracción se cultivó por una semana y se realizó el Análisis de Amplicones para Detectar *Indels* (IDAA)²⁹⁶ de forma de determinar la eficiencia de mutación.

Cada clon expandido se dividió en dos pocillos, cada uno perteneciente a una de 2 placas de 96 pocillos diferentes (una para mantener los clones y la otra para hacer el *screening*). En la placa para el *screening*, los clones fueron lisados dentro de los pocillos con la solución para extracción de ADN *QuickExtract* (Epicentre) y posteriormente se analizaron por IDAA. Los clones que presentaron una delección o inserción en ambos alelos (con cambios en el marco de lectura) fueron seleccionados para amplificar por PCR la región mutada y secuenciar dicha región de forma de confirmar las mutaciones. Los *primers* utilizados en este caso fueron T13crispr_Fw y T13crispr_Rev (Tabla 1). Se seleccionó un clon de cada línea celular para su posterior análisis glicoproteómico.

10. Análisis de amplicones para detectar indels (IDAA)

Se utilizó una nueva estrategia, que combina el uso de una forma simple de marcar un amplicón con el alto rendimiento para analizar fragmentos de ADN de la electroforesis capilar automática²⁹⁷, para la detección simple y caracterización de los *indels* (inserción o delección) generados.

La estrategia de marcado del amplicón para la evaluación de los tamaños de los productos de PCR fue originalmente introducida por Oetting et al.²⁹⁸, utilizando electroforesis en geles de poliacrilamida para resolver diferencias grandes en el tamaño de los productos. Esto fue mejorado por Schuelke²⁹⁹ utilizando electroforesis capilar para resolver diferencias más pequeñas de hasta ± 2 pb en microsatélites y una estrategia similar también fue utilizada por Mellersh et al.³⁰⁰. Esto se ha mejorado recientemente con un avance en la resolución de detección que permite la discriminación de diferencias de hasta 1 pb²⁹⁶.

Los amplicones se marcaron con un fluoróforo realizando una amplificación con 3 *primers*. Por un lado, se utiliza un *primer* universal marcado en 5' con 6-FAM llamado FAMF (Tabla 1) y también dos *primers* que flanquean el sitio donde se espera que ocurra la mutación (el *primer* Fw contiene una extensión de su secuencia que es complementaria a la secuencia del *primer* FAMF) (T13crispr_Fw y T13crispr_Rev, Tabla 1)²⁹⁶ (Figura 14). Rendimientos óptimos del amplicón generado con los 3 *primers* se observaron cuando se utilizó una relación de *primers* 10:1:10 (FAMF:T13crispr_Fw:T13crispr_Rev). La PCR se realizó en 12.5 μ l de volumen final, utilizando *TEMPase Hot Start* ADN polimerasa (Amplicon, Dinamarca), 0.25 μ M:0.025 μ M:0.25 μ M (FAMF:Fw:Rev) de los *primers* y un programa en el termociclador que se inicia con 72°C de temperatura de *annealing* y luego desciende 1°C/ciclo hasta 58°C, seguido de 25 ciclos adicionales a 58°C de temperatura de *annealing*. La desnaturalización y la elongación se realizaron a 95°C por 30s y 72°C por 30s, respectivamente. 0.2 μ l de la reacción de PCR fueron mezclados con 0.05 μ l del estándar de tamaño LIZ500 (ABI/Life Technologies) y luego se analizó el tamaño de los fragmentos en un *ABI3010 Sequenator* (ABI/Life Technologies) utilizando las condiciones recomendadas por el fabricante. La información obtenida se analizó utilizando el *Peak Scanner Software V1.0* (ABI/Life Technologies).

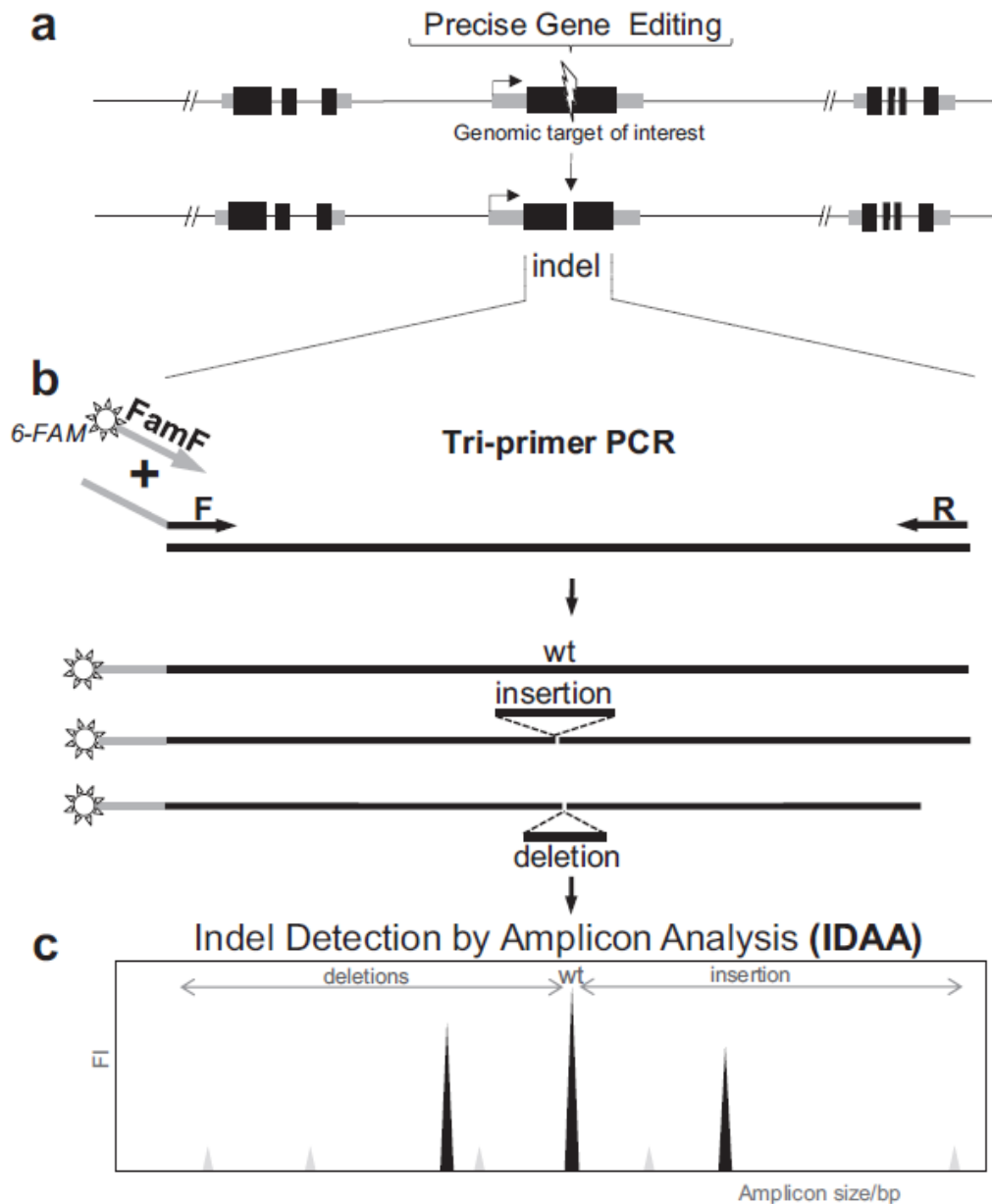


Figura 14- Representación esquemática de la estrategia IDAA. a. El uso de la tecnología de Crispr/Cas9 genera cortes en ambas hebras del ADN que, a través de recombinación no homóloga, introducen *indels* en la región del gen que se quiere mutar. b. La PCR con 3 *primers* de la región de interés se lleva a cabo utilizando *primers* específicos (Fw y Rev) que flanquean dicha región y un *primer* universal marcado con FAM en su extremo 5' (FAMF) específico para la secuencia que sobresale en 5' del *primer* Fw. La PCR con 3 *primers* resulta en el marcado del amplicón con FAM. c. Los amplicones marcados con fluorescencia que contienen los *indels* serán detectados por el análisis de los fragmentos. Los ejes representan la intensidad de fluorescencia (FI) y el tamaño del amplicón en pb. Extraído de ²⁹⁶.

11. Procesamiento de los clones y cromatografía de baja afinidad con lectina

150 ml de medio de cultivo (secretoma, SEC) o 0.5 ml de células empaquetadas (lisado celular total, LCT) se obtuvieron luego de cultivar las células A549 SC, HEK-293 SC, A549 SC T13^{-/-} y HEK-293 SC T13^{-/-}.

Secretoma: El medio de cultivo se centrifugó para eliminar los restos celulares (2500g por 10 minutos) y se dializó (*cut-off* de peso molecular = 3500 Da) dos veces contra 5 L de 10 mM Tris-HCl, 150 mM NaCl, pH 7.4. Luego, se filtró (0.45 µm), se diluyó en 150 ml de tampón A 2X (40 mM Tris, pH 7.4, 300 mM NaCl, 1 mM CaCl₂/MgCl₂/MnCl₂/ZnCl₂, 2 M urea) y se sometió a cromatografía con la lectina Aglutinina *Vicia villosa* (VVA) para enriquecer en glicoproteínas Tn. La agarosa-VVA (Vectorlabs) (0.8 ml) se equilibró con tampón A y la muestra se cargó 2 veces seguido de un lavado con 10-20 VC de tampón A. La columna fue luego resuspendida en 50 mM de bicarbonato de amonio y se procesó de igual manera que el lisado celular (con *RapiGest* 0.1%, sin sonicar en este caso) para su posterior digestión y aislamiento de los glicopéptidos Tn.

Lisado celular total: Las células empaquetadas fueron lisadas con 0.1% de *RapiGest* (Waters) en 50 mM de bicarbonato de amonio utilizando un sonicador (*Sonic Dismembrator*, Fischer Scientific). La solución resultante se centrifugó a 10000 g por 10 minutos.

El lisado y el secretoma se calentaron por 10 minutos a 80°C, y luego se realizó la reducción (5 mM DTT, 60°C, 30 minutos), alquilación (10 mM de iodoacetamida, temperatura ambiente, 30 minutos) y digestión con tripsina (Roche) (25 µg/muestra, 37°C, toda la noche). Las digestiones se trataron con TFA (10 µl, temperatura ambiente, 10 minutos) y se centrifugaron.

12. Estrategia glicoproteómica cuantitativa

Para realizar la glicoproteómica cuantitativa diferencial, las digestiones con tripsina de los pares isogénicos de SCs se marcaron con diferentes isótopos dimetilo: ligero (L, para marcar SC) y medio (M, para marcar SC T13^{-/-})³⁰¹. Para ello, las dos digestiones acidificadas y centrifugadas se cargaron en cantidades iguales (igual concentración de péptidos) en 2 columnas *SepPak* C18 (Waters) equilibradas seguido de un lavado de 3 VC con 0.1% TFA. Las digestiones se marcaron en la columna adicionando 5 VC de 30 mM NaBH₃CN y 0.2% de formaldehído en 50 mM de tampón fosfato de sodio pH 7.5 (para marcado L) o 30 mM de NaBH₃CN y 0.2% de D-formaldehído en 50 mM de tampón fosfato de sodio pH 7.5 (para marcado M). Las columnas se lavaron utilizando 3 VC de 0.1% de ácido fórmico (FA) y se eluyeron dos veces con 0.5 ml de 50% de metanol en 0.1% de FA.

Los glicopéptidos GalNAc marcados fueron separados de los péptidos no glicosilados mediante cromatografía de baja afinidad con lectinas (LWAC) con una larga columna de VVA-agarosa²⁷. Brevemente, cantidades iguales de péptidos marcados con L y con M se inyectaron en una columna de 2.6 metros de VVA pre-equilibrada (flujo 100 µl/min). La columna se lavó con 0.4 M de glucosa en buffer A y se eluyó con 0.2 M de GalNAc (2 VC) y con 0.4 M de GalNAc (1 VC).

Las fracciones glicopeptídicas se purificaron con *Stage Tips* (Thermo) para su posterior análisis. Primero se hizo un análisis preliminar por cromatografía líquida-espectrometría de masa (LC-MS) para ver el contenido de glicopéptidos en las fracciones y las más enriquecidas en glicopéptidos se juntaron y se fraccionaron con el Pierce™ High pH Reversed-Phase Peptide Fractionation Kit (Thermo). Las fracciones resultantes se analizaron por LC-MS y HCD/ETD-MS/MS (Disociación colisional de alta energía/Disociación por transferencia electrónica – espectrometría de masa en tándem), utilizando un EASY-nLC 1000 UHPLC (Thermo Scientific) interconectado vía un

nanoSpray Flex ion source a un *LTQ Orbitrap Velos Pro spectrometer* (Thermo Scientific), como se ha descrito previamente^{52,302}.

El *cut-off* del cociente M/L significativo de cambios sustanciales fue determinado previamente⁵², estableciéndose en 1/10. Comparando la distribución de péptidos marcados del material no unido del LWAC con la distribución de glicopéptidos marcados de las fracciones eluídas del LWAC, se observó que los cocientes M/L cuantificados de los péptidos poseen una distribución normal con el 99% dentro de ± 1 (\log_{10}), mientras que los cocientes M/L de los glicopéptidos siguen una distribución más asimétrica con “hombros” a la izquierda y a la derecha, lo que indica una mayor abundancia de glicopéptidos marcados con L o M. De forma importante, los glicopéptidos marcados producen dobletes con cocientes variables de los iones isotópicos y también se pueden producir iones precursores únicos sin evidencia de pares iónicos. Estos pueden aparecer tanto en las muestras marcadas con L como con M y no pueden ser cuantificados. Entonces, los iones precursores marcados identificados se clasifican como dobletes o singuletes, donde los dobletes se refieren a los glicopéptidos cuya área del pico precursor tanto para el péptido marcado con L como con M y sus abundancias relativas pueden ser calculadas, mientras que los singuletes se refieren a glicopéptidos donde se identifica solo uno de los precursores peptídicos L o M. En el caso de los singuletes, estos no pueden ser automáticamente reconocidos como que representan una expresión diferencial por el software proteómico estándar (*Proteome Discoverer*) y por tanto se excluirán en nuestro análisis. Al analizar los O-glicoproteomas diferenciales de las células isogénicas con y sin una GalNAc-T, las diferencias cuantitativas en los dobletes sugieren que la pérdida de la GalNAc-T resulta en cambios parciales en la capacidad de glicosilación, mientras que la ocurrencia de singuletes sugiere una pérdida total de la capacidad de glicosilación. Respecto a los singuletes, queda claro que también pueden derivar de errores experimentales (o técnicos) incluyendo variaciones en la muestra e iones escondidos por el ruido pero también por variaciones biológicas reales como cambios en el proteoma con pérdida o ganancia de la expresión de proteínas particulares y sus productos procesados.

13. Análisis de los datos

El procesamiento de los datos se realizó utilizando el *Proteome Discoverer 1.4 software* (Thermo Scientific) como se describió previamente⁵². Debido a la alta velocidad de procesamiento de los datos utilizamos el modo *Sequest HT*. Todos los espectros fueron inicialmente buscados con especificidad total de clivaje, filtrados de acuerdo al nivel de confianza (medio, bajo o no asignando) y nuevamente buscados con clivaje enzimático semi-específico. En todos los casos, la tolerancia de masa del precursor se estableció en 6 ppm y la tolerancia de masa del fragmento iónico en 50 mmu. La carbamido-metilación de los residuos de cisteína se utilizó como modificación fija. La oxidación de las metioninas y la unión a HexNAc de las serinas, treoninas y tirosinas, se utilizaron como modificaciones variables para el ETD-MS2. Todos los HCD-MS2 fueron pre-procesados como se describe en ⁹ y se buscaron bajo las mismas condiciones mencionadas arriba utilizando solo la oxidación de las metioninas como modificación variable. Todos los espectros se buscaron en *UniProt* utilizando una tasa de descubrimientos falsos (FDR) de 1%. La lista resultante se filtró para incluir solo péptidos que contenían glicosilación como modificación. La información del ETD MS2 se utilizó para asignar los sitios de forma inequívoca. La información del HCD MS2 se utilizó para asignar los sitios de forma inequívoca solo si el número de residuos de GalNAc fue igual al número de sitios potenciales en el péptido. Los cocientes de glicopéptidos M/L se determinaron utilizando el método *dimethyl 2plex*. El cociente M/L de los dobletes de los iones precursores detectados se calculó utilizando de forma secuencial el *Event Detector Node* y el *Precursor Ion Node* del *Proteome Discoverer Workflow*. El *Event Detector Node* se utilizó para la cuantificación del área de los picos de los isotopos agrupados de los iones precursores que eluyeron en el mismo tiempo de retención. Los iones marcados isotópicamente fueron finalmente cuantificados utilizando el *Precursor Ions Quantifier Node*.

RESULTADOS

1. Expresión de la GalNAc-T13 y 3 de sus variantes de splicing (Δ Ex9, Δ 39bpEx9 y Ex10b) recombinantes en células de insecto y posterior purificación

De las 9 variantes de *splicing* de la GalNAc-T13 identificadas²⁸⁵, se seleccionaron las que diferían en el dominio lectina (Δ Ex9, Δ 39bpEx9 y Ex10b) para su análisis. La GalNAc-T13, así como las variantes Δ 39pbEx9 y Ex10b, fueron correctamente expresadas en células de insecto, posteriormente purificadas por cromatografía de afinidad (con Ni-NTA agarosa) y posterior cromatografía de intercambio iónico. En la Figura 15, se muestran los SDS-PAGE teñidos con azul de *Coomasie* de las purificaciones por intercambio iónico de la GalNAc-T13 y la variante Ex10b. No se muestra el gel de la purificación de la variante Δ 39pbEx9 debido a que los niveles de expresión fueron mucho más bajos y por ende no se observaban bandas correspondientes en el gel. En el caso de la variante Ex10b, la banda correspondiente es muy tenue, indicando niveles de expresión también más reducidos.

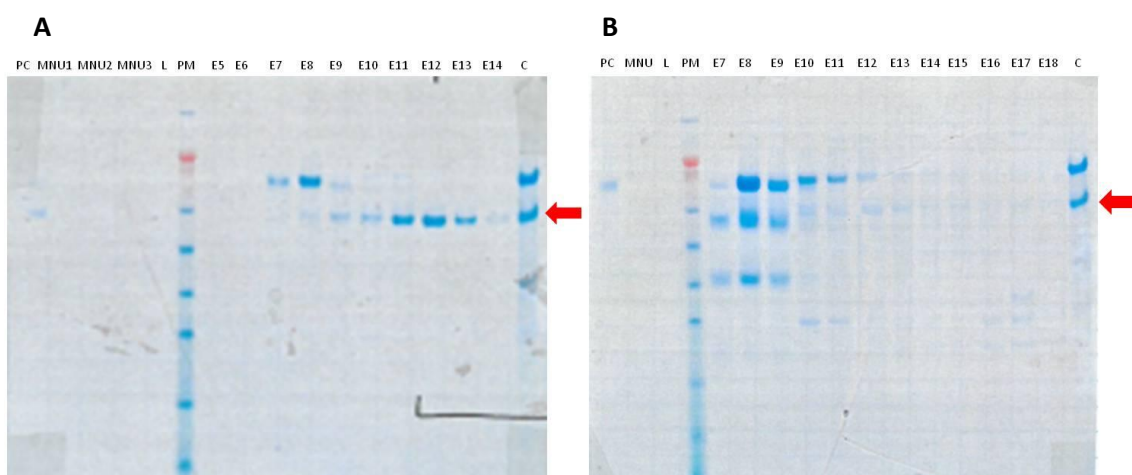


Figura 15- SDS-PAGE en gradiente (4-12% poliacrilamida) de la purificación por cromatografía de intercambio iónico de la GalNAc-T13(A) y de la variante Ex10b (B), expresadas en células de insecto (previamente purificadas con Ni-NTA agarosa). La tinción se realizó con azul de *Coomasie*. PC: pre-columna, MNU: material no unido, L: lavado, PM: marcador de peso

molecular, E: eluídos y C: control (GalNAc-T13 recombinante parcialmente purificada). La flecha indica el peso molecular esperado de la banda de interés.

En la Figura 16, se muestran los *western blots* de las mismas purificaciones mostradas en la Figura 15 (incluyendo también la purificación de la variante $\Delta 39\text{pbEx9}$), utilizando un anticuerpo anti-His.

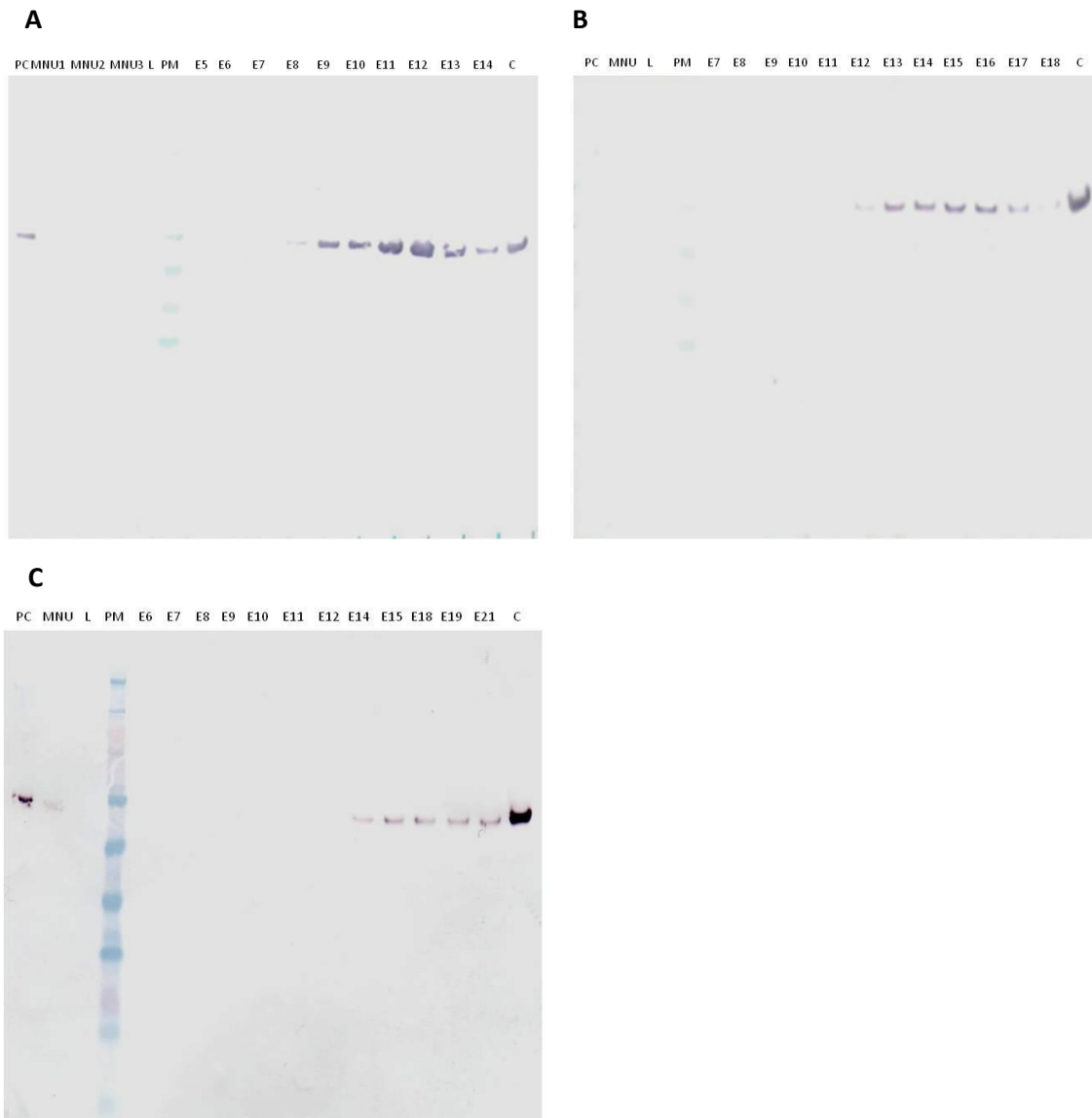


Figura 16- SDS-PAGE en gradiente (4-12% poliacrilamida) seguido de *western blot* con un anticuerpo anti-His de la purificación por cromatografía de intercambio iónico de la GalNAc-T13 (A), la variante Ex10b (B) y la variante $\Delta 39\text{pbEx9}$ (C) expresadas en células de insecto (previamente purificadas con Ni-

NTA agarosa). PC: pre-columna, MNU: material no unido, L: lavado, PM: marcador de peso molecular, E: eluidos y C: control (GalNAc-T13 recombinante parcialmente purificada).

Los eluidos que presentaron bandas en el *western blot* pero no presentaron bandas contaminantes en el gel teñido con *Coomasie* se juntaron en cada caso y se evaluó su actividad *in vitro*.

En el caso de la variante $\Delta Ex9$, no se obtuvo enzima en el medio de cultivo luego de repetidos intentos de expresarla. Para determinar si la enzima estaba siendo expresada por las células de insecto pero no estaba siendo secretada, se realizaron 4 cultivos en paralelo de estas células (diferentes *stocks*) y de las células que expresaban GalNAc-T13 como control. Por un lado, se separó el medio de cultivo donde se debería encontrar la enzima y por otro, se recolectaron las células y se lisaron para realizar un extracto celular. Ambos materiales (el medio de cultivo y el extracto celular de cada cultivo) fueron analizados por western blot utilizando el anticuerpo anti-His y el anticuerpo anti-GalNAc-T13 (T13.5). El resultado se muestra en la Figura 17. Se observa claramente (especialmente con el anticuerpo T13.5) que la variante $\Delta Ex9$ permanece en el interior de las células en los 4 cultivos que se analizaron mientras que la GalNAc-T13 es secretada al medio de cultivo. Esto puede deberse a una inestabilidad proteica, ya que dicha variante carece de todo el repetido α del dominio lectina, el cual presenta algunas de las cisteínas necesarias para generar los puentes disulfuro que estabilizan la estructura. En el medio de cultivo de las células $\Delta Ex9$, se observa una banda de mayor peso molecular que el esperado, reconocida por el anticuerpo anti-His y por el anticuerpo T13.5. Esta banda puede corresponder a agregados de la enzima que se forman debido a la inestabilidad estructural de la misma. Es importante explicar que el anticuerpo T13.5 es un anticuerpo monoclonal de ratón generado contra un péptido correspondiente a una parte de la región *stem* de la GalNAc-T13 humana donde hay muy baja similitud de secuencia con la GalNAc-T1 (resultados no publicados). Esta región contra la que se generó el anticuerpo está presente en todas las variantes de *splicing* estudiadas y por tanto el anticuerpo posibilita el reconocimiento de todas ellas.

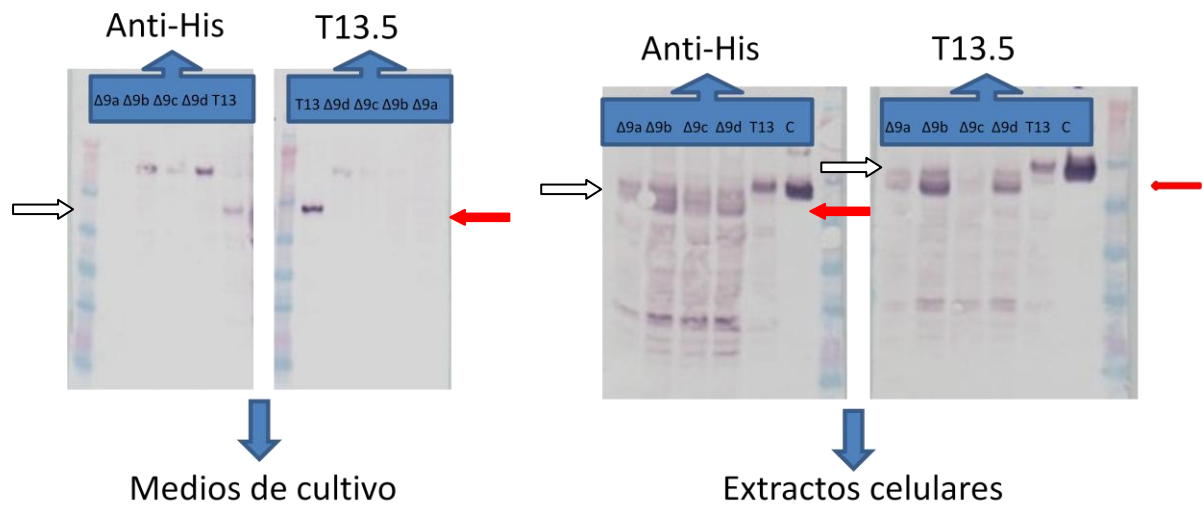


Figura 17- SDS-PAGE en gradiente (4-12% poliacrilamida) seguido de *western blot* con un anticuerpo anti-His o con el anticuerpo T13.5 de los medios de cultivo o de los extractos de las células de insecto. $\Delta 9a$, $\Delta 9b$, $\Delta 9c$ y $\Delta 9d$ son 4 cultivos de las células de insecto que expresan la variante $\Delta Ex9$ and T13 es el cultivo de las células de insecto que expresan la GalNAc-T13. C es el control positivo (GalNAc-T13 recombinante pura). La flecha roja indica el peso molecular esperado de la variante $\Delta Ex9$ y la blanca el de la GalNAc-T13.

2. Análisis comparativo de las especificidades de sustrato de la GalNAc-T13 y la GalNAc-T1

Primero se analizó la capacidad de estas dos isoformas de glicosilar un pequeño panel de sustratos peptídicos, incluyendo diferentes péptidos derivados de la proteína sindecan-3 (Tabla 2). No encontramos diferencias en su actividad *in vitro* con estos sustratos utilizando ensayos analizados a diferentes tiempos (Tabla 3).

Tabla 3- Ensayos de glicosilación *in vitro* analizados a diferentes tiempos por MALDI-TOF*

Enzyme	Assay time	MG1-b	IgA-b	MG7	CARL2	SDC106	SDG3a	SDG3b	FGP3a	FGP3b	ANGPT13	HCP1b	HCHV	GMCSE	CDS9
GalNAc-T1	1hr	0(1)	2(0-1,3)	1(0,2)	0(1)	0(1)	0(1-2)	0(1)	0(1)	0	0	0	0	0	0
	4hrs	0(1)	3(0-2,4-5)	2(0-1,3-4)	0(1)	0(1)	0(1-3)	0(1)	0(1)	0	0	0	0	0	0
	24 hrs	1(0)	4(3,5-6)	4(1-3,5)	1	1(0,2)	4(0-3,5-6)	1(0,2-3)	0=1	0	0	0	0	0(1)	0
GalNAc-T13	1hr	0(1)	2(0-1,3)	2(0-1,3)	0(1)	0(1)	0(1-2)	0(1)	0(1)	0	0	0	0	0(1)	0
	4hrs	0=1	2=3(0-1,4)	2(0-1,3-4)	0(1)	0(1)	0(1-2)	0(1-2)	0(1-2)	0	0	0	0	0(1)	0
	24 hrs	1(0,2)	5(2-4,6-7)	4(1-3,5-6)	1(0)	1(0,2)	4(0-3,5-6)	1(0,2)	0(1-2)	0	0	0(1)	0	0(1)	0(1)
GalNAc-T13-A399pEX9	1hr	0	0	0(1)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	4hrs	0(1)	0(1)	0(1)	0	0	0(1)	0	0	0	0	0	0	0	0
	24 hrs	0(1)	0(1-2)	1=2(0,3-4)	0	0	0(1-2)	0	0(1)	0	0	0(1)	0	0(1)	0
GalNAc-T13-Ex10b	1hr	0(1)	2(0-1,3)	1(0,2-3)	1(0)	0(1)	0	0(1)	0(1)	0	0	0	0	0(1)	0
	4hrs	0(1)	3(2,4-5)	2(0-1,3-5)	1(0)	1(0)	0(2,4)	1(0,2)	0(1-3)	0	0	0	0	0(1)	0
	24 hrs	1(0,2)	5(3-4,6)	5(3-4,6)	1(0)	1(0,2)	0(1-4)	1(0,2)	1(0,3-4)	0	0(1)	0	0	1(0,2)	0

* Los números adentro de cada celda corresponden al número de GalNAcs incorporadas en el producto mayoritario. Los otros productos, también presentes en la mezcla de reacción, se muestran entre paréntesis

Para una comparación más global, se utilizó un gran panel de 180 sustratos peptídicos que representan una selección imparcial de O-glicositos identificados en líneas celulares tumorales humanas utilizando la estrategia de las SC⁹. 10 isoformas de GalNAc-Ts, incluyendo la GalNAc-T1, fueron previamente analizadas con algunos de estos sustratos, y se identificaron sustratos redundantes y específicos de isoforma¹⁶¹. Los ensayos con los péptidos se monitorearon analizando el desarrollo de productos a diferentes tiempos (alícuotas a las 0 , 4 y 24 horas) por MALDI-TOF MS, lo que posibilitó una evaluación semi-cuantitativa de la velocidad de las reacciones así como también el número de residuos de GalNAc que fueron incorporados^{109,145}. Al contrario de lo que postuló en la caracterización original de la GalNAc-T13²⁸³, se encontró una casi completa concordancia en la utilización de sustratos entre la GalNAc-T1 y la GalNAc-T13 (Tabla 4). Específicamente, el mismo péptido SDC106 utilizado previamente²⁸³ (excepto que en nuestro caso carece de un *tag* FAM C-terminal), fue glicosilado por ambas enzimas a la misma velocidad y con el mismo número de sitios glicosilados. Lo mismo se observó con otros 2 péptidos derivados de la molécula de sindecan-3 (SDC3a y SDC3b) (Tabla 3).

La especificidad de la GalNAc-T1 humana (y varias otras GalNAc-Ts humanas y PGANTs de *Drosophila*) ha sido previamente caracterizada utilizando una serie de librerías orientadas de sustratos peptídicos al azar^{96,143,144}. Para extender la comparación entre la GalNAc-T1 y la GalNAc-T13 también determinamos la especificidad por sustratos peptídicos de la GalNAc-T13 utilizando estos procedimientos (Figura 18, 19 y 20)

Tabla 4- Glicosilación experimental de un gran panel de péptidos con la GalNAc-T1 y la GalNAc-T13

Peptide code	Kong et al. (2015) peptide code ^a	Synthetic peptide sequence	T1 (4 hours)	T13 (4 hours)	T13 (ON)
1	1	27 NRYIHRHREGLSYNVDLHQR 45	-	-	-
2	3	252 HPRAGASGTETPPPTHTSL 269	+++	1++++/2++	1++++/2+++
3	4	28 SRGGDGSNAVSPYTPNDSID 47	+	++	1+++/2+
4	6	81 PRRFMDLDPFRVPTSAVA 99	+	++	+++
5	9	227 TMDYGRKRWMTQMQAHLVIR 246	-	-	-
6	16	95 KDRYACRVNHVTLGQPKIVK 114	-	-	-
7	19	106 GELKLEDLPTVEADDDPQED 125	(+)	-	++
8	22	75 FDRGTLSGWIISKAKKIDTD 94	-	-	-
9	26	33 DQNRKXKVTALPKKDSAG 50	-	(+)	+
10	34	198 RRPQDTYHYLPSLTHRDPH 217	-	-	-
11	36	258 PRDDEGIQRASDLTHSPDOR 277	-	(+)	+
12	38	1274 GPVGDORILLSTVAHSRQSS 1293	-	-	-
13	43	48 TAKNFGGNTAMREKTLG 66	-	-	-
14	45	179 LAAYRIEDTFGPDTMIRAN 198	-	-	-
15	52	144 KVTVSGKITHSDQAHVNIQR 163	-	-	-
16	53	203 GDSIDGHRFTVQRRKSGDGA 222	-	-	-
17	56	183 DRVAINPTGVDSAMKEEVQR 202	-	-	-
18	65	132 KRIVLFDKPTRGTTVQKFKR 151	-	(+)	+
19	66	20 AMKCIQIGKKAIVFRGGIT 39	-	-	-
20	70	127 QQVTSILKGSDEPNQPSVAG 146	-	-	+
21	72	38 YPSYEVKRIKIRTVKYPTVPE 57	(+)	-	-
22	75	45 AVADPAAGQSHSRQKKEFFL 65	-	+	+
23	77	51 GPRKRAAASRNNTMNHVAK 70	-	-	-
24	81	40 TLDCYHTSTSSRBGLIQMD 59	++	+++	1++++/2+++

Peptide code	Kong et al. (2015) peptide code ^b	Synthetic peptide sequence	T1 (4 hours)	T13 (4 hours)	T13 (ON)
25	84	365 EDINPERPPTIAAGTSLDRL 384	+	1+/2+	1++/2+
26	91	632 ERLYGSAGPPPTGEREDTAEK 651	-	-	-
27	92	62 TPSEYVAAPTDSGSELLIGDAAK 81	1+(2/+)	+	1+++/2++
28	93	197 RINEPTAAAIAYGILDRERD 216	+	(+)	1++/2+
29	97	252 NRGQMASASAKITVYDAIHR 271	-	-	-
30	100	402 TSKPSALDKPSGQFLGDVVER 421	-	-	+
31	101	1426 GPPGCGELVTVAHNAWQKAM 1445	+	+	++
32	102	378 DSGHGQITIQEELDTVVKTOH 397	-	-	-
33	104	1092 SDKRCRGGVTVKCDPSVXPG 1111	-	-	-
34	105	3527 DREKCDERTCEPYQFRCKAN 3546	-	(+)	+
35	106	3723 GDDTREDCEPPTAHTTICK 3742	-	-	-
36	108	75 HSDDDCCPKTCADSDPTCD 94	-	-	-
37	109	123 GLDGKKDARQVTSNLSIGTQ 142	-	-	-
38	115	163 RGPVHLQIRDPGQDLKDGTV 182	-	-	-
39	116	196 EPKDDPQRTVLSRGAVLEP 215	-	-	-
40	120	54 SPQPGIIRGDSHPDPATAP 73	-	-	-
41	123	77 DALSSQGRVPTADPAQPR 96	+++	++++	++++
42	124	49 GAAGRGDDHDSVAVGIRRVS 68	-	-	-
43	125	764 AVLAGTTHDDPSIRRSKQFTSMILDERK 790	+	+	++
44	126	1071 TARIWVQVSEPTHLDQR 1088	-	-	-
45	131	33 LRRDDPVASLESPVPTKTR 52	++	1+++/2+/3+	1++++/2+/3(+)
46	132	362 KPNATAEPTPPDRMANNKVR 391	1+++/2(+)	1+++/2+	1++++/2++++
47	140	136 DSSARERKPTVINHYNAKQ 155	-	-	+
48	142	32 TKVQNIHIVESAKIHPDDTG 51	-	-	-
49	143	400 KLQGGIPDSGDAGRLEKPEPH 419	-	-	-
50	149	840 KVASVEEQGZEISGRNRQQL 859	-	-	-
51	150	478 SYLQREANTNDVVIQSRKPK 497	++	+	++

Peptide code	Kong et al. (2015) peptide code ^b	Synthetic peptide sequence	T1 (4 hours)	T13 (4 hours)	T13 (ON)
52	153	24 HDPAALFTIARSDAIGIRANAC 43	-	-	-
53	157	124 HRELIQOMAVTTRBGRFLKXI 143	-	-	2+/3+
54	158	289 LPAVSAADPLETPEKREQPP 306	-	-	-
55	161	141 LADSLFVWPSARPPSLSLR 160	+	++	++
56	162	627 HSLDGLQSLDQVAKREVG 646	-	-	-
57	164	202 AMEGIFIKSVESPAHDEL 221	-	-	-
58	168	1968 DPERKADPPVPTSNRTVQ 1987	+	++	++
59	174	422 KVAALISAQDPVVAVAEDG 441	-	-	-
60	175	514 HVDENKQPSRHAGKADG 533	-	-	-
61	177	1500 GRDEANCTHSTLTQNSRF 1519	+	+	1+/2+
62	180	82 ADKNAATLVPSSEHALVND 101	-	-	-
63	181	145 TKAGILRLKTEKTKKKEEL 164	-	-	-
64	192	1235 SFKMGPTGQKTRRVQKDD 1254	-	-	-
65	193	61 GEDENKCVKTCARSDPVCN 80	-	-	-
66	194	79 GRMGRARSPGVVAKVYVA 98	-	-	-
67	-	336 DEEVLATSEFPVGRKLVDA 355	-	-	-
68	-	327 LRGRTKELAVTVKKHLQDLS 346	-	-	-
69	-	335 GTLVKKHLQDLSGRISRABH 354	-	-	-
70	-	173 KLTASRTVSRKQKKAATTA 192	-	-	-
71	-	358 AVCCAMVPTVPLPTNDVY 377	++	++	+++
72	-	66 SSTQDPHRGRQTLISLRGIA 85	1+/2+/3+	1+/2+/3+	++
73	-	15 EALHLSRHSSTFTPLDAKT 34	++++	++++	++++
74	-	149 SEMLEARTNRMQTLADFRQ 168	+	+	+
75	-	180 NPFKIDRTFPIPTDPSQKA 199	+	+	+
76	-	589 ICRGRENASAGDPIISGTC 608	-	-	-
77	-	593 GICGTSYPTTSVPTFRYGDH 612	+++	++	1++++/2++++/3+++
78	-	231 KPSLDPARTQGTVPHANTRQ 250	+	+	++

Peptide code	Kong et al. (2015) peptide code ^a	Synthetic peptide sequence	T1 (4 hours)	T13 (4 hours)	T13 (OM)
79	-	172 GSTRNKDPTRRPRLKMGING 191	-	-	+++
80	-	179 YFRRLPELNGTNRGSSITSP 198	1+++/2++	1+++/-2++	1+++/2++++/3+++
81	-	320 ADKLSFGLDEPILRTATYEN 339	++++	+++	++++
82	-	349 RSTGDEGVTTHADSLKMAALV 368	++++	++++	++++
83	-	130 DRTVVTLPDPTREPLDPPQEK 149	+++	++	++++
84	-	422 KRGLGASHHITTKEMALDPS 441	-	-	-
85	-	57 PRAHEVERISVRIYVPSSEK 76	-	-	+
86	-	44 TMDTRKSDITVAITPRARVS 63	++	++	+++
87	-	364 RFRPHEPDRERPTTAATSID 383	+	+	1++/2++/3+/4+
88	-	270 TAREKPTREVGVEVRINDVM 289	-	-	2+/3(+)
89	-	581 ISLFPGGTTVQAKENGTIVT 600	-	-	++
90	-	160 PGRPRGQAPTSPPRNTVHSD 179	++	1++/2+/3+	++++
91	-	266 DKYGGPLDGYTTKREDFVHC 285	-	-	-
92	-	117 PRESKQALGTARQDWNHSD 136	+++	+++	++++
93	-	108 DIFLAVTFRDTPALLNGEA 127	-	-	+
94	-	64 SKAHTPPGNAEVTNIPKME 83	1++++/2++	++++	1++++/2+++/3+++
95	-	587 LRYLGGDMTDSKPTVETLAD 606	+	++	1+++/2+
96	-	597 SKPTVETLGGPTVKSSEITTP 616	+	+	1++/2+/3+/4+
97	-	304 GLEDVGTTPSYKALRGGGA 323	+	+	1++/2++
98	-	20 GLADRAPLTATAPQLDRESM 39	+	++	++
99	-	391 TRLDALTVHVTQDPKGGPCR 410	-	-	-
100	-	67 ADLDLAVTLSSKQALATP 86	-	-	-
101	-	74 VTLSSKQALATPKREHKK 93	-	-	+
102	-	64 PVQKPKLLITREKPRGQGGK 83	-	-	-
103	-	886 ADALCQHTCPDRPKCENN 905	-	-	-
104	-	251 SPQVTRLDPSGYALAYRLTP 270	+	+	++
105	-	259 DSGYGLAYRLTWVHHLVQ 278	-	-	+

Peptide code	Kong et al. (2015) peptide code ^a	Synthetic peptide sequence	T1 (4 hours)	T13 (4 hours)	T13 (ON)
106	-	331 LPPTVLAATATAVAAVTLQSH 350	-	-	-
107	-	345 TQRFVAKEDVYKTPANLEKGYFQ 364	-	-	-
108	-	651 KDVVAAPTLSSVQTRGSRVIAF 670	-	-	+
109	-	154 KTWVCGSEVTKDKLSDQNSG 173	+++	++	++++
110	-	90 PHEAGGSGQVPTPKKLEEN 109	-	-	(+)
111	-	105 TEIDNANHIIKTTLQQSRKDP 124	-	-	-
112	-	50 DQSTKSHPRDQTPKDSPEK 69	-	-	(+)
113	-	120 KQSTSKSHPRDQTPKDSPEK 139	+	-	+
114	-	257 PERKIKERKPTIENPSEIKELP 276	-	-	-
115	-	32 SRGSLERKVTVTVEIQMLEG 51	-	-	+
116	-	198 TRLAQEAASRKLTRAVDSDPS 217	-	-	-
117	-	330 GKVTNRHRSLSERQRIVTGR 349	-	-	-
118	-	149 CEQCGKLPTRHSSLIRHKA 168	-	-	-
119	-	590 HLNSTVGIQLTPALPSVQDLCS 609	++++	+++	Not detected
120	-	91 LNIQNKIIVAQTKSPRETDKE 110	+	+	1+++2+
121	-	650 DPVKIQDVLPTSQGVVHKQV 669	-	-	+
122	-	344 AMSQSLIKTTQSEPLAR 359	+	++	1++/2+
123	-	361 PVKLPYTTAASTPDAVDK 377	+	-	++
124	-	643 RPAADRGILTRVAGSEL 658	+	1+//2+//3+	++
125	-	653 EDGSGLTIKITERISEVK 670	-	-	-
126	-	203 VEQGRVFA ATVGSIAQDP 220	-	1+//2(+)	++
127	-	301 VQAAVGTSAALVPSIDNH 317	-	++	1+++2+
128	-	53 PSEPRVTTYTKAPVDTGRVFA 72	-	-	-
129	-	213 GHDLANRSPFDQFSTGEDPAL 232	++	++	+++
130	-	1089 VIGDTHASRVSQKNTK 1106	+	+	++
131	-	32 GADPKKEPTDTESDTGLYY 51	+	1++++2+++	1++++/2+++
132	-	379 HDQLLAQKRIEYHQVIGQMEQK 399	-	-	-

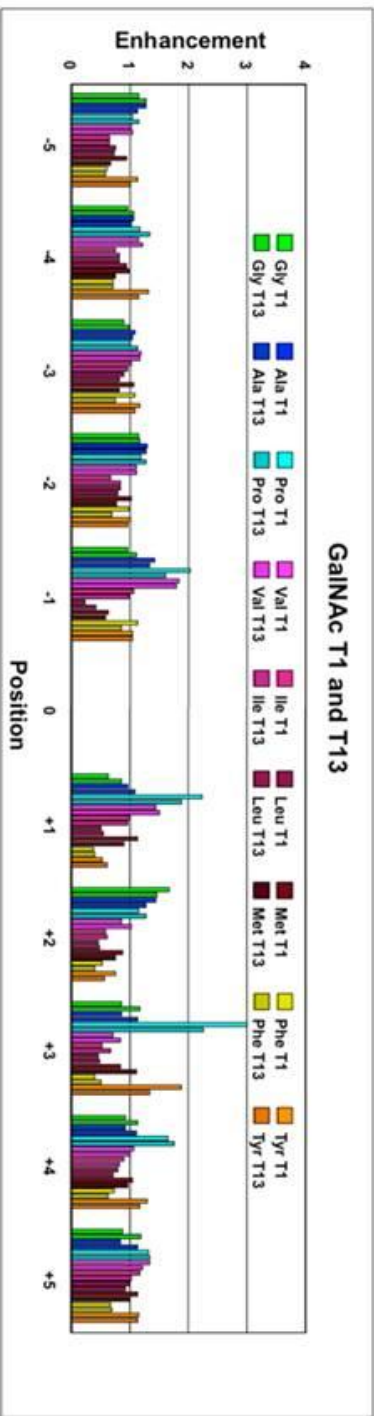
Peptide code	Kong et al. (2015) peptide code ^a	Synthetic peptide sequence	T1 (4 hours)	T13 (4 hours)	T13 (ON)
133	-	420 MCHGSGAGVYETIQHFIDI 439	++	++	1+++/2+
134	-	278 DKYREBALPTLLDPAVSAP 295	++	+	1+++/2+
135	-	358 RRFHGGDPTTADPGRQAO 377	(+)	(+)	+
136	-	375 AQDVASDPSSPQRIAPSR 394	+	++	++
137	-	379 GEVTKKILFPVTSAPRGLP 398	1+++2++	1+++/2++	1+++2+++
138	-	669 TGRDISTNYVASQKTFEIN 688	-	-	-
139	-	34 ADAYFPERHMSPEPDLQAPR 53	(+)	+	++
140	-	212 TNKFEOKTVAVYTRQKFTSGR 231	+	+	1++/2+
141	-	294 LQRTETGATSTVTPSRALPL 313	1+++2++(3+)	1+++/2++	1++++2++++3++++
142	-	169 LQGGDDVTGERDQKDEPLM 188	+	+	++
143	-	340 HKDVTENLSTQVVERSLRSD 359	-	-	-
144	-	211 AVIEPQGTSLDPRRAVPT 230	++	+	1+++/2+/3+
145	-	218 GTELPBRRAVVTKPTGLPPA 237	1+2+	1+2++	1+2+++3++/4+
146	-	147 SAFPSTALPDRDDSSQS 166	++	++++	1++++/2+++
147	-	418 TNENAIIDLPITIKKYLHS 437	+	+	+
148	-	408 PESPALREVTNENAIIDLD 427	++	++	1+++/2+
149	-	193 MRRHSLRQKTDADPKVLTK 212	++++	++++	++++
150	-	601 VNGAKIPLLSVHQRELIKE 620	-	-	+
151	-	699 GTEVGQTDGDTGQPAFLS 718	(+)	(+)	1++/2+
152	-	899 DEIDSPHMTHTSVRQHRD 918	+	+	1+++/2+
153	-	1028 VRYKSTASRTATLVMADPL 1047	+	+	++
154	-	116 GRRLDINNTYTSQDLKAL 135	-	-	-
155	-	702 GRILTYHRIELVTRGRYIA 721	(+)	1(+)/2(+)/3(+)	1+2+
156	-	60 ARIKRLITSTAIKIDPGRVIG 79	+	+	++
157	-	523 PKKDPSPQPTERDPSRHHVH 542	-	(+)	+
158	-	28 SQDBSIDSKTTLTSDSVD 47	-	-	-
159	-	38 TLTSDSVDKDHHTAQRVAVG 57	-	-	++

Peptide code	Kong et al. (2015) peptide code ^a	Synthetic peptide sequence	T1 (4 hours)	T13 (4 hours)	T13 (ON)
160	-	140 LQDVIKSNKFTSTALDPR 159	++	+++	1++++/2+++
161	-	425 FNIDANSGVITTKKELDREF 444	(+)	+	1++/2+
162	-	891 QQRKADPRSSASSGQIILK 910	-	-	-
163	-	47 DTAKKQFPGGANTANKERTLD 66	-	-	-
164	-	44 FVQRVYQPFLLTCDGHRACS 63	-	1(+)/2(+)	1++/2+/3+
165	-	143 PRAGTPELIRPKATVLTLEAT 162	(+)	(+)	1++/2(+)
166	-	386 VTTVAHRTSDSDVDSGVTVEVVK 405	1++(2+)(3+)	1++/2++/3(+)	1+++/2++++/3++++/4+++
167	-	1 MTTNAGDLDHVMQHLFLDN 20	1+++/2+	1++++/2++	1++++/2+++
168	-	956 DLDRVVLDPNFSNRPQVRPL 975	-	-	-
169	-	95 ATRDGTGDLTTAVTPNVRIG 114	1++(2+)(3+)	1+++/2++/3++	1+++/2++/3++++/4++
170	-	38 LDHHPYVGSRPVTVGGVLFPS 57	++	++	+++
171	-	176 PLTMASPTDSRPVGVILLNR 195	-	-	(-)
172	-	38 RPPSGDHSADQFVTERSEM 57	++	++	1+++/2++
173	-	35 SALPGRDQGTFDYSHRDV 55	-	-	+
174	-	797 ADHQOATTAASPLRHLIG 815	++	+++	++++
175	-	1141 TSDPSHRSSPELSEMLEYD 1161	-	-	-
176	-	31 YRRQPVGTGGGAAVAADA 50	-	-	-
177	-	325 RLYVNSVSTLSEMSHAK 344	+	+	1++/2+
178	-	273 KPHFTTYSTESSEHFKDQD 292	++	1++++/2++/3++	1++++/2+++
179	-	106 SGNLITWGSTGGSKDPAAS 125	-	-	+
180	-	68 PVALRIARQSVVADAPQAKAK 87	-	-	+

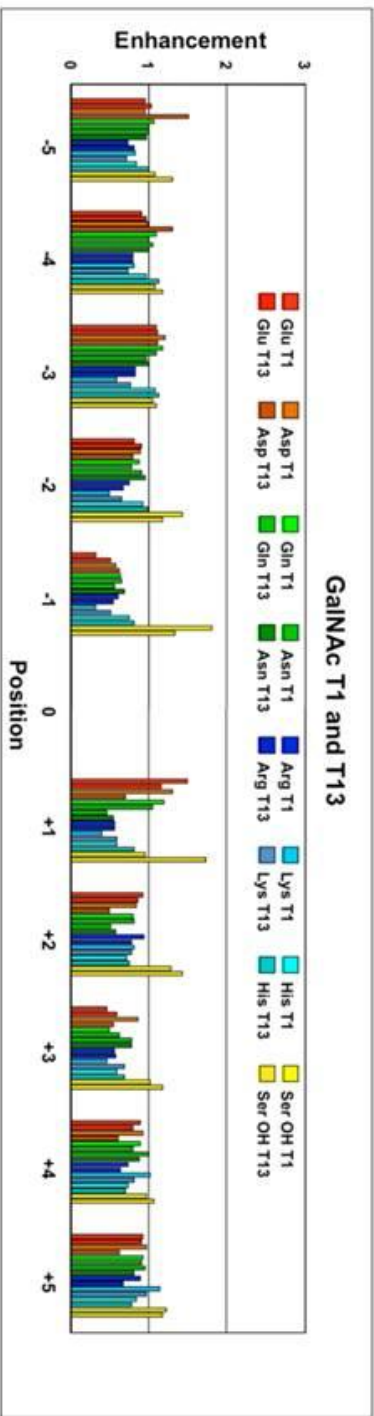
^a La incorporación de GalNAc es cuantificada de forma aproximada de la siguiente manera: (+): la intensidad del pico correspondiente al péptido con GalNAc es menos del 5% de la correspondiente al péptido no glicosilado; +: la intensidad del pico correspondiente al péptido con GalNAc es entre 5-25% de la correspondiente al péptido no glicosilado; ++: la intensidad del pico correspondiente al péptido con GalNAc es entre 25-100% de la correspondiente al péptido no glicosilado; +++: la intensidad del pico correspondiente al péptido con GalNAc es entre 100-500% de la correspondiente al péptido no glicosilado. Los números de GalNAc incorporadas se muestran cuando se adicionó más de una GalNAc y el péptido-GalNAc menos predominante se define al comparar con el principal péptido-GalNAc cuya intensidad de pico es mayor que la correspondiente al péptido no glicosilado.

^b Los péptidos 1-66 fueron glicosilados *in vitro* con diferentes GalNAc-Ts (incluyendo la GalNAc-T1) por Kong et al.¹⁶¹.

A



B



C

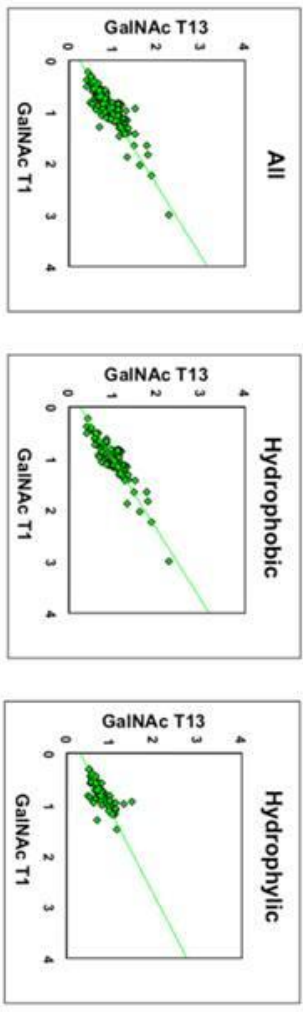


Figura 18- Gráficas de las preferencias de sustrato peptídico de la GalNAc-T1 y la GalNAc-T13 obtenidas con sustratos peptídicos cortos al azar, mostrando la casi idéntica especificidad de sustrato del dominio catalítico entre ambas transferasas. A y B – Gráficas comparativas de los valores de acrecentamiento (*Enhancement values*) para los residuos de aminoácidos hidrofóbicos (A) e hidrofílicos (B) para la GalNAc-T1 y la GalNAc-T13. C- Valores de acrecentamiento de la GalNAc-T13 graficados contra los de la GalNAc-T1 para todos los residuos (panel izquierdo, $r^2= 0.75$), los residuos hidrofóbicos (panel del medio, $r^2= 0.81$) y para los residuos hidrofílicos (panel derecho, $r^2= 0.49$). Nótese que en A y en B la posición 0 representa la Thr glicosilada en los sustratos peptídicos al azar como se describió en Materiales y Métodos. Los valores de acrecentamiento mucho mayores que 1 sugieren que la transferasa posee una alta preferencia por el residuo, mientras que valores mucho menores que 1 sugieren que el residuo ejerce un efecto inhibitorio sobre la transferasa. En las figuras 19 y 20 se muestra la comparación de las preferencias por los residuos aminoacídicos individuales y sus desviaciones estándar. Los datos de la GalNAc-T1 se tomaron de ⁹⁶.

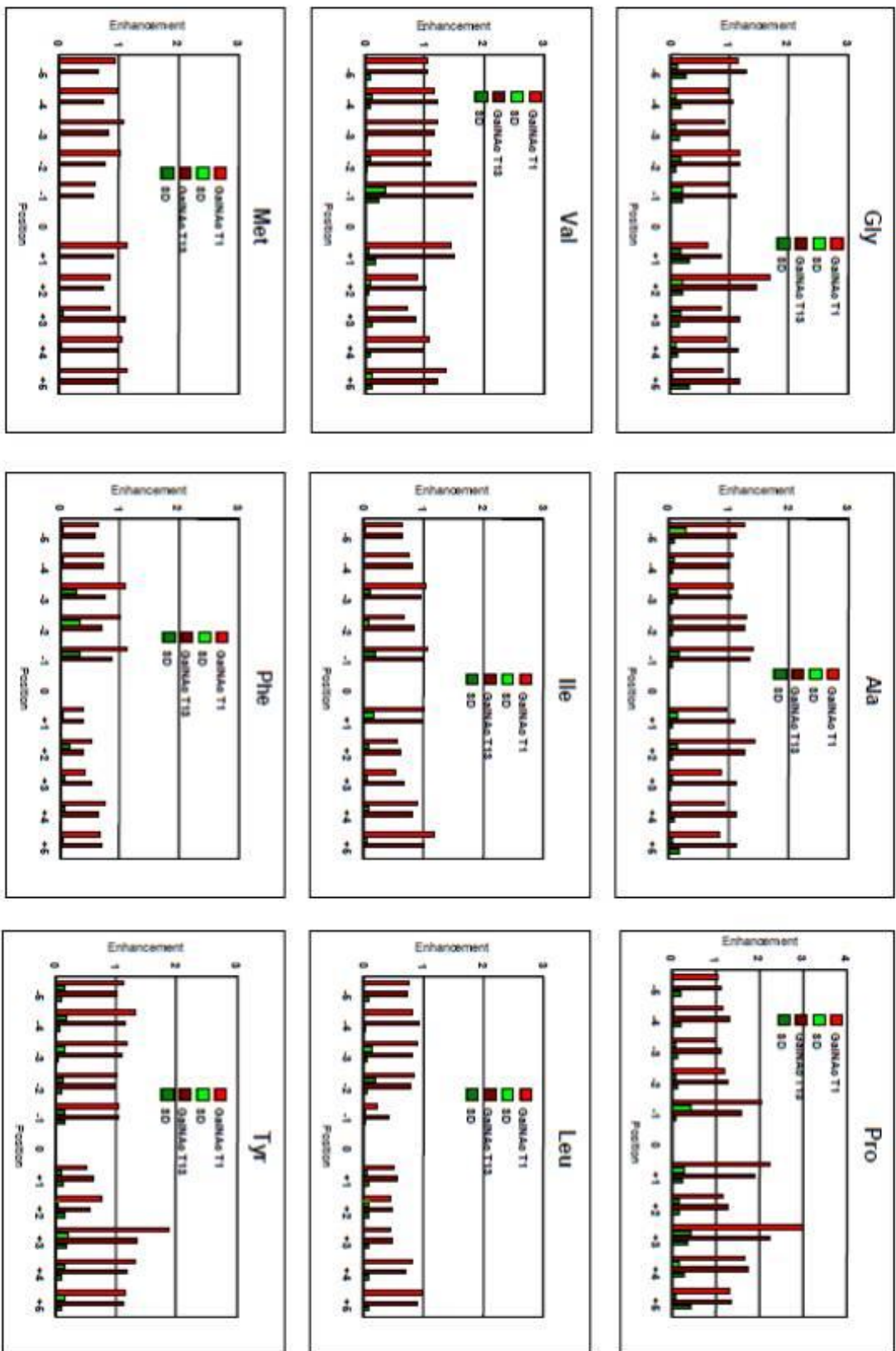


Figura 19- Comparación de los valores de acrecentamiento para los residuos hidrofóbicos de la GalNAc-T1 y la GalNAc-T13. Gráficas de los valores de acrecentamiento de la GalNAc-T1 y la GalNAc-T13 por los residuos de aminoácidos hidrofóbicos Gly, Ala, Pro, Val, Ile, Leu, Met, Phe, y Tyr. Estas gráficas muestran la casi idéntica especificidad por los sustratos peptídicos del dominio catalítico de estas dos transferasas. La posición 0 representa la Thr glicosilada en el péptido al azar. Los datos fueron obtenidos a partir del análisis de 3 sustratos peptídicos al azar únicos como se describe en Materiales y Métodos. Los valores de acrecentamiento están en rojo y las desviaciones estándar en verde. Los valores de acrecentamiento mayores a 1 sugieren que la transferasa posee una alta preferencia por el residuo mientras que valores mucho menores que 1 sugieren que el residuo ejerce un efecto inhibitorio sobre la transferasa. Los datos de la GalNAc-T1 se obtuvieron de ⁹⁶. Nótese que los valores de acrecentamiento de la GalNAc-T13 por Ile, Met y Phe se obtuvieron de una sola determinación con el péptido PVII.

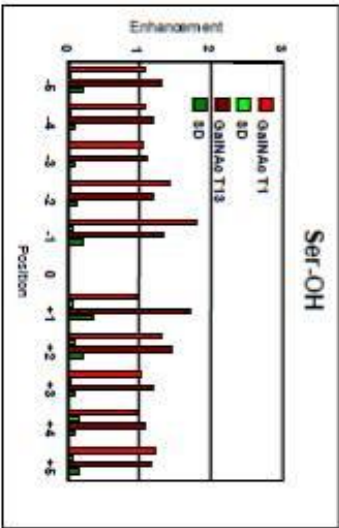
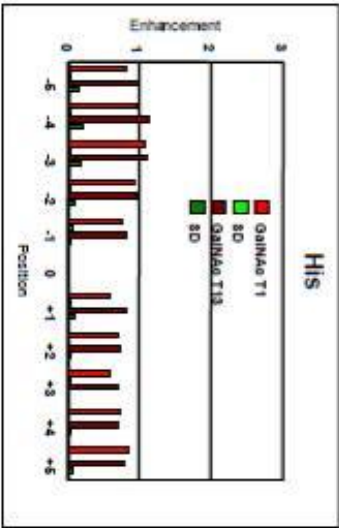
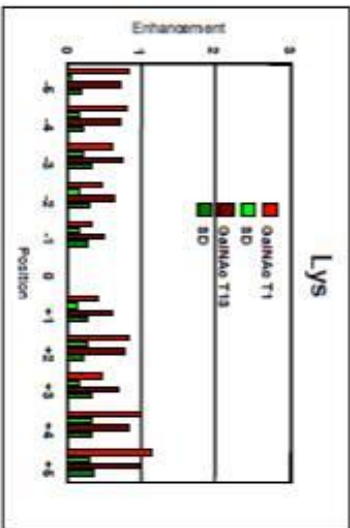
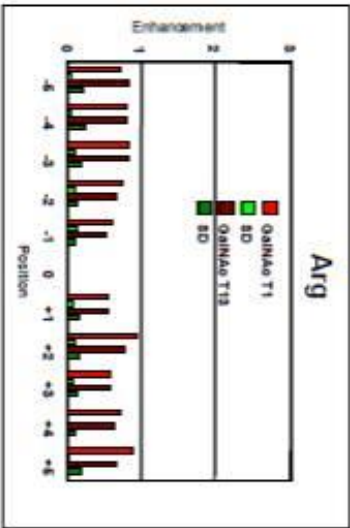
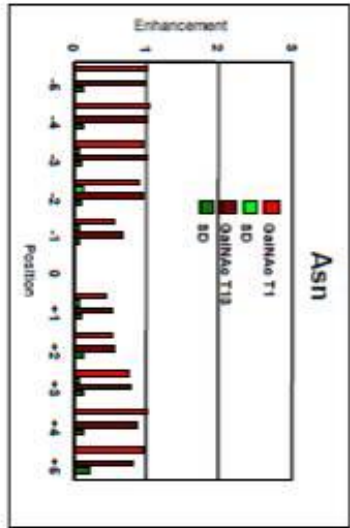
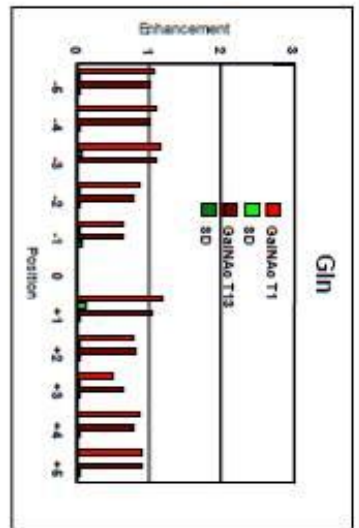
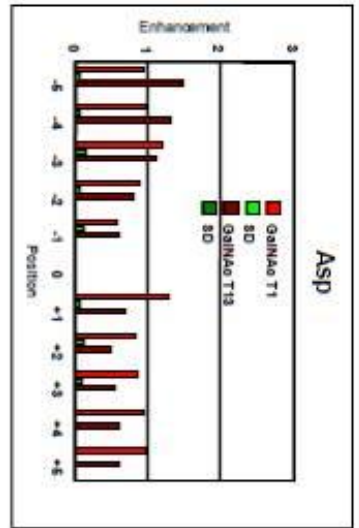
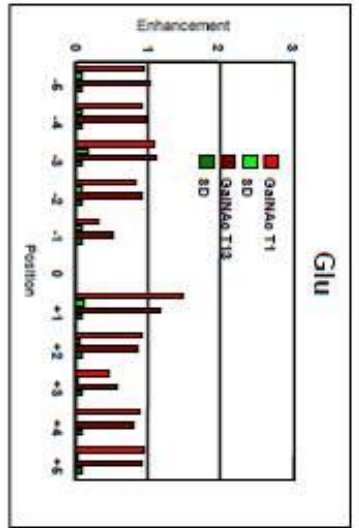


Figura 20- Comparación de los valores de acrecentamiento para los residuos hidrofílicos de la GalNAc-T1 y la GalNAc-T13. Gráficas de los valores de acrecentamiento de la GalNAc-T1 y la GalNAc-T13 por los residuos de aminoácidos hidrofílicos Glu, Asp, Gln, Asn, Arg, Lys, His y Ser. Estas gráficas muestran la casi idéntica especificidad por los sustratos peptídicos del dominio catalítico de estas dos transferasas. La posición 0 representa la Thr glicosilada en el péptido al azar. Los datos fueron obtenidos a partir del análisis de 3 sustratos peptídicos al azar únicos como se describe en Materiales y Métodos. Los valores de acrecentamiento están en rojo y las desviaciones estándar en verde. Los valores de acrecentamiento mayores a 1 sugieren que la transferasa posee una alta preferencia por el residuo mientras que valores mucho menores que 1 sugieren que el residuo ejerce un efecto inhibitorio sobre la transferasa. Los datos de la GalNAc-T1 se obtuvieron de ⁹⁶. Nótese que el valor de acrecentamiento de la GalNAc-T13 por Asp se obtuvo de una sola determinación con el péptido PVII.

Los resultados muestran, con unas pocas excepciones, casi idénticas preferencias por sustratos peptídicos de los dominios catalíticos de estas dos isoformas. Esto era lo esperado ya que los residuos de unión al péptido en los dominios catalíticos de la GalNAc-T1 y la GalNAc-T13 comparten un 96-100% de identidad de secuencia, mientras que los dominios catalíticos enteros son 88% idénticos¹⁴⁴. Por el contrario, se ha reportado previamente que estas dos isoformas exhiben ligeramente diferentes preferencias por sustratos glicopeptídicos mediadas por el dominio lectina¹¹³. Nuevamente, esta diferencia puede ser consistente con la determinación de que los dominios lectina de la GalNAc-T1 y la GalNAc-T13 poseen una menor identidad de secuencia (83%)¹⁴⁴.

3. Análisis funcional de las variantes de splicing de la GalNAc-T13

No se pudo obtener una enzima Δ Ex9 pura y activa ya que no fue efectivamente secretada por las células de insecto. Sin embargo, la GalNAc-T13 y las variantes Ex10b y Δ 39pbEx9 fueron eficazmente expresadas. Las enzimas se purificaron hasta homogeneidad aparente y se evaluaron en iguales concentraciones por ensayos de glicosilación *in vitro*. La variante Δ 39pbEx9 parece ser inactiva. La variante Ex10b fue

activa de forma similar a la GalNAc-T13 utilizando el mismo pequeño panel de péptidos (Tabla 3), en concordancia con un reporte previo²⁸⁷. Luego se analizó el comportamiento de la variante Ex10b (Figura 21) contra una serie de sustratos glicopeptídicos al azar para estudiar la función de su dominio lectina, como se describió previamente^{112,113}. Los resultados indican que no existe diferencia en la utilización del dominio lectina por la variante Ex10b comparado con la GalNAc-T13 (Figura 21B y C) con una utilización casi idéntica de los glicopéptidos N- y C-terminales (Figura 21D). Esto es consistente con estudios previos sobre la GalNAc-T13¹¹³. Nótese, sin embargo, que con los mismos sustratos glicopeptídicos, se he mostrado previamente que la GalNAc-T1 exhibe una bastante mayor preferencia por los glicopéptidos C-terminales (GP(T*22)R) que por los glicopéptidos N-terminales (GP(T*10)L), lo que es significativamente diferente a lo que se observa con la GalNAc-T13¹¹³.

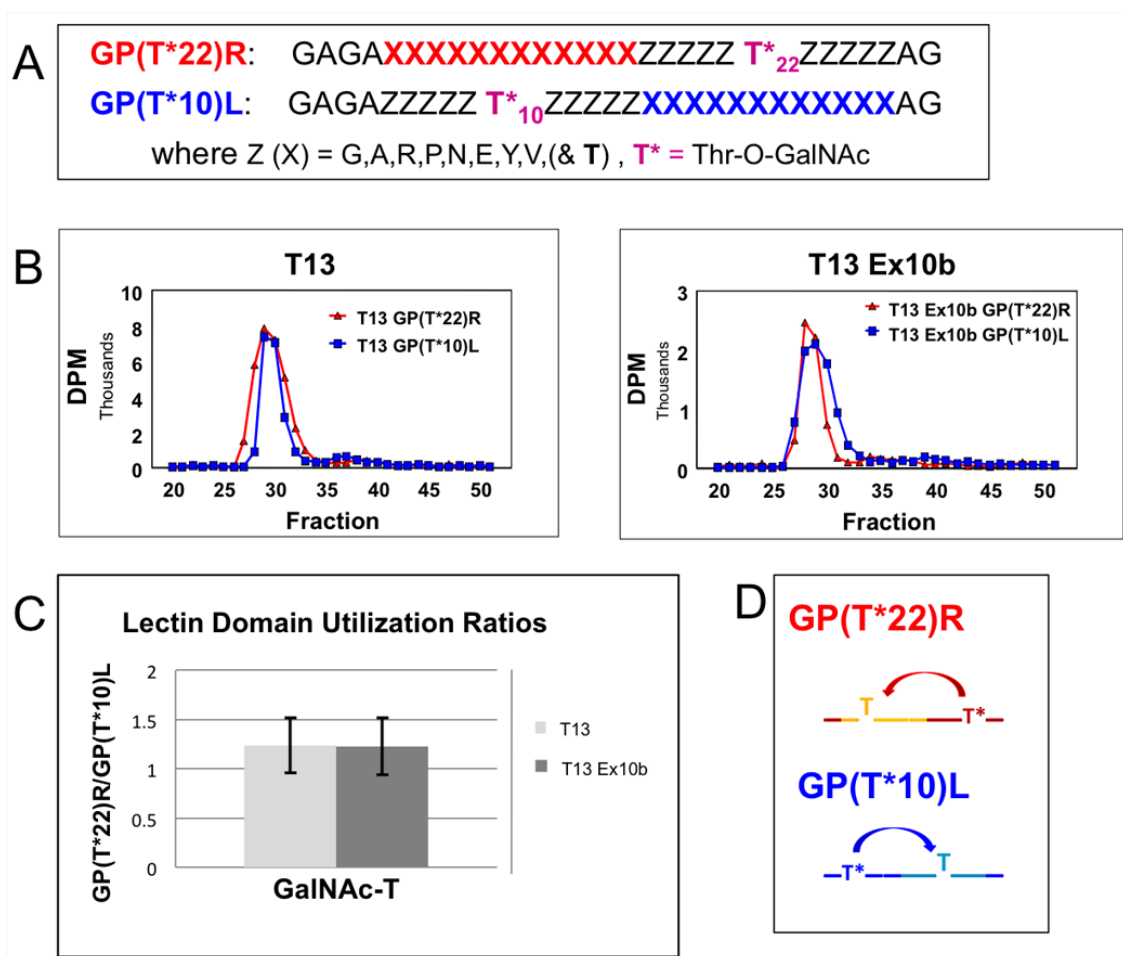


Figura 21- Comparación de los dominios lectina de la GalNAc-T13 y su variante de *splicing* GalNAc-T13 Ex10b. A- Secuencias de los sustratos glicopeptídicos N- y C-terminales para el análisis de los dominios glicopeptídicos^{112,113}. B- Análisis representativo de la gel filtración de los productos de reacción, lo que demuestra una muy similar utilización de sustratos por la GalNAc-T13 y la variante Ex10b. C- Cociente entre la utilización del sustrato GP(T*22)R y GP(T*10)L para la GalNAc-T13 (gris claro) y para la variante Ex10b (gris oscuro) (valores promediados basados en 6 y 8 determinaciones, respectivamente, con las barras de error representando a las desviaciones estándar). D- Representación esquemática del análisis de la actividad del dominio lectina con GP(T*22)R y GP(T*10)L.

4. Detección de ARNm de las variantes de *splicing* de la GalNAc-T13 en líneas celulares y tumores de neuroblastoma

Se investigó la expresión de las variantes de *splicing* de la GalNAc-T13 en las líneas celulares IGR-N-91 BM, IGR-N-91 PTX, IMR-32, HeLa y A549, utilizando un conjunto de *primers* diseñados específicamente para cada variante (Tabla 1). Este análisis fue positivo para todas las variantes en la línea celular metastásica IGR-N-91 BM, mientras que ninguna variante se detectó en la línea celular derivada del tumor primario IGR-N-91 PTX (Figura 22). Todas las otras líneas celulares evaluadas expresan todas las variantes. La mayoría de las variantes se detectaron en cerebro humano normal (SNC), aunque en menor nivel, exceptuando a la variante $\Delta 6/8-39\text{bpEx}9$ (Figura 22).

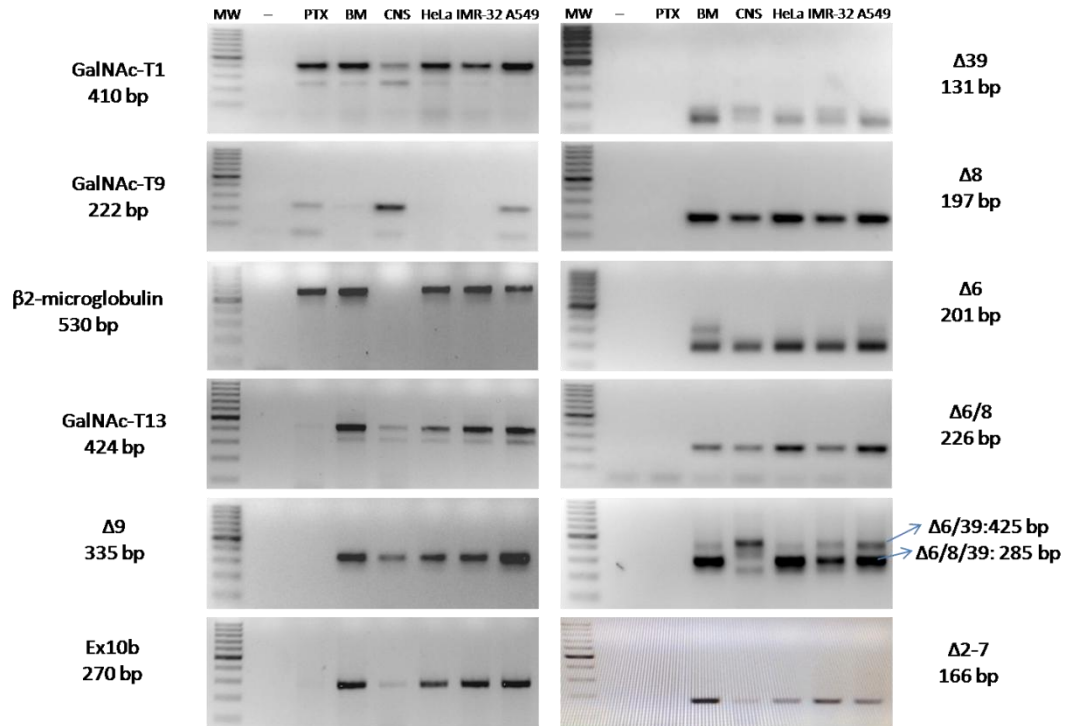


Figura 22- RT-PCR de la GalNAc-T13 y sus variantes de *splicing* en 5 líneas celulares tumorales diferentes y en tejido de cerebro normal. MW: marcador de peso molecular (100 bp *DNA Ladder*, NEB), -: control negativo (agua), PTX: IGR-N-91 PTX (línea celular de neuroblastoma derivada del tumor primario), BM: IGR-N-91BM (línea celular de neuroblastoma metastásico), CNS: tejido de sistema nervioso central (cerebro). El gen de la $\beta 2M$ ($\beta 2$ -microglobulina) se amplificó para verificar la calidad del ADNc (excepto para CNS, donde se usó la GalNAc-T9 como control).

Para determinar si las variantes de *splicing* están presentes en muestras clínicas, se analizaron 17 tumores primarios de neuroblastoma por RT-PCR. Se encontró que la GalNAc-T13 Δ Ex9 estaba presente en 16/17 tumores, la GalNAc-T13 Δ 39bpEx9 en 5/17 tumores, la GalNAc-T13 Ex10b en 16/17 tumores y la GalNAc-T13 Δ Ex6/8 en 5/17 casos (Figure 23).

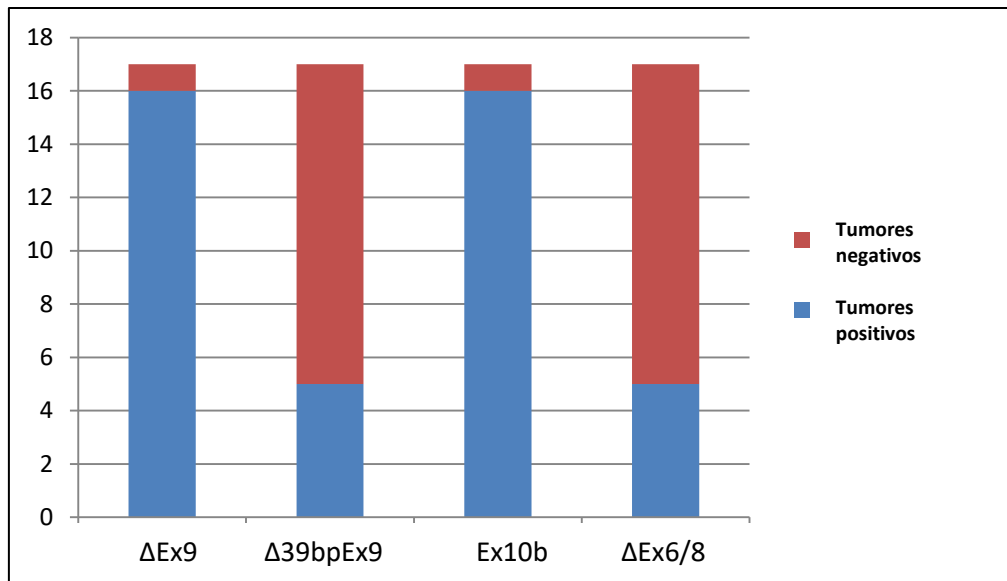


Figura 23- RT-PCR de las variantes de *splicing* expresadas en 17 tumores primarios de neuroblastoma

5. Generación de líneas celulares *COSMC*^{-/-} and *COSMC*^{-/-} *GALNT13*^{-/-} utilizando la tecnología de las ZFN y de las *Crispr/Cas9*

Se utilizó la estrategia de las SC²⁷ para desarrollar un análisis O-glicoproteómico cuantitativo que nos permita identificar los sustratos específicos de la GalNAc-T13 *in vivo*. La estrategia de las SC se basa en realizar el *knock-out* (KO) del gen *COSMC*, la chaperona privada de la enzima C1GalT1 que controla la mayor parte de la extensión de los O-glicanos en las células, lo que simplifica el O-glicoproteoma a O-glicanos Tn homogéneos que pueden ser capturados por cromatografía con la lectina VVA (Figura 24).

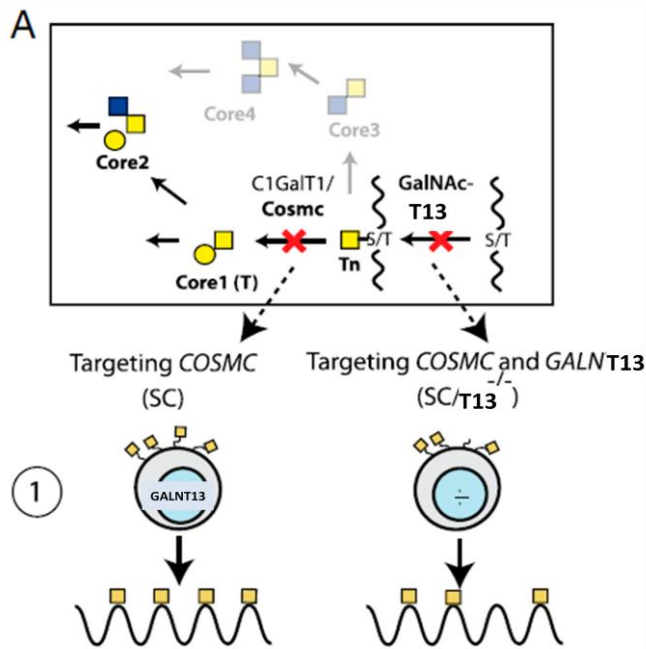


Figura 24- Análisis de la función específica de la GalNAc-T13 haciendo KO de dicha enzima. Representación de la estrategia utilizada para la identificación de los O-glicoproteomas diferenciales específicos de la GalNAc-T13. La mutación de *COSMC* con las ZFN en las células de interés genera líneas celulares (SC) con O-glicosilación homogénea y truncada (Tn) y la subsiguiente mutación de *GALNT13* (*SC/T13^{-/-}*) elimina la O-glicosilación no redundante de la GalNAc-T13 permitiendo realizar un análisis comparativo de los O-glicoproteomas de líneas celulares isogénicas con y sin *GALNT13*. Modificado de ¹³²

Como se ha reportado que la GalNAc-T13 está relacionada con la malignidad en el neuroblastoma²⁸⁹, se eligió trabajar con las líneas celulares de neuroblastoma humano IGR-N-91 BM y SHSY5Y (ambas expresan GalNAc-T13) (Figura 22 y ³⁰³). Se probaron diferentes métodos y condiciones de transfección pero siempre se obtuvieron bajas eficiencias de transfección o reducida viabilidad celular. Por dicho motivo, se continuó trabajando con la línea celular de cáncer de pulmón humano A549, teniendo en cuenta que la GalNAc-T13 ha sido recientemente implicada en la metástasis del cáncer de pulmón en ratón^{290,291} y ha sido propuesta como factor pronóstico útil en el cáncer de pulmón humano²⁸⁸. También trabajamos con la línea celular HEK-293 ya que también presenta una alta expresión de GalNAc-T13²⁸⁷. La GalNAc-T1 también se expresa en ambas líneas celulares (Figura 22 y <http://www.proteinatlas.org/>).

Se hicieron KO secuenciales de *COSMC* (SC) y de *GALNT13* (SC T13^{-/-}) en cada línea celular mediante el uso de la tecnología de las ZFN y de las Crispr/Cas9, respectivamente^{52,132}. Las estructuras de los O-glicanos producidas en A549 son principalmente ST y muy poco (o casi nada de) Tn (resultados no mostrados), por tanto, las A549 SC fueron seleccionadas por su alta reactividad con un anticuerpo anti-Tn y se validaron secuenciando su ADN. Las células HEK-293 no expresan Tn, por tanto las HEK-293 SC se seleccionaron de la misma forma que las A549 SC (Figura 25).

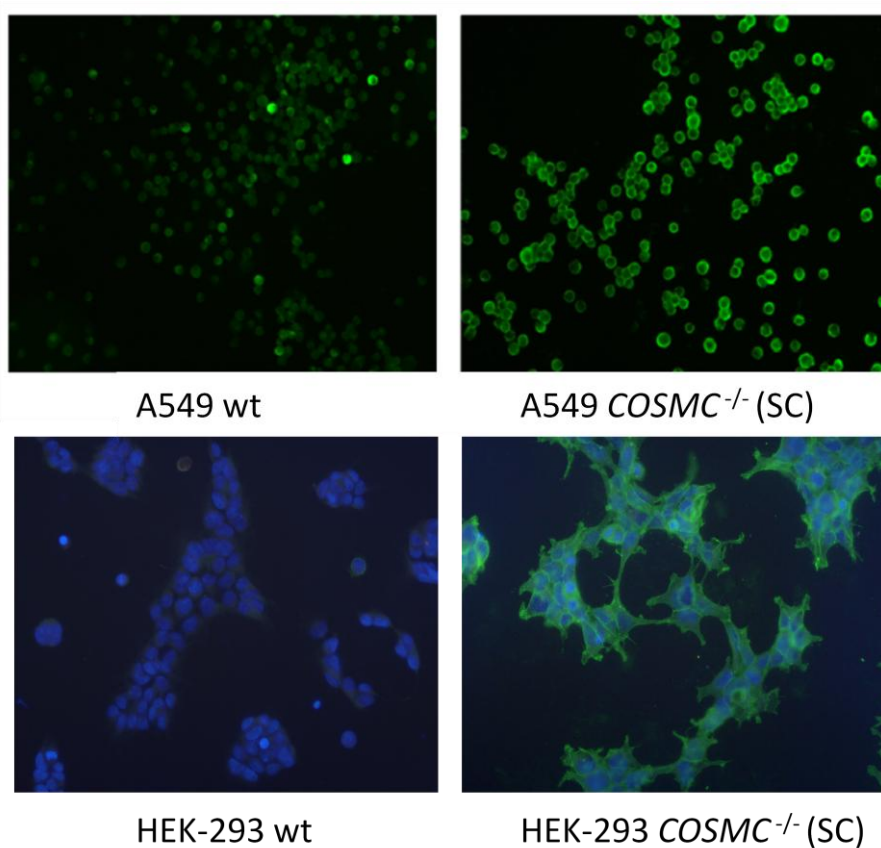


Figura 25- Inmunofluorescencia de los clones SC y de sus correspondientes líneas celulares wt con el anticuerpo monoclonal anti-Tn (5F4).

Una vez que se obtuvieron los clones SC para cada línea celular, cada clon fue transfectado con el par Crispr/Cas9 para mutar *GALNT13*. Como el plásmido Cas9 codifica para la GFP, se seleccionaron las células GFP+ por FACS. Estos grupos de

células GFP+ fueron analizadas por IDAA para evaluar la eficiencia de mutación (Figura 26). La mayoría de las células A549 SC GFP+ estaban mutadas (>80%) y siendo el *indel* más frecuente la inserción de 1 pb. Sin embargo, las HEK-293 SC GFP+ mutadas representaron sólo un 40% de las células totales GFP+, y la inserción de 1pb también fue el *indel* más frecuente (Figura 26).

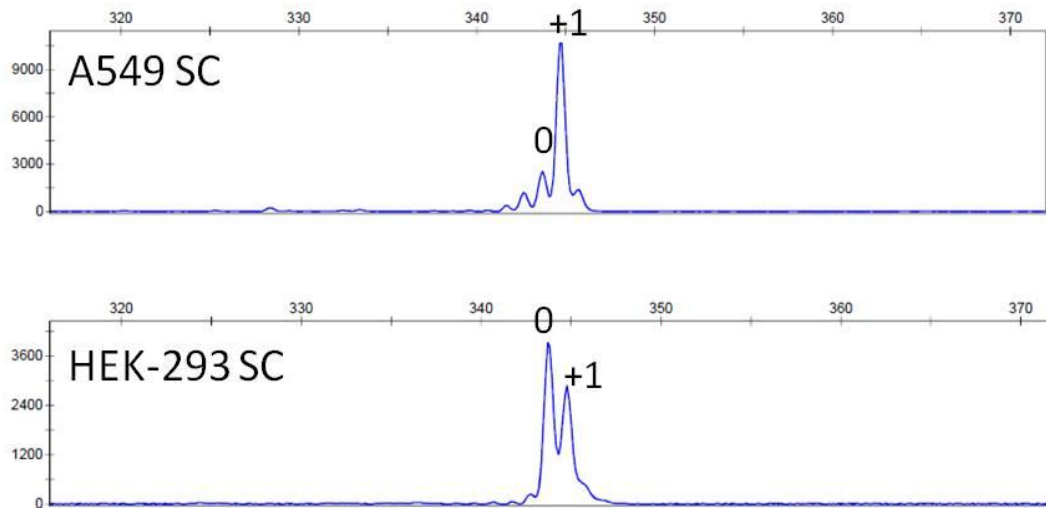


Figura 26- Análisis por IDAA de las células GFP+. IDAA de las células A549 SC y HEK-293 SC una semana después del enriquecimiento por FACS de las células GFP+ generadas por la transfección con Cas9 y con el ARNg para mutar *GALNT13*. La posición del pico correspondiente al amplicón *wt* no modificado se indica con un 0 y el tamaño de los *indels* (en pb) se muestra sobre los picos más prominentes. Estos resultados nos dan un estimativo de la eficiencia de mutación luego de la transfección de las SC con Cas9/Crispr para mutar *GALNT13*. Los resultados en ambas líneas celulares revelan que el *indel* predominante es la inserción de 1 pb (+1).

Los clones SC/T13^{-/-} fueron analizados por IDAA y luego se confirmó la mutación por secuenciado (Figura 27 y 28). Se seleccionó el clon A2 A549SC T13^{-/-} y el clon D11 HEK-293 SC T13^{-/-} para realizar el análisis glicoproteómico.

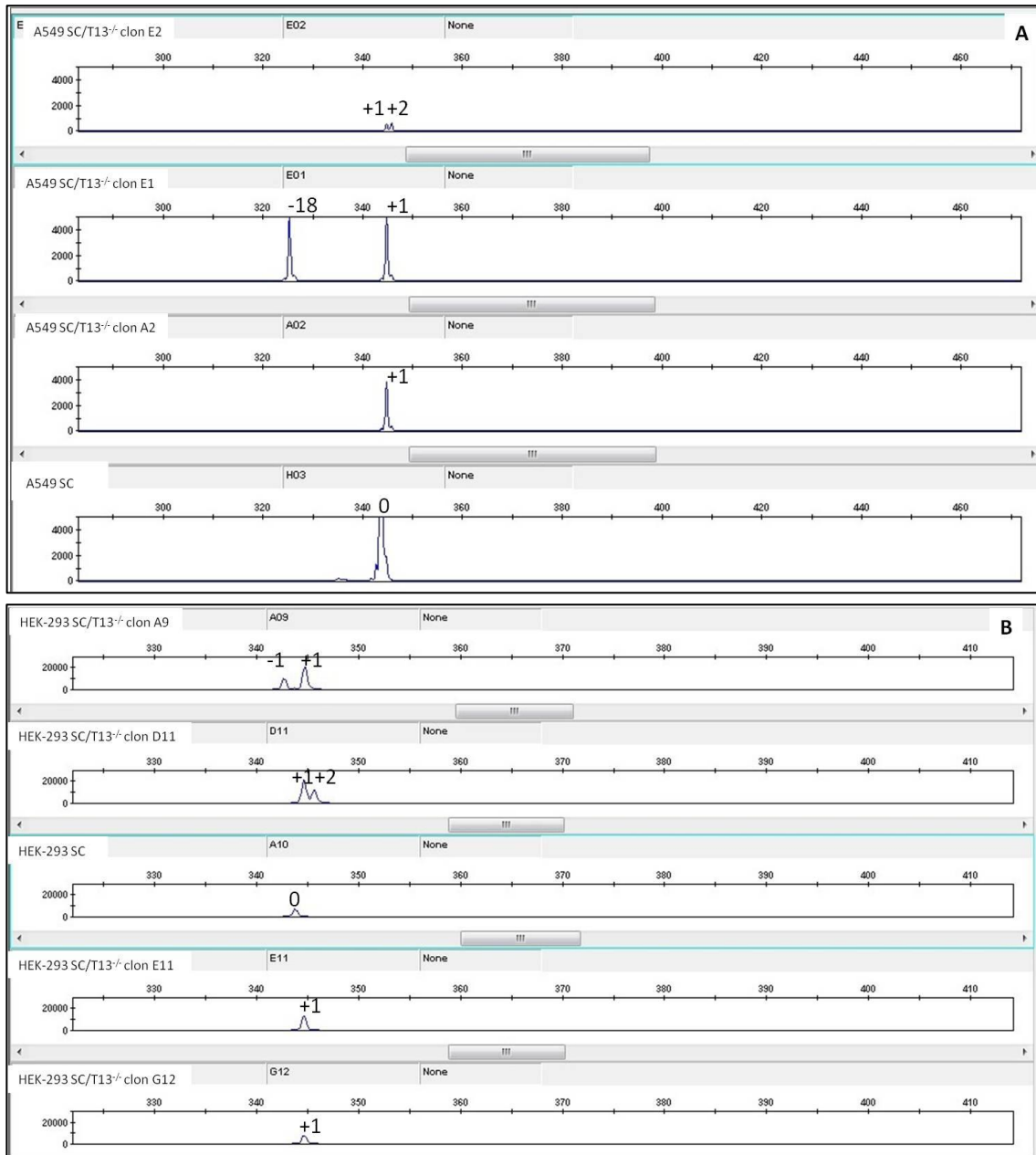


Figura 27- Análisis por IDAA de los clones A549 SC/T13^{-/-} (A) and HEK-293 SC/T13^{-/-} (B). La posición del pico correspondiente al amplicón wt no modificado se indica con un 0 y el tamaño de los indels (en pb) se muestra sobre los picos más prominentes.

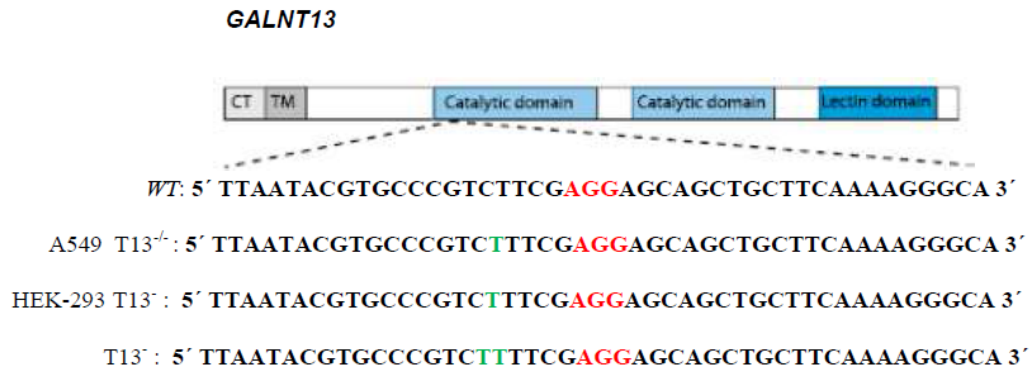


Figura 28- Representación de los dominios proteicos de la GalNAc-T13 y de las secuencias de ADN donde se introdujeron las mutaciones (en verde). La secuencia PAM (*protospacer adjacent motifs*) se muestra en rojo.

6. Identificación de los sustratos naturales de la GalNAc-T13 en las líneas celulares seleccionadas utilizando una estrategia glicoproteómica comparativa.

Para la evaluación cuantitativa de los cambios en el O-glicoproteoma, se utilizó un marcado con dimetilo con diferentes isótopos estables³⁰¹ de las digestiones tríplicas de los lisados celulares totales y de los medios de cultivo enriquecidos con la lectina VVA (Figura 29). Las digestiones totales de A549 SC y HEK-293 SC (LCT y SEC) se marcaron con el reactivo liviano (L) y las digestiones de las líneas mutantes isogénicas A549 SC/T13^{-/-} y HEK-293 SC T13^{-/-} (LCT y SEC) con el reactivo medio (M). Por tanto, cada análisis incluyó una mezcla de péptidos marcados con L de las SC y péptidos marcados con M de las líneas celulares mutantes SC T13^{-/-}, que fue enriquecida en glicopéptidos por LWAC con VVA y análisis posterior por LC-MS/MS. Esta aproximación asegura el análisis de los glicoproteomas de las SC y el análisis directo comparativo y cuantitativo de los efectos de la ausencia de la GalNAc-T13. Se analizaron LCT y SEC por separado ya que esto ha resultado previamente en O-glicoproteomas sustancialmente diferentes^{133,302}.

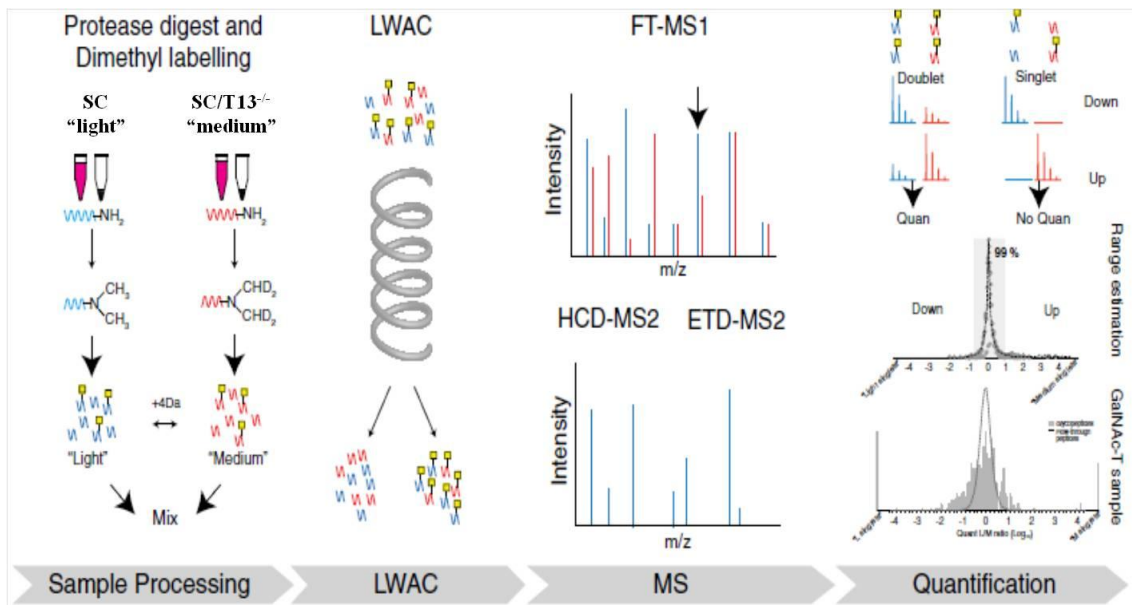


Figura 29- Representación esquemática del flujo de trabajo para la identificación cuantitativa de la O-glicosilación específica de la GalNAc-T13. Las digestiones de las SC se marcaron con el isótopo liviano (L) y las de las SC/T13^{-/-} con el isótopo medio (M). Luego del marcado, las muestras se mezclaron y los glicopéptidos fueron enriquecidos con una larga columna de lectina VVA. Los glicopéptidos marcados se analizaron utilizando nLC-MS/MS. Se midió el m/z del ion precursor glicopeptídico en las muestras marcadas, se calcularon las abundancias relativas y los iones glicopeptídicos se seleccionaron para su fragmentación (secuencia), obteniéndose así una identificación glicopeptídica total y cuantificada. Modificado de ⁵².

Lamentablemente no se pudieron obtener resultados del SEC de HEK-293 debido a una baja cantidad de glicopéptidos pero si se pudieron obtener los O-glicoproteomas diferenciales de HEK-293 LCT, A549 SEC y A549 LCT. Las listas completas de datos se encuentran en las Tablas 1-3 del Anexo I y se muestra un resumen en la Figura 30. Se obtuvo una mayor cantidad de datos con HEK-293, debido a una mayor cantidad de proteínas resultantes luego del lisado de las células. En el caso de A549, de todos los glicopéptidos identificados, el 73-75% fueron cuantificables, mientras que en el caso de HEK-293, el 94% fue cuantificable. La cuantificación es a nivel del péptido o espectro de masa del fragmento peptídico, y esto posee ciertas complicaciones en el caso de los péptidos que contienen más de un O-glicositio. En particular, la interpretación de la contribución de GalNAc-Ts individuales y de sus especificidades de sustrato es ambigua porque las GalNAc-Ts a menudo actúan sucesivamente para

cooperar en la glicosilación de glicositos agrupados a través de la interacción mediada por el dominio lectina con los sustratos parcialmente glicosilados o a través del reconocimiento directo de un sitio en el sustrato con un glicosito GalNAc adyacente⁵⁸. Por tanto, los sitios específicos de glicosilación de la GalNAc-T13 solo los vamos a poder analizar en los glicopéptidos monoglicosilados. Sin embargo, gran parte de los O-glicopéptidos identificados resultantes de la digestión con la proteasa están monoglicosilados, en concordancia con reportes anteriores⁹ (Figura 30). La distribución de glicopéptidos totales y glicopéptidos mono-glicosilados cuantificables fue similar en los 3 casos (Figura 31).

Para identificar glicositos específicos de la GalNAc-T13, se analizaron histogramas basados en los cocientes M/L de los glicopéptidos para cada muestra (Figura 31). La pérdida de función de la GalNAc-T13 se espera que resulte en una pérdida de glicopéptidos con sitios aceptores específicos para dicha isoforma que van a aparecer como bajos cocientes M/L. Sin embargo, los glicopéptidos con, por ejemplo, dos sitios de glicosilación y que solo uno es específico de la GalNAc-T13 pueden potencialmente producir un glicopéptido con solo un sitio, lo que explica la distribución no-gaussiana observada con “hombros” L y M.

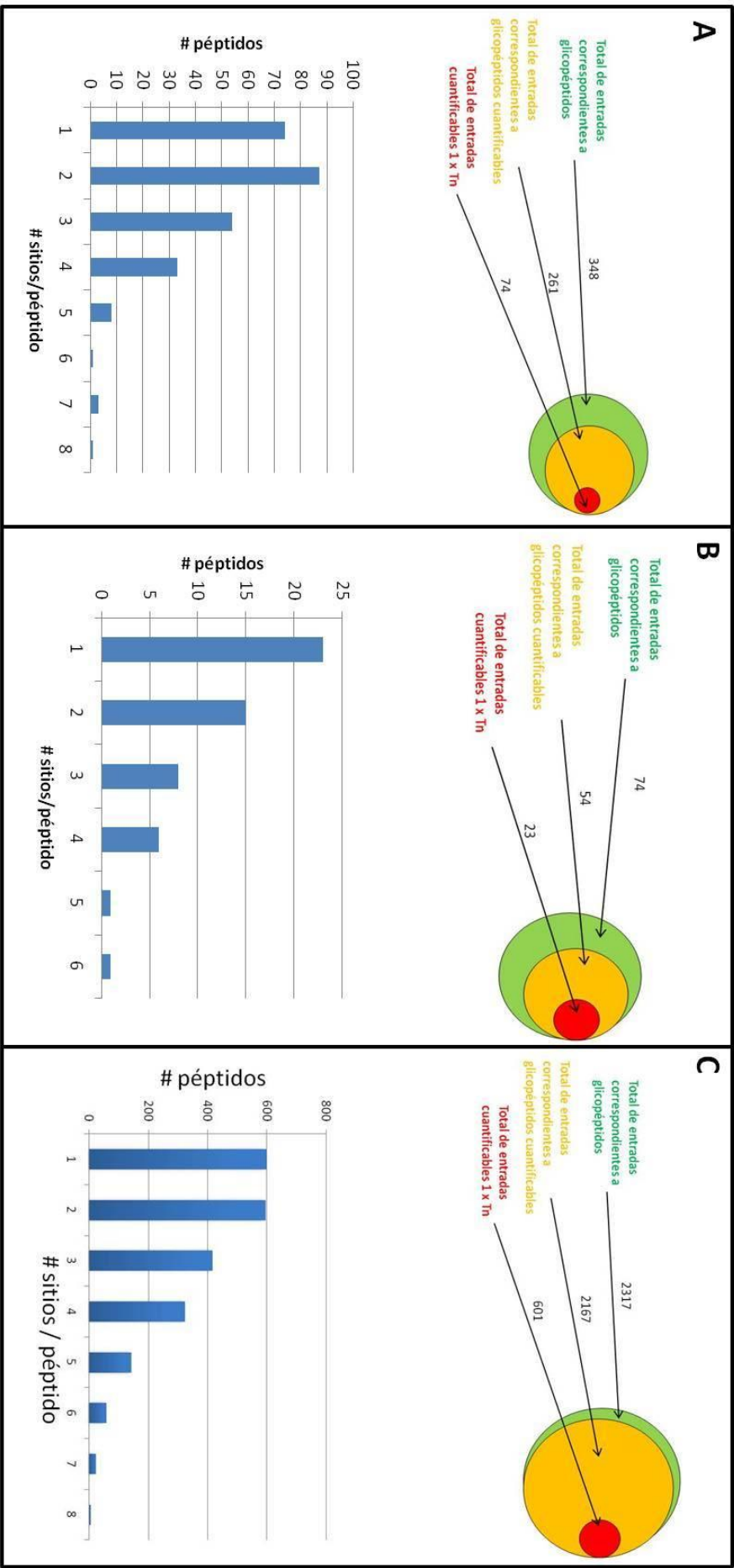


Figura 30- O-glicoproteoma general de A) A549 LCT, B) A549 SEC y C) HEK-293 LCT. Arriba: Números relativos del total de glicopéptidos, el total de glicopéptidos cuantificables y el total de glicopéptidos con una sola GalNAc cuantificables identificados en este estudio. Abajo: Distribución de glicositos por péptido identificados en este estudio.

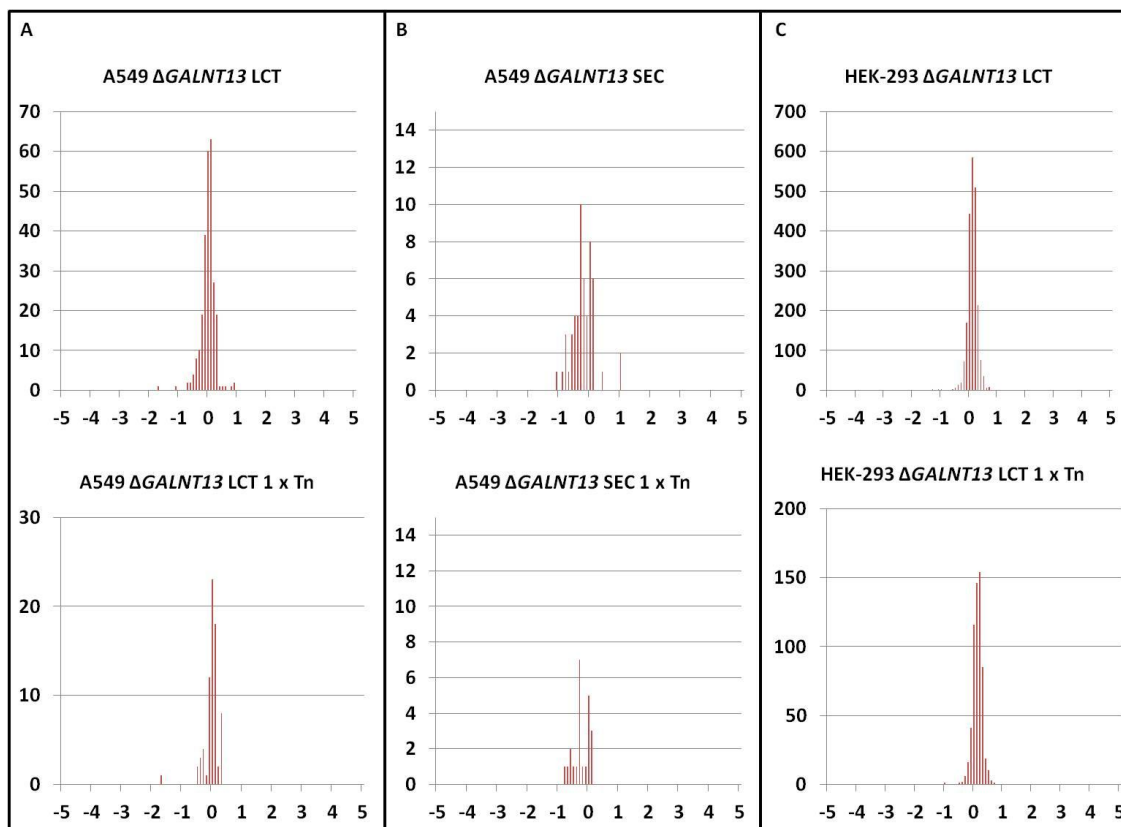


Figura 31- O-glicoproteomas diferenciales en A) A549 SC LCT, B) A549 SC SEC y C) HEK-293 SC LCT. Histogramas que muestran la distribución de los cocientes M/L cuantificados en los glicopéptidos totales (arriba) y en los glicopéptidos monoglicosilados (abajo) identificados en este trabajo.

Se utilizó un cociente M/L igual a $1/10$ como *cut-off* para la selección de los glicopéptidos específicos de la GalNAc-T13 ($<1/10$)⁵² (Figura 31). Utilizando este criterio, identificamos un total de 3 glicopéptidos (2 del LCT y 2 del SEC) que fueron mayoritariamente encontrados en A549 SC y no en A549 SC T13-/- (Tabla 5). El mismo análisis se hizo con HEK-293, lo que resultó en la identificación de 3 glicopéptidos en el LCT. Si tenemos en cuenta el número de GalNAcs que contienen dichos glicopéptidos, solo dos están mono-glicosilados: uno correspondiente a la *Mastermind-like protein 2*

en el LCT de las A549 y uno correspondiente al *Tumor necrosis factor receptor superfamily member 21* en el LCT de HEK-293.

Tabla 5- Lista de posibles péptidos diferencialmente glicosilados en A) A549 LCT SC / SC T13^{-/-}, B) A549 SEC SC / SC T13^{-/-} y C) HEK-293 LCT SC / SC T13^{-/-}. En celeste se resaltan los glicopéptidos mono-glicosilados.

A

UniProt	Secuencia	Log10 Quant
Mastermind-like protein 2	TPSNFSPNQSSR	-1,66
RB1-inducible coiled-coil protein 1	MESTAGITTTTSPR	-1,11

B

UniProt	Secuencia	Log10 Quant
Carboxypeptidase D	ILSGTSSSYQPIQPK	-1,13

C

UniProt	Secuencia	Log10 Quant
Ubinuclein-2	SSQIHTSSSQTHVSSSSQAQAASSHALGTSEAQDASSLTQVTK	-1.38
Trans-Golgi network integral membrane protein 2	SHPELQTPKDSTGK	-1.16
Tumor necrosis factor receptor superfamily member 21	VLSSIQEGTV	-1.01

DISCUSIÓN

En general, las isoenzimas GalNAc-Ts poseen especificidades de sustrato únicas pero también solapantes y pueden tener especificidad por péptidos y por glicopéptidos GalNAc, lo que combinado con los patrones de expresión diferenciales en las células, dirige los O-glicoproteomas de las células⁵⁸. Estas enzimas permiten que las células puedan regular diferencialmente y probablemente también de forma dinámica el O-glicoproteoma y por tanto modular de esta manera las funciones de las proteínas¹³², de forma muy similar a la regulación del fosfoproteoma por la aún más grande familia de quinasas³⁰⁴.

Una pregunta de larga data es por qué la naturaleza ha evolucionado a esta gran familia de isoenzimas con 20 miembros en mamíferos, 9 en *C. elegans* y 12 en *Drosophila*^{58,65}, y más específicamente si el requerimiento evolutivo para la existencia de múltiples GalNAc-Ts fue la necesidad de glicosilar de forma eficiente una gran variedad de secuencias peptídicas aceptoras o (y probablemente no mutuamente excluyente) si fue la necesidad de regular de forma fina y diferencial las diferentes funciones proteicas y vías biológicas. Otros tipos de O-glicosilación de proteínas en los metazoos son catalizados por solo una o dos isoenzimas^{58,305}, aunque la O-manosilación en levadura, que en muchos aspectos se asemeja a la O-glicosilación de tipo mucina, también es catalizada por una gran familia de isoenzimas con al menos 6 Dol-P-Man O-manosiltransferasas³⁰⁶. Muchos ejemplos de funciones biológicas no redundantes de la O-glicosilación específica de sitio en el hombre y en organismos modelo han sido recientemente identificados^{132,302,307,308}, y múltiples estudios de asociación del genoma completo sugieren funciones de las GalNAc-Ts en las enfermedades humanas⁵. Sin embargo, aún resulta un desafío la caracterización de las contribuciones no redundantes de las GalNAc-Ts individuales al O-glicoproteoma de una célula y aún más el poder discriminar los eventos de glicosilación importantes que poseen consecuencias biológicas y que pueden estar relacionados con ciertas enfermedades.

La mayor parte de nuestro conocimiento sobre las especificidades y funciones de las GalNAc-Ts se obtuvo de ensayos de glicosilación *in vitro* con cortos sustratos aceptores peptídicos⁵⁸. Aunque estos ensayos parecen reflejar en gran parte las funciones *in vivo* de las GalNAc-Ts^{58,132}, están limitados por la necesidad de expresar enzimas recombinantes activas, por tener acceso a sustratos aceptores peptídicos provenientes de O-glicoproteínas conocidas, además de tener que confiar en que un péptido corto va a mimetizar realmente las proteínas reales que sirven como sustratos aceptores *in vivo*. Un ejemplo fue recientemente reportado donde los sustratos peptídicos no fueron representativos de las propiedades de los sustratos proteicos enteros. La GalNAc-T11 humana es la única isoforma capaz de glicosilar al LDLR en su región de unión al ligando, donde las regiones *linker* cortas entre los repetidos de clase A del LDLR contienen una alta cantidad de O-glicositos conservados^{9,194}. Esta función única se verificó *ex vivo* en un sistema celular isogénico modelo con y sin la expresión de la GalNAc-T11 así como con ensayos de glicosilación *in vitro* con proteína reportera recombinante expresada en *E. coli* conteniendo la región de unión al ligando del LDLR con múltiples repetidos de clase A plegados¹⁹⁴. Sin embargo, no se pudo demostrar la actividad con péptidos cortos que cubrían las regiones *linker* del LDLR^{161,194}, lo que sugiere que para algunos sustratos proteicos el plegamiento correcto puede ser requerido para el reconocimiento del sustrato. Por tanto, la identificación de sustratos únicos, al menos para algunas isoformas de GalNAc-Ts, puede requerir el análisis de sustratos proteicos reales.

Existe un número de obstáculos para descifrar las funciones únicas de las GalNAc-Ts. Nuestro conocimiento de los patrones de expresión espacio-temporal de las GalNAc-Ts ha sido enlentecido en parte por la ausencia de reactivos inmunes apropiados para la determinación de las distribuciones específicas en los tejidos a nivel celular individual así como también para analizar la topología intracelular. Nuestro entendimiento del O-glicoproteoma ha sido limitado debido a la abundancia de glicoproteínas, y hasta hace poco tiempo, no se empleaban estrategias de proteoma completo para mapear los sitios de O-glicosilación. Esta situación se mejoró con la introducción de la estrategia de las SC²⁷ que utiliza líneas celulares genéticamente modificadas con O-glicanos simples y homogéneos y que ha permitido el descubrimiento de un gran número de O-

glicoproteínas y O-glicositos⁹. Otro obstáculo ha sido la ausencia de motivos de secuencia de sustratos generales y específicos de isoforma que permitan predecir los sitios de O-glicosilación. Se ha progresado en este aspecto con nuevas estrategias para los estudios *in vitro* de las especificidades de sustrato de las GalNAc-Ts individuales^{96,309}. Por tanto, el campo está avanzando rápidamente a través de la introducción de nuevas tecnologías y de información de funciones biológicas a partir de estudios de asociación de genomas completos^{9,27,310}. Ya está disponible un primer borrador del O-glicoproteoma humano⁹ y se ha desarrollado una nueva estrategia O-glicoproteómica cuantitativa para el mapeo sensible de las contribuciones no redundantes de las GalNAc-Ts^{52,132}.

La gran familia de 20 isoenzimas de GalNAc-Ts humanas comprende muchos parálogos cercanos que han sido clasificados en varias subfamilias basado en su homología de secuencia y preferencias de sustrato peptídico/glicopeptídico^{58,114}. Es esperable entonces que los miembros de una misma subfamilia posean propiedades enzimáticas similares^{58,114}. En este trabajo se analizó a la subfamilia Ia, definida por las isoenzimas GalNAc-T1 y GalNAc-T13, que exhiben una identidad de secuencia de aminoácidos total de 84.3% y presentan una completa conservación de la estructura/arquitectura de los exones⁵⁸. Utilizando la mayor librería de sustratos peptídicos que existe actualmente, incluyendo una librería de péptidos cortos al azar y un gran panel de péptidos diseñados a partir de un conjunto de O-glicoproteínas identificadas con la estrategia O-glicoproteómica de las SC⁹, demostramos que las especificidades de sustrato peptídico *in vitro* de estas dos isoenzimas son esencialmente indistinguibles, al contrario de lo que se había reportado previamente²⁸³. Por tanto, las dos isoenzimas de la subfamilia Ia, GalNAc-T13 y GalNAc-T1, parecen ser funcionalmente indistinguibles excepto por sus patrones de expresión diferentes en células y tejidos. De hecho, los genes *GALNT13* y *GALNT1* son tan similares que el primer intento de realizar el *knockout* del gen *Galnt1* murino resultó en el *knockout* de *Galnt13*²⁸². Aunque se cree que las isoformas de GalNAc-Ts dentro de la misma subfamilia comparten casi idénticas propiedades catalíticas¹¹⁴, previamente se reportó que la GalNAc-T13 exhibe especificidades de sustrato únicas comparada con la GalNAc-T1 utilizando múltiples péptidos aceptores derivados de sindecán-3 y MUC7²⁸³. En este

trabajo se utilizó un gran panel de sustratos peptídicos, incluyendo el mismo péptido de sindecan-3 y un péptido similar MUC7 para poder comparar y no se encontraron diferencias en las propiedades cinéticas entre la GalNAc-T13 y la GalNAc-T1 (Tablas 3 y 4). La discrepancia en las actividades contra los péptidos de sindecan-3 y MUC7 también podrían deberse a diferencias en las condiciones del ensayo, ya que Zhang et al.²⁸³ utilizaron sustratos peptídicos marcados con fluoróforos N- y C-terminales y transferasas inmovilizadas marcadas con FLAG, lo que pudo afectar los resultados. Se ha identificado previamente una diferencia significativa en las propiedades de la GalNAc-T1 y la GalNAc-T13 en cuanto a las preferencias de la orientación N- o C-terminal de los sitios remotos modificados con GalNAc en sustratos glicopeptídicos. La GalNAc-T1 prefiere sustratos glicopeptídicos que posean residuos de GalNAc posicionados entre 6 y 17 residuos N-terminales del sitio de glicosilación mientras que la GalNAc-T13 prefiere igualmente residuos de GalNAc N- o C-terminales (Figura 21)¹¹³. Por tanto, los dominios lectina de la GalNAc-T1 y la GalNAc-T13, que exhiben el menor grado de similitud de secuencia, parecen poseer especificidades glicopeptídicas diferentes.

El *splicing* alternativo es una de las principales fuentes de diversidad proteómica en los eucariotas multicelulares³¹¹. La familia de genes *GALNT* contiene miembros con una compleja organización y con hasta 16 exones codificantes, y además codifican dos dominios plegados funcionales distintos incluyendo el dominio lectina C-terminal. Por tanto, estos genes pueden ser excepcionales respecto al *splicing* alternativo y a sus implicancias funcionales, y se han reportado ejemplos de variantes de *splicing* de *GALNT14* y *GALNT5*^{312,313}. Raman et al. reportaron recientemente 2 variantes de *splicing* de *GALNT13*, una de ellas conteniendo un interesante exón alternativo (no presente en *GALNT1*) que codifica para un nuevo subdominio y en el dominio lectina (GalNAc-T13-V1)²⁸⁷. Nuestro grupo ha recientemente estudiado variantes de *splicing* potencialmente funcionales de *GALNT13* y se identificaron un total de 9 variantes de *splicing*²⁸⁵, incluyendo la variante GalNAc-T13-V1²⁸⁷, aquí designada GalNAc-T13 Ex10b. Existen otros ejemplos de variantes de glicosiltransferasas que derivan de la utilización de diferentes exones incluyendo la beta-galactosidasa α 2,6-sialiltransferasa (ST6Gal-1)³¹⁴. En este caso, 3 exones *upstream* son utilizados de forma mutuamente

excluyente (exones Y+Z o exón X), lo que resulta en la síntesis de 2 poblaciones diferentes de ARNms de ST6Gal-1. Las diferencias tisulares en la expresión de la ST6Gal-1 son el resultado, al menos en parte, de la regulación del gen por múltiples y diferentes regiones promotoras presentes en los diferentes exones.

Raman et al. analizaron originalmente la especificidad de sustrato de la variante GalNAc-T13 Ex10b mostrando una actividad incambiada con un panel de péptidos y una disminución en los valores de K_m con sustratos glicopeptídicos, respecto a la GalNAc-T13²⁸⁷. Nosotros no encontramos diferencias detectables utilizando análisis a diferentes tiempos que permitieron monitorear la velocidad de incorporación de múltiples residuos de GalNAc (Tabla 3). Se demostró previamente que el repetido γ del dominio lectina de la GalNAc-T1 de rata no es importante para la actividad *in vitro* de la enzima mientras que los repetidos α y β son requeridos para la glicosilación extensiva de un sustrato apomucínico¹¹⁰. Independientemente de las discrepancias menores de estos resultados, parece que la variante Ex10b con su repetido γ alternativo no posee grandes consecuencias funcionales. Por el contrario, las variantes GalNAc-T13 Δ Ex9 y Δ 39pbEx9, que carecen de 33 y 13 aminoácidos en el repetido α de sus dominios lectina, respectivamente, son inactivas debido a una inestabilidad estructural. Esto se observó claramente con la variante Δ Ex9 que no pudo ser expresada como proteína soluble en las células de insecto, mientras que la variante Δ 39pbEx9 fue secretada pero no presentó actividad detectable con los péptidos estudiados. Esto no es sorprendente, ya que un trabajo previo mostró que las deleciones en los subdominios γ , $\beta\gamma$ o $\alpha\beta\gamma$ o las mutaciones puntuales que afectan las cisteínas y la formación de los puentes disulfuros en la GalNAc-T1 de rata dan lugar a enzimas no funcionales¹¹⁰. Sin embargo, es importante recalcar que en otros casos, las GalNAc-Ts han sido eficientemente expresadas sin sus dominios lectina y aún así retienen su actividad catalítica, al menos con péptidos^{82,92}.

Debido a la abundancia de variantes de *splicing* en los eucariotas superiores, es probable que muchos procesos biológicos, incluyendo los que desencadenan el desarrollo tumoral, sean regulados por la expresión relativa de isoformas de *splicing* de múltiples genes³¹⁵. En concordancia con esto, encontramos que el cerebro humano

normal expresa transcritos alternativos de *GALNT13* en bajos niveles al evaluar la expresión con nuestra estrategia de RT-PCR específicas para cada variante. Por el contrario, un número de líneas celulares de neuroblastoma y de otros tipos de cáncer expresaron un abundante y complejo grupo de transcritos alternativos. Sorprendentemente, la línea celular de neuroblastoma derivada del tumor primario (no metastásica) no expresó ninguna de las variantes. A pesar de estas diferencias encontradas, estos datos no sugieren consecuencias funcionales directas. Recientemente, se reportaron 3 variantes de *GALNT13* generadas por utilización diferencial de exones²⁸⁸. Ninguna de ellas se corresponde con las variantes reportadas por nuestro grupo y no se realizó ninguna caracterización funcional. Sin embargo, se encontró que una variante presentaba una asociación significativa con un peor pronóstico mientras que otra estaba relacionada con un mejor pronóstico en pacientes con cáncer de pulmón. Será importante en un futuro poder evaluar si las variantes de *splicing* reportadas por nuestro grupo poseen algún valor pronóstico en el cáncer de pulmón o en el neuroblastoma.

Por ahora parece que la relevancia biológica de las isoformas GalNAc-T1 y GalNAc-T13 yace en la regulación diferencial de la expresión en diferentes células y tejidos. Aunque la GalNAc-T1 también se expresa en el sistema nervioso, se necesitan estudios más detallados para evaluar el solapamiento en compartimentos específicos y tipos celulares en el cerebro. Este escenario se parece al de las isoformas de la subfamilia de la GalNAc-T3 y GalNAc-T6, donde la GalNAc-T3 está ampliamente expresada mientras que la GalNAc-T6 está más restringida. Interesantemente, en ambas subfamilias la isoforma con expresión restringida (GalNAc-T6 y GalNAc-T13) se expresan *de novo* en el cáncer^{269,277-280,289,290}, lo que sugiere que pueden cumplir funciones importantes aún no conocidas relacionadas con la biología del cáncer. Estudios en modelos animales con deficiencias en genes *Galnt* no han aportado generalmente información sobre las principales funciones biológicas de muchas de las isoformas de GalNAc-Ts. En particular, los ratones *Galnt13*^{-/-} no exhiben características fenotípicas específicas, aunque se reportó una expresión alterada de los O-glicanos Tn en el cerebro²⁸³. Por el contrario, los ratones *Galnt1*^{-/-} exhiben problemas de coagulación y alteraciones en diferentes funciones del sistema inmune^{316,317}, y esto puede explicarse por la ausencia

de redundancia en la expresión de *Galnt1* y *Galnt13* en los tejidos afectados debido a la expresión restringida al cerebro de *Galnt13*.

Para profundizar en las contribuciones no redundantes *in vivo* de la GalNAc-T13 al O-glicoproteoma de diferentes líneas celulares relevantes, utilizamos una estrategia O-glicoproteómica cuantitativa basada en células desarrollada por Schjoldager et al⁵². Este estudio reciente proporcionó la primera evidencia comprensiva y cuantitativa basada en células de que el O-glicoproteoma de una célula es regulado diferencialmente por el repertorio de isoenzimas de GalNAc-Ts expresado. Utilizando esta estrategia mostraron que la expresión de isoenzimas GalNAc-Ts individuales afecta un número limitado de O-glicoproteínas y O-glicositos, mientras que la mayor parte del O-glicoproteoma es cubierto por la redundancia que existe entre las GalNAc-Ts expresadas por una célula. Esto es una evidencia fuerte de que las células poseen el potencial de regular diferencial y dinámicamente la O-glicosilación de diferentes grupos de proteínas a través de las funciones no redundantes de las GalNAc-Ts individuales.

Esta estrategia utilizada para estudiar las diferencias cuantitativas en el O-glicoproteoma de dos líneas celulares que expresan altos niveles de GalNAc-T13 (HEK-293 y A549) reveló que esta enzima parece presentar pocos sustratos específicos no redundantes en estas líneas celulares y que la ausencia de las GalNAc-T13 solo estaría generando cambios parciales en la capacidad de O-glicosilación de las células estudiadas, lo que se evidencia por una distribución no gaussiana en los histogramas basados en los cocientes M/L de los glicopéptidos analizados. Como ambas líneas celulares también expresan GalNAc-T1, es probable que esta enzima este glicosilando los sitios que la GalNAc-T13 glicosila en las células *wt*. En particular, encontramos solo seis péptidos diferencialmente glicosilados cuando la GalNAc-T13 no estaba presente.

En la línea celular HEK-293, el péptido mono-glicosilado identificado proviene del miembro 21 de la superfamilia de receptores del factor de necrosis tumoral, también conocido como receptor de muerte 6 o DR6. Esta proteína es un miembro de la extensa superfamilia de receptores superficiales del factor de necrosis tumoral que

pueden participar en la señalización mediada por caspasas^{318,319}. Se trata de una proteína que se expresa de forma ubicua con una alta expresión en los órganos linfoides, corazón, cerebro y páncreas³²⁰. DR6 se expresa extensamente en las neuronas cuando se diferencian y entran en un estado pro-apoptótico³²¹. La fase formativa inicial en el desarrollo del sistema nervioso involucra la generación de neuronas y la extensión de axones y es seguida de una fase regresiva en donde las ramas axonales inapropiadas son podadas para refinar las conexiones y muchas neuronas son eliminadas de forma de ajustar su número. La pérdida de neuronas y de ramas también ocurre en el adulto luego de un daño y es responsable de la patofisiología de muchas enfermedades neurodegenerativas³²¹. DR6 puede mediar la degeneración activando las caspasas cuando las neuronas son privadas de factores tróficos como el factor de crecimiento nervioso (NGF) o el factor neurotrófico derivado del cerebro (BDNF). El ligando de DR6 es la proteína precursora β -amiloide (APP), y esta interacción ocurre cuando estos factores no están presentes³²². Dada su relación con la APP, se pensó que DR6 podía contribuir con el desarrollo del Alzheimer³²¹ aunque actualmente se sabe que no contribuye con la patofisiología de esta enfermedad³²³. El sitio de glicosilación identificado corresponde a la Ser²⁶⁹, presente en el dominio extracelular de DR6. Sería interesante determinar si esta proteína también está glicosilada en el sistema nervioso y si es así, si la glicosilación en este sitio puede afectar la unión con APP o el agrupamiento de estos receptores en respuesta a su ligando pro-apoptótico (como se ha descrito previamente en DR4 y DR5)²⁶⁰. Interesantemente, también se ha reportado que DR6 es sustrato de la β -secretasa BACE-1 (la principal β -secretasa del cerebro)³²⁴, y su clivaje podría reducir su acción pro-degenerativa³²². La O-glicosilación en la región extracelular de DR6 podría afectar su clivaje y por tanto, podría regular las funciones biológicas que cumple en el desarrollo del sistema nervioso.

En la línea celular tumoral A549, el glicopéptido mono-glicosilado identificado pertenece a la *Mastermind-like protein 2* (MAML2). MAML2 es una proteína nuclear que actúa como co-activador transcripcional, dependiente de CSL (factor de transcripción), de los genes activados por Notch³²⁵. GalNAc y GlcNAc son isómeros exactos y dado de que se trata de una proteína nuclear, es muy probable de que se

trata de un glicopéptido O-GlcNAc contaminante, como se ha reportado previamente⁵². Sin embargo, una de las anotaciones GO (*Gene Ontology*) ubica a esta proteína en el aparato de Golgi, donde se ha reportado previamente que existe una extensiva O-glicosilación de sus proteínas residentes⁹. A pesar de esto, no es evidente (y no se conoce) la función que podría cumplir esta proteína en esta localización subcelular.

Además de estos dos péptidos mono-glicosilados, este análisis también reveló diferencias a nivel de glicopéptidos que contenían más de un residuo de GalNAc. A pesar de que la contribución específica de la GalNAc-T13 en la generación de estos glicopéptidos es bastante difícil de analizar, sería interesante poder determinar de qué forma esta enzima puede estar involucrada en la glicosilación de los mismos. En particular, sería interesante analizar la glicosilación de la proteína integral de membrana de la red del Trans Golgi 2 identificada en HEK-293 que se cree que está involucrada en la regulación del tráfico desde y hacia el Trans Golgi³²⁶ y que se ha visto que es capaz de interactuar con la GalNAc-T2 en HEK-293³²⁷.

También sería interesante estudiar la glicosilación del péptido derivado de la carboxipeptidasa D (CPD), diferencialmente glicosilado en el secretoma de A549. La CPD es una metaloproteína unida a membrana (también se encuentra en forma soluble³²⁸) que cliva las argininas C-terminales que van a ser luego convertidas en óxido nítrico por la óxido nítrico sintasa (entre otras funciones), lo que regula una gran cantidad de procesos celulares, incluyendo la progresión tumoral^{329,330}. Por esta razón, el gen de la CPD ha sido considerado un oncogen en el cáncer de mama³³¹ y de próstata³³² y la sobreexpresión de CPD se correlaciona con señales oncogénicas como las inducciones por prolactina, estrógeno y testosterona^{331,333}. Recientemente se ha demostrado que existe una alta expresión de CPD en el cáncer de pulmón humano maligno y metastásico y que la expresión de CPD se correlaciona positivamente con el grado del tumor³³⁴. Por dicho motivo, se considera a dicha proteína como un biomarcador potencial en este tipo de cáncer.

La CPD difiere de las otras metalocarboxipeptidasas en que contiene múltiples dominios tipo carboxipeptidasa. Se trata de una proteína de cadena única que posee 3 repetidos en tándem de dominios tipo carboxipeptidasa separados de regiones cortas puente, seguido de un dominio transmembrana y una cola C-terminal citosólica. Los primeros dominios tipo carboxipeptidasa (N-terminales) son catalíticamente activos pero el último (C-terminal) es inactivo³³⁵. El glicopéptido identificado en este trabajo comprende a los aminoácidos 485-499, que corresponden a la región que une a los dos dominios con actividad carboxipeptidasa que posee la proteína (puente 1). Sería interesante identificar la función que cumplen los O-glicanos en esta región de la proteína y si de alguna manera pueden influenciar el papel que cumple la misma en la biología tumoral, así como también determinar si la GalNAc-T13 interviene en la generación de estos O-glicanos.

No se considerarán a los otros glicopéptidos derivados de la ubinucleína-2 y de la RB1CC1 en este análisis por tratarse de proteínas nucleares/citoplasmáticas.

CONCLUSIONES

Los resultados obtenidos nos permiten concluir que los dos parálogos cercanos de GalNAc-Ts de la subfamilia Ia, GalNAc-T13 y GalNAc-T1, poseen esencialmente idénticas especificidades de sustrato al contrario de lo que se había reportado previamente mediante ensayos *in vitro*.

Este estudio confirma que el dominio lectina de la GalNAc-T13 reconoce previas glicosilaciones con GalNAc remotas tanto N- como C-terminales, lo que no está alterado en la variante GalNAc-T13 Ex10b, pero que es diferente a lo observado previamente con la GalNAc-T1.

Con los estudios *in vivo* realizados exploramos las funciones biológicas potenciales de la GalNAc-T13, sin encontrar sustratos específicos claros, con excepción de un miembro de la superfamilia de los receptores del factor de necrosis tumoral, que casualmente está involucrado en el desarrollo del sistema nervioso, donde la GalNAc-T13 está altamente expresada.

Sin embargo, la característica principal distinguible entre la GalNAc-T1 y la GalNAc-T13 es su regulación y patrones de expresión sorprendentemente diferentes. Por tanto, esta subfamilia se asemeja a la subfamilia de la GalNAc-T3 y -T6, aunque claramente se necesitan estudios posteriores para poder evaluar sus funciones celulares como se ejemplifica con los estudios de la isoforma GalNAc-T11.

PERSPECTIVAS

- Teniendo en cuenta la alta similitud entre GalNAc-T1 y GalNAc-13 para generar O-glicositos y las grandes diferencias entre ambas enzimas para influir en la agresividad tumoral (característica de GalNAc-T13 en neuroblastoma y cáncer pulmón), nos resulta aún difícil encontrar explicación a este fenómeno. Profundizar en la caracterización funcional y biológica de todas las variantes de *splicing* de la GalNAc-T13 podría aportar información al respecto.
- Analizar la expresión de las diferentes variantes de *splicing* en diferentes líneas celulares a nivel de proteína. Intentamos realizar esto mediante electroforesis bidimensional y subsiguiente *western blot* con el anticuerpo T13.5. Sin embargo, no obtuvimos buenos resultados, probablemente debido a los bajos niveles de expresión de esta enzima (y de sus variantes) que no permiten su detección por este procedimiento. Además, los niveles de expresión de las variantes de *splicing* pueden incluso ser menores. Intentaremos enriquecer los lisados celulares totales por cromatografía de afinidad y/o inmunoprecipitación y evaluar si se puede identificar alguna variante. También podemos intentar hacer un fraccionamiento subcelular para enriquecer la muestra con proteínas del Golgi.
- En particular, es interesante poder estudiar a la variante Δ Ex2-7 que carece del dominio catalítico entero y que puede representar una nueva proteína tipo lectina. Se ha reportado recientemente que el dominio lectina de las GalNAc-Ts posee una función regulatoria sobre la actividad enzimática de diversas glicosiltransferasas involucradas en la vía de biosíntesis de los O-glicanos³³⁶ por lo que sería importante analizar si esta variante puede mediar este tipo de fenómeno.

- Validar el O-glicosito específico de la GalNAc-T13 identificado en DR6 utilizando ensayos de glicosilación *in vitro* ya que estos ensayos con péptidos cortos generalmente se correlacionan bien con la actividad y especificidad *in vivo*^{9,161}.
- Realizar el mismo análisis glicoproteómico en otros sistemas celulares para validar los resultados obtenidos y obtener un conjunto mayor de sustratos específicos de la GalNAc-T13. Por ejemplo, sería interesante poder realizar este estudio en líneas celulares derivadas del sistema nervioso central para ver si DR6 aparece nuevamente como candidato. También sería importante poder repetir el análisis con la línea celular A549 para ampliar el número de glicopéptidos analizados y con HEK-293 SEC para poder evaluar también ese material.
- Ampliar el análisis comparativo glicoproteómico con A549 y/o HEK-293 SC/T1^{-/-} y SC/T13^{-/-}/T1^{-/-} para determinar cuáles son los sitios exclusivamente glicosilados por la GalNAc-T13.
- Introducir y expresar *GALNT13* en una línea celular CHO que es KO para la mayoría de las GalNAc-Ts para poder realizar el análisis glicoproteómico comparativo que en este caso será mucho más simple y que nos permitirá identificar más sustratos específicos *in vivo*.
- Estudiar el O-glicoproteoma de cerebros de ratones KO para *GALNT13* comparándolo con el O-glicoproteoma de cerebros *wt*, de forma de determinar los sustratos específicos de la GalNAc-T13 *in vivo* en el órgano donde esta glicosiltransferasa está principalmente expresada. También sería interesante estudiar en particular diferentes tipos celulares del sistema nervioso y en diferentes estadios del desarrollo.

- Generar líneas celulares A549 T13^{-/-} utilizando la tecnología Cas9/Crispr (en curso, tesis de Maestría Patricia Solari) y analizar su comportamiento maligno *in vitro* (proliferación, adhesión, migración, quimioresistencia, etc.) e *in vivo* con modelos animales (número de tumores, tamaño de los tumores, metástasis, curvas de supervivencia, etc.). Esto nos puede brindar una idea de la posible función que tiene esta enzima en la biología del cáncer de pulmón.

REFERENCIAS

1. Minguéz, P. *et al.* Deciphering a global network of functionally associated post-translational modifications. *Mol. Syst. Biol.* **8**, 1–14 (2012).
2. Fuster, M. M. & Esko, J. D. The sweet and sour of cancer: glycans as novel therapeutic targets. *Nat. Rev. Cancer* **5**, 526–42 (2005).
3. Moremen, K. W., Tiemeyer, M. & Nairn, A. V. Vertebrate protein glycosylation: diversity, synthesis and function. *Nat. Rev. Mol. Cell Biol.* **13**, 448–462 (2012).
4. Spiro, R. G. Protein glycosylation: nature, distribution, enzymatic formation, and disease implications of glycopeptide bonds. *Glycobiology* **12**, 43R–56R (2002).
5. Schjoldager, K. T. B. G. & Clausen, H. Site-specific protein O-glycosylation modulates proprotein processing - Deciphering specific functions of the large polypeptide GalNAc-transferase gene family. *Biochim. Biophys. Acta* **1820**, 2079–2094 (2012).
6. Lowe, J. B. & Marth, J. D. A genetic approach to mammalian glycan function. *Annu. Rev. Biochem.* **72**, 643–691 (2003).
7. Cummings, R. D. The repertoire of glycan determinants in the human glycome. *Mol. Biosyst.* **5**, 1087–104 (2009).
8. Slade, P. G., Hajivandi, M., Bartel, C. M. & Gorfien, S. F. Identifying the CHO secretome using mucin-type O-linked glycosylation and click-chemistry. *J. Proteome Res.* **11**, 6175–6186 (2012).
9. Steentoft, C. *et al.* Precision mapping of the human O-GalNAc glycoproteome through SimpleCell technology. *EMBO J.* **32**, 1478–88 (2013).
10. Boersema, P. J., Geiger, T., Wisniewski, J. R. & Mann, M. Quantification of the N-glycosylated secretome by super-SILAC during breast cancer progression and in human blood samples. *Mol. Cell. Proteomics* **12**, 158–71 (2013).

11. Nairn, A. V. *et al.* Regulation of glycan structures in animal tissues: Transcript profiling of glycan-related genes. *J. Biol. Chem.* **283**, 17298–17313 (2008).
12. Varki, A. Biological roles of oligosaccharides: all of the theories are correct. *Glycobiology* **3**, 97–130 (1993).
13. Ohtsubo, K. & Marth, J. D. Glycosylation in Cellular Mechanisms of Health and Disease. *Cell* **126**, 855–867 (2006).
14. Hoseki, J., Ushioda, R. & Nagata, K. Mechanism and components of endoplasmic reticulum-associated degradation. *J. Biochem.* **147**, 19–25 (2010).
15. Kollmann, K. *et al.* Mannose phosphorylation in health and disease. *Eur. J. Cell Biol.* **89**, 117–123 (2010).
16. Haltiwanger, R. & Lowe, J. Role Of Glycosylation In Development. *Annu. Rev. Biochem.* **73**, 491–537 (2004).
17. Shur, B. D., Ensslin, M. A. & Rodeheffer, C. SED1 function during mammalian sperm-egg adhesion. *Curr. Opin. Cell Biol.* **16**, 477–485 (2004).
18. Azim, M. & Surani, H. Glycoprotein synthesis and inhibition of glycosylation by tunicamycin in preimplantation mouse embryos: Compaction and trophoblast adhesion. *Cell* **18**, 217–227 (1979).
19. Rosen, S. D. Ligands for L-selectin: homing, inflammation, and beyond. *Annu. Rev. Immunol.* **22**, 129–56 (2004).
20. Akama, T. O. *et al.* Germ cell survival through carbohydrate-mediated interaction with Sertoli cells. *Science* **295**, 124–7 (2002).
21. Dennis, J. W., Lau, K. S., Demetriou, M. & Nabi, I. R. Adaptive regulation at the cell surface by N-glycosylation. *Traffic* **10**, 1569–1578 (2009).
22. Hart, G. W., Slawson, C., Ramirez-Correa, G. & Lagerlof, O. Cross talk between O-GlcNAcylation and phosphorylation: roles in signaling, transcription, and chronic disease. *Annu. Rev. Biochem.* **80**, 825–58 (2011).

23. Chia, J., Goh, G. & Bard, F. Short O-GalNAc glycans: regulation and role in tumor development and clinical perspectives. *Biochim. Biophys. Acta* **1860**, 1623–1639 (2016).
24. Kornfeld, R. & Kornfeld, S. Assembly of asparagine-linked oligosaccharides. *Annu. Rev. Biochem.* **54**, 631–664 (1985).
25. Spiro, R. G. Characterization and quantitative determination of the hydroxylysine-linked carbohydrate units of several collagens. *J. Biol. Chem.* **244**, (1969).
26. Halim, A. *et al.* Site-specific characterization of threonine, serine, and tyrosine glycosylations of amyloid precursor protein/amyloid beta-peptides in human cerebrospinal fluid. *Proc Natl Acad Sci U S A.* **108**, 11848–53 (2011).
27. Steentoft, C. *et al.* Mining the O-glycoproteome using zinc-finger nuclease–glycoengineered SimpleCell lines. *Nat. Methods* **8**, 977–982 (2011).
28. Carson, A. R., Cheung, J. & Scherer, S. W. Duplication and relocation of the functional DPY19L2 gene within low copy repeats. *BMC Genomics* **7**, 45 (2006).
29. Buettner, F. F. R., Ashikov, A., Tiemann, B., Lehle, L. & Bakker, H. C. elegans DPY-19 Is a C-Mannosyltransferase Glycosylating Thrombospondin Repeats. *Mol. Cell* **50**, 295–302 (2013).
30. Schachter, H. The joys of HexNAc. The synthesis and function of N- and O-glycan branches. *Glycoconj J.* **17**, 465–83 (2000).
31. Yan, A. & Lennarz, W. J. Unraveling the mechanism of protein N-glycosylation. *J. Biol. Chem.* **280**, 3121–3124 (2005).
32. Hanisch, F. G. O-glycosylation of the mucin type. *Biol. Chem.* **382**, 143–149 (2001).
33. Smalheiser, N. R., Haslam, S. M., Sutton-Smith, M., Morris, H. R. & Dell, A. Structural analysis of sequences O-linked to mannose reveals a novel Lewis X

- structure in cranin (dystroglycan) purified from sheep brain. *J. Biol. Chem.* **273**, 23698–23703 (1998).
34. Harris, R. J. & Spellman, M. W. O-linked fucose and other post-translational modifications unique to EGF modules. *Glycobiology* **3**, 219–224 (1993).
 35. Bjoern, S. *et al.* Human plasma and recombinant factor VII; Characterization of O-glycosylations at serine residues 52 and 60 and effects of site-directed mutagenesis of serine 52 to alanine. *J. Biol. Chem.* **266**, 11051–11057 (1991).
 36. Nishimura, H. *et al.* Identification of a disaccharide (Xyl-Glc) and a trisaccharide (Xyl₂-Glc) O-glycosidically linked to a serine residue in the first epidermal growth factor-like domain of human factors VII and IX and protein Z and bovine protein Z. *J. Biol. Chem.* **264**, 20320–20325 (1989).
 37. Holt, G. D., Haltiwanger, R. S., Torres, C. R. & Hart, G. W. Erythrocytes contain cytoplasmic glycoproteins. O-linked GlcNAc on band 4.1. *J. Biol. Chem.* **262**, 14847–14850 (1987).
 38. Matsuura, A. *et al.* O-linked N-acetylglucosamine is present on the extracellular domain of notch receptors. *J. Biol. Chem.* **283**, 35486–35495 (2008).
 39. Sakaidani, Y. *et al.* O-linked-N-acetylglucosamine on extracellular protein domains mediates epithelial cell-matrix interactions. *Nat. Commun.* **2**, 583 (2011).
 40. Sakaidani, Y. *et al.* O-linked-N-acetylglucosamine modification of mammalian Notch receptors by an atypical O-GlcNAc transferase Eogt1. *Biochem. Biophys. Res. Commun.* **419**, 14–19 (2012).
 41. Mendonça-Previato, L., Penha, L., Garcez, T. C., Jones, C. & Previato, J. O. Addition of α -O-GlcNAc to threonine residues define the post-translational modification of mucin-like molecules in *Trypanosoma cruzi*. *Glycoconj. J.* **30**, 659–666 (2013).
 42. Jurado, L. A., Coloma, A. & Cruces, J. Identification of a human homolog of the

- Drosophila rotated abdomen gene (POMT1) encoding a putative protein O-mannosyl-transferase, and assignment to human chromosome 9q34.1. *Genomics* **58**, 171–80 (1999).
43. Yoshida-moriguchi, T. *et al.* O-Mannosyl Phosphorylation of Alpha-Dystroglycan is Required for Laminin Binding. *Science* **327**, 88–92 (2010).
 44. Wang, Y. *et al.* Modification of epidermal growth factor-like repeats with O-fucose: Molecular cloning and expression of a novel GDP-fucose protein O-fucosyltransferase. *J. Biol. Chem.* **276**, 40338–40345 (2001).
 45. Schegg, B., Hülsmeier, A. J., Rutschmann, C., Maag, C. & Hennet, T. Core glycosylation of collagen is initiated by two beta(1-O)galactosyltransferases. *Mol. Cell. Biol.* **29**, 943–952 (2009).
 46. Teng, Y. *et al.* Cloning, expression and characterization of a novel human CAP10-like gene hCLP46 from CD34+ stem/progenitor cells. *Gene* **371**, 7–15 (2006).
 47. Kreppel, L. K., Blomberg, M. A. & Hart, G. W. Dynamic glycosylation of nuclear and cytosolic proteins. Cloning and characterization of a unique O-GlcNAc transferase with multiple tetratricopeptide repeats. *J. Biol. Chem.* **272**, 9308–15 (1997).
 48. Freeze, H. H. Genetic defects in the human glycome. *Nat. Rev. Genet.* **7**, 537–51 (2006).
 49. Mariño, K., Bones, J., Kattla, J. J. & Rudd, P. M. A systematic approach to protein glycosylation analysis: a path through the maze. *Nat. Chem. Biol.* **6**, 713–723 (2010).
 50. Hanisch, F. G. & Breloy, I. Protein-specific glycosylation: Signal patches and cis-controlling peptidic elements. *Biol. Chem.* **390**, 619–626 (2009).
 51. Stanley, P. *Golgi Glycosylation*. (Cold Spring Harb Perspect Biol 3, 2011).
 52. Schjoldager, K. T. *et al.* Deconstruction of O-glycosylation-GalNAc-T isoforms

- direct distinct subsets of the O-glycoproteome. *EMBO Rep.* **16**, 1713–1722 (2015).
53. Kishimoto, T., Watanabe, M., Mitsui, T. & Hori, H. Glutelin basic subunits have a mammalian mucin-type O-linked disaccharide side chain. *Arch Biochem Biophys* **370**, 271–277 (1999).
 54. Hashimoto, K. *et al.* Comprehensive analysis of glycosyltransferases in eukaryotic genomes for structural and functional characterization of glycans. *Carbohydr. Res.* **344**, 881–887 (2009).
 55. Hang, H. C. & Bertozzi, C. R. The chemistry and biology of mucin-type O-linked glycosylation. *Bioorganic Med. Chem.* **13**, 5021–5034 (2005).
 56. Brockhausen, I. Mucin-type O-glycans in human colon and breast cancer: glycodynamics and functions. *EMBO Rep.* **7**, 599–604 (2006).
 57. Tarp, M. A. & Clausen, H. Mucin-type O-glycosylation and its potential use in drug and vaccine development. *Biochim. Biophys. Acta* **1780**, 546–563 (2008).
 58. Bennett, E. P. *et al.* Control of mucin-type O-glycosylation: A classification of the polypeptide GalNAc-transferase gene family. *Glycobiology* **22**, 736–756 (2012).
 59. Ju, T. & Cummings, R. D. A unique molecular chaperone Cosmc required for activity of the mammalian core 1 beta 3-galactosyltransferase. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* **99**, 16613–16618 (2002).
 60. Ju, T., Aryal, R. P., Stowell, C. J. & Cummings, R. D. Regulation of protein O-glycosylation by the endoplasmic reticulum-localized molecular chaperone Cosmc. *J. Cell Biol.* **182**, 531–542 (2008).
 61. Aryal, R. P., Ju, T. & Cummings, R. D. The endoplasmic reticulum chaperone cosmc directly promotes in vitro folding of T-synthase. *J. Biol. Chem.* **285**, 2456–2462 (2010).
 62. Aryal, R. P., Ju, T. & Cummings, R. D. Tight complex formation between cosmc

- chaperone and its specific client non-native T-synthase leads to enzyme activity and client-driven dissociation. *J. Biol. Chem.* **287**, 15317–15329 (2012).
63. Gill, D. J., Clausen, H. & Bard, F. Location, location, location: New insights into O-GalNAc protein glycosylation. *Trends Cell Biol.* **21**, 149–158 (2011).
 64. Tian, E. & Ten Hagen, K. G. Recent insights into the biological roles of mucin-type O-glycosylation. *Glycoconj. J.* **26**, 325–334 (2009).
 65. Tran, D. T. & Ten Hagen, K. G. Mucin-type o-glycosylation during development. *J. Biol. Chem.* **288**, 6921–6929 (2013).
 66. Schwientek, T. *et al.* Functional conservation of subfamilies of putative UDP-N-acetylgalactosamine:Polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferases in *Drosophila*, *Caenorhabditis elegans*, and mammals. One subfamily composed of I(2)35Aa is essential in *Drosophila*. *J. Biol. Chem.* **277**, 22623–22638 (2002).
 67. Hagen, K. G. Ten, Zhang, L., Tian, E. & Zhang, Y. Glycobiology on the fly: Developmental and mechanistic insights from *Drosophila*. *Glycobiology* **19**, 102–111 (2009).
 68. te Heesen, S., Knauer, R., Lehiel, L. & Aebi, M. Yeast Wbp1p and Swp1p form a protein complex essential for oligosaccharyl transferase activity. *EMBO J.* **12**, 279–284 (1993).
 69. Kelleher, D. J. & Gilmore, R. An evolving view of the eukaryotic oligosaccharyltransferase. *Glycobiology* **16**, 47–62 (2006).
 70. van Reeuwijk, J. *et al.* The Expanding Phenotype of POMT1 Mutations: From Walker- Warburg Syndrome to Congenital Muscular Dystrophy, Microcephaly, and Mental Retardation. *Hum Mutat.* **27**, 453–9 (2006).
 71. Lommel, M., Willer, T., Cruces, J. & Strahl, S. POMT1 is essential for protein O-mannosylation in mammals. *Methods Enzymol.* **479**, 323–342 (2010).
 72. Shi, S. & Stanley, P. Protein O-fucosyltransferase 1 is an essential component of

- Notch signaling pathways. *Proc. Natl. Acad. Sci.* **100**, 5234–5239 (2003).
73. Du, J. *et al.* O-fucosylation of thrombospondin type 1 repeats restricts epithelial to mesenchymal transition (EMT) and maintains epiblast pluripotency during mouse gastrulation. *Dev. Biol.* **346**, 25–38 (2010).
 74. Stanley, P. Glucose: a novel regulator of notch signaling. *ACS Chem Biol.* **3**, 210–3 (2008).
 75. Acar, M. *et al.* Rumi Is a CAP10 Domain Glycosyltransferase that Modifies Notch and Is Required for Notch Signaling. *Cell* **132**, 247–258 (2008).
 76. Fernandez-Valdivia, R. *et al.* Regulation of mammalian Notch signaling and embryonic development by the protein O-glucosyltransferase Rumi. *Development* **138**, 1925–1934 (2011).
 77. Condac, E. *et al.* Polycystic disease caused by deficiency in xylosyltransferase 2, an initiating enzyme of glycosaminoglycan biosynthesis. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* **104**, 9416–21 (2007).
 78. Rautavuoma, K. *et al.* Premature aggregation of type IV collagen and early lethality in lysyl hydroxylase 3 null mice. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* **101**, 14120–14125 (2004).
 79. Marth, J. D. Complexity in O-linked oligosaccharide biosynthesis engendered by multiple polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferases. *Glycobiology* **6**, 701–5 (1996).
 80. Tran, D. T. *et al.* Multiple members of the UDP-GalNAc: Polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase family are essential for viability in *Drosophila*. *J. Biol. Chem.* **287**, 5243–5252 (2012).
 81. Paulson, J. C. & Colley, K. J. Glycosyltransferases. Structure, localization, and control of cell type-specific glycosylation. *J. Biol. Chem.* **264**, 17615–17618 (1989).

82. Fritz, T. A., Raman, J. & Tabak, L. A. Dynamic association between the catalytic and lectin domains of human UDP-GalNAc:polypeptide α -N-acetylgalactosaminyltransferase-2. *J. Biol. Chem.* **281**, 8613–8619 (2006).
83. Hazes, B. The (QxW)₃ domain: a flexible lectin scaffold. *Protein Sci.* **5**, 1490–501 (1996).
84. Imberty, a, Piller, V., Piller, F. & Breton, C. Fold recognition and molecular modeling of a lectin-like domain in UDP-GalNAc:polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferases. *Protein Eng.* **10**, 1353–6 (1997).
85. Fritz, T. A., Hurley, J. H., Trinh, L.-B., Shiloach, J. & Tabak, L. A. The beginnings of mucin biosynthesis: The crystal structure of UDP-GalNAc:polypeptide α -N-acetylgalactosaminyltransferase-T1. *Proc. Natl. Acad. Sci.* **101**, 15307–15312 (2004).
86. Lira-Navarrete, E. *et al.* Dynamic interplay between catalytic and lectin domains of GalNAc-transferases modulates protein O-glycosylation. *Nat. Commun.* **6**, 6937 (2015).
87. Ten Hagen, K. G., Fritz, T. A. & Tabak, L. A. All in the family: The UDP-GalNAc:polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferases. *Glycobiology* **13**, 1–16 (2003).
88. Smith, R. D. & Lupashin, V. V. Role of the conserved oligomeric Golgi (COG) complex in protein glycosylation. *Carbohydr. Res.* **343**, 2024–2031 (2008).
89. Bourne, Y. & Henrissat, B. Glycoside hydrolases and glycosyltransferases: Families and functional modules. *Curr. Opin. Struct. Biol.* **11**, 593–600 (2001).
90. Kubota, T. *et al.* Structural Basis of Carbohydrate Transfer Activity by Human UDP-GalNAc: Polypeptide α -N-Acetylgalactosaminyltransferase (pp-GalNAc-T10). *J. Mol. Biol.* **359**, 708–727 (2006).
91. Hagen, F. K., Hazes, B., Raffo, R. & Tabak, L. A. Structure-function analysis of the UDP-N-acetyl-D-galactosamine:polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase.

- Essential residues lie in a predicted active site cleft resembling a lactose repressor fold. *J Biol Chem.* **274**, 6797–6803 (1999).
92. Raman, J. *et al.* The catalytic and lectin domains of UDP-GalNAc:polypeptide alpha-N-Acetylgalactosaminyltransferase function in concert to direct glycosylation site selection. *J. Biol. Chem.* **283**, 22942–22951 (2008).
 93. Perrine, C. L. *et al.* Glycopeptide-preferring polypeptide GalNAc transferase 10 (ppGalNAc T10), involved in mucin-type O-glycosylation, has a unique GalNAc-O-Ser/Thr-binding site in its catalytic domain not found in ppGalNAc T1 or T2. *J. Biol. Chem.* **284**, 20387–20397 (2009).
 94. O’Connell, B., Tabak, L. A. & Ramasubbu, N. The influence of flanking sequences on O-glycosylation. *Biochem. Biophys. Res. Commun.* **180**, 1024–1030 (1991).
 95. Wilson, I. B., Gavel, Y. & von Heijne, G. Amino acid distributions around O-linked glycosylation sites. *Biochem. J.* **275**, 529–534 (1991).
 96. Gerken, T. A. *et al.* Emerging paradigms for the initiation of mucin-type protein O-glycosylation by the polypeptide GalNAc transferase family of glycosyltransferases. *J. Biol. Chem.* **286**, 14493–14507 (2011).
 97. Kinarsky, L. *et al.* Conformational studies on the MUC1 tandem repeat glycopeptides: Implication for the enzymatic O-glycosylation of the mucin protein core. *Glycobiology* **13**, 929–939 (2003).
 98. Ashkenazy, H., Erez, E., Martz, E., Pupko, T. & Ben-Tal, N. ConSurf 2010: Calculating evolutionary conservation in sequence and structure of proteins and nucleic acids. *Nucleic Acids Res.* **38**, 529–533 (2010).
 99. Landau, M. *et al.* ConSurf 2005: The projection of evolutionary conservation scores of residues on protein structures. *Nucleic Acids Res.* **33**, 299–302 (2005).
 100. Dodd, R. B. & Drickamer, K. Lectin-like proteins in model organisms: implications for evolution of carbohydrate-binding activity. *Glycobiology* **11**, 71R–9R (2001).

101. Rutenber, E., Ready, M. & Robertus, J. D. Structure and evolution of ricin B chain. *Nature* **326**, 624–626 (1987).
102. Ponting, C. P. & Russell, R. B. Identification of distant homologues of fibroblast growth factors suggests a common ancestor for all beta-trefoil proteins. *J. Mol. Biol.* **302**, 1041–1047 (2000).
103. Mukhopadhyay, D. The molecular evolutionary history of a winged bean alpha-chymotrypsin inhibitor and modeling of its mutations through structural analyses. *J Mol Evol.* **50**, 214–23 (2000).
104. Kureishy, N., Sapountzi, V., Prag, S., Anilkumar, N. & Adams, J. C. Fascins, and their roles in cell structure and function. *BioEssays* **24**, 350–361 (2002).
105. Liu, C., Gaspar, J. A., Wong, H. J. & Meiering, E. M. Conserved and nonconserved features of the folding pathway of hisactophilin, a beta-trefoil protein. *Protein Sci.* **11**, 669–79 (2002).
106. Ornitz, D. M. & Itoh, N. Fibroblast growth factors. *Genome Biol.* **2**, REVIEWS3005 (2001).
107. Wandall, H. H. *et al.* The lectin domains of polypeptide GalNAc-transferases exhibit carbohydrate-binding specificity for GalNAc: Lectin binding to GalNAc-glycopeptide substrates is required for high density GalNAc-O-glycosylation. *Glycobiology* **17**, 374–387 (2007).
108. Pedersen, J. W. *et al.* Lectin domains of polypeptide GalNAc transferases exhibit glycopeptide binding specificity. *J. Biol. Chem.* **286**, 32684–32696 (2011).
109. Hassan, H. *et al.* The lectin domain of UDP-N-acetyl-D-galactosamine: Polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase-T4 directs its glycopeptide specificities. *J. Biol. Chem.* **275**, 38197–38205 (2000).
110. Tenno, M., Saeki, A., Kézdy, F. J., Elhammer, Å. P. & Kurosaka, A. The lectin domain of UDP-GALNAC: Polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase 1 is involved in O-glycosylation of a polypeptide with multiple acceptor sites. *J. Biol.*

Chem. **277**, 47088–47096 (2002).

111. Bennett, E. P. *et al.* Genomic organization and chromosomal localization of three members of the UDP-N-acetylgalactosamine: polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase family. *Glycobiology* **8**, 547–55 (1998).
112. Revoredo, L. *et al.* Mucin-type O-glycosylation is controlled by short- and long-range glycopeptide substrate recognition that varies among members of the polypeptide GalNAc transferase family. *Glycobiology* **26**, 360–76 (2016).
113. Gerken, T. A. *et al.* The lectin domain of the polypeptide GalNAc transferase family of glycosyltransferases (ppGalNAc Ts) acts as a switch directing glycopeptide substrate glycosylation in an N- or C-terminal direction, further controlling mucin type O-Glycosylation. *J. Biol. Chem.* **288**, 19900–19914 (2013).
114. Bennett, E. P. *et al.* Cloning and characterization of a close homologue of human UDP-N-acetyl-alpha-D-galactosamine:Polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase-T3, designated GalNAc-T6. Evidence for genetic but not functional redundancy. *J. Biol. Chem.* **274**, 25362–25370 (1999).
115. Bard, F. & Chia, J. Cracking the Glycome Encoder: Signaling, Trafficking, and Glycosylation. *Trends Cell Biol.* **26**, 379–388 (2016).
116. Mandel, U. *et al.* Expression of polypeptide GalNAc-transferases in stratified epithelia and squamous cell carcinomas: Immunohistological evaluation using monoclonal antibodies to three members of the GalNAc-transferase family. *Glycobiology* **9**, 43–52 (1999).
117. Kingsley, P. D., Hagen, K. G., Maltby, K. M., Zara, J. & Tabak, L. a. Diverse spatial expression patterns of UDP-GalNAc:polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase family member mRNAs during mouse development. *Glycobiology* **10**, 1317–1323 (2000).
118. Young, W. W., Holcomb, D. R., Ten Hagen, K. G. & Tabak, L. A. Expression of UDP-GalNAc:polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase isoforms in murine

- tissues determined by real-time PCR: A new view of a large family. *Glycobiology* **13**, 549–557 (2003).
119. Ramzan, M., Hoessli, D. C., Fang, M. & Hussain, M. N-acetylgalactosaminyltransferases in cancer. *Oncotarget* **7**, (2016).
 120. Nomoto, M. *et al.* Structural basis for the regulation of UDP-N-acetyl- α -D-galactosamine: Polypeptide N-acetylgalactosaminyl transferase-3 gene expression in adenocarcinoma cells. *Cancer Res.* **59**, 6214–6222 (1999).
 121. Dyrskjøt, L. *et al.* Genomic profiling of microRNAs in bladder cancer: miR-129 is associated with poor outcome and promotes cell death in vitro. *Cancer Res.* **69**, 4851–4860 (2009).
 122. Kahai, S. *et al.* MicroRNA miR-378 regulates nephronectin expression modulating osteoblast differentiation by targeting GalNT-7. *PLoS One* **4**, e7535 (2009).
 123. Gazieli-Sovran, A. *et al.* MiR-30b/30d Regulation of GalNAc Transferases Enhances Invasion and Immunosuppression during Metastasis. *Cancer Cell* **20**, 104–118 (2011).
 124. Peng, R. Q. *et al.* MicroRNA-214 suppresses growth and invasiveness of cervical cancer cells by targeting UDP-N-acetyl-alpha-D-galactosamine:polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase 7. *J Biol Chem* **287**, 14301–14309 (2012).
 125. Kasper, B. T., Koppolu, S. & Mahal, L. K. Insights into miRNA regulation of the human glycome. *Biochem. Biophys. Res. Commun.* **445**, 774–779 (2014).
 126. Glick, B. S. & Malhotra, V. The curious status of the Golgi apparatus. *Cell* **95**, 883–889 (1998).
 127. Gill, D. J., Chia, J., Senewiratne, J. & Bard, F. Regulation of O-glycosylation through Golgi-to-ER relocation of initiation enzymes. *J. Cell Biol.* **189**, 843–858 (2010).

128. Storrie, B. & Nilsson, T. The Golgi apparatus: balancing new with old. *Traffic* **3**, 521–9 (2002).
129. Shifley, E. T. & Cole, S. E. Lunatic fringe protein processing by proprotein convertases may contribute to the short protein half-life in the segmentation clock. *Biochim. Biophys. Acta* **1783**, 2384–2390 (2008).
130. Woodard-Grice, A. V., McBrayer, A. C., Wakefield, J. K., Zhuo, Y. & Bellis, S. L. Proteolytic shedding of ST6Gal-I by BACE1 regulates the glycosylation and function of alpha4beta1 integrins. *J. Biol. Chem.* **283**, 26364–26373 (2008).
131. Schjoldager, K. T. B. G. *et al.* A systematic study of site-specific GalNAc-type O-glycosylation modulating proprotein convertase processing. *J. Biol. Chem.* **286**, 40122–40132 (2011).
132. Schjoldager, K. T. *et al.* Probing isoform-specific functions of polypeptide GalNAc-transferases using zinc finger nuclease glycoengineered SimpleCells. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* **109**, 9893–8 (2012).
133. Vakhrushev, S. Y. *et al.* Enhanced mass spectrometric mapping of the human GalNAc-type O-glycoproteome with SimpleCells. *Mol. Cell. Proteomics* **12**, 932–44 (2013).
134. Chia, J., Tham, K. M., Gill, D. J., Bard-Chapeau, E. A. & Bard, F. A. ERK8 is a negative regulator of O-GalNAc glycosylation and cell migration. *Elife* **3**, 1–22 (2014).
135. Harrison, R. *et al.* Glycoproteomic characterization of recombinant mouse -dystroglycan. *Glycobiology* **22**, 662–675 (2012).
136. Nilsson, J., Nilsson, J., Larson, G. & Grahn, A. Characterization of site-specific O-glycan structures within the mucin-like domain of alpha-dystroglycan from human skeletal muscle. *Glycobiology* **20**, 1160–1169 (2010).
137. Lorenz, C., Strahl-bolsinger, S. & Ernst, J. F. Specific in vitro O-glycosylation of human granulocyte-macrophage colony-stimulating-factor-derived peptides by

- O-glycosyltransferases of yeast and rat liver cells. *Eur J Biochem.* **205**, 1163–1167 (1992).
138. Freire-de-lima, L. *et al.* Involvement of O-glycosylation defining oncofetal fibronectin in epithelial-mesenchymal transition process. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* **108**, 17690–17695 (2011).
 139. Nehrke, K., Hagen, F. K. & Tabak, L. A. Isoform-specific O-glycosylation by murine UDP-GalNAc : polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase-T3, in vivo. *Glycobiology* **8**, 367–371 (1998).
 140. Defrees, S. *et al.* GlycoPEGylation of recombinant therapeutic proteins produced in *Escherichia coli*. *Glycobiology* **16**, 833–843 (2006).
 141. Kato, K. *et al.* Polypeptide GalNAc-transferase T3 and familial tumoral calcinosis: Secretion of fibroblast growth factor 23 requires O-glycosylation. *J. Biol. Chem.* **281**, 18370–18377 (2006).
 142. Schjoldager, K. T. B. G. *et al.* O-glycosylation modulates proprotein convertase activation of angiotensin-like protein 3: Possible role of polypeptide GalNAc-transferase-2 in regulation of concentrations of plasma lipids. *J. Biol. Chem.* **285**, 36293–36303 (2010).
 143. Gerken, T. A., Raman, J., Fritz, T. A. & Jamison, O. Identification of common and unique peptide substrate preferences for the UDP-GalNAc:polypeptide alpha-N-acetylgalactosaminyltransferases T1 and T2 derived from oriented random peptide substrates. *J. Biol. Chem.* **281**, 32403–32416 (2006).
 144. Gerken, T. A., Ten Hagen, K. G. & Jamison, O. Conservation of peptide acceptor preferences between drosophila and mammalian polypeptide-GalNAc transferase ortholog pairs. *Glycobiology* **18**, 861–870 (2008).
 145. Bennett, E. P. *et al.* Cloning of a human UDP-N-acetyl-alpha-D-Galactosamine:polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase that complements other GalNAc-transferases in complete O-glycosylation of the

- MUC1 tandem repeat. *J Biol Chem* **273**, 30472–30481 (1998).
146. Sheehan, J. K. *et al.* Identification of Molecular Intermediates in the Assembly Pathway of the MUC5AC Mucin. *J. Biol. Chem.* **279**, 15698–15705 (2004).
 147. Perez-vilar, J. & Hill, R. L. The structure and assembly of secreted mucins. *J Biol Chem.* **274**, 31751–31754 (1999).
 148. Forstner, G. Signal transduction, packaging and secretion of mucins. *Annu. Rev. Physiol.* **57**, 585–605 (1995).
 149. Gendler, S. J. & Spicer, A. P. Epithelial mucin genes. *Annu. Rev. Physiol.* **57**, 607–634 (1995).
 150. Lang, T., Hansson, G. C. & Samuelsson, T. Gel-forming mucins appeared early in metazoan evolution. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* **104**, 16209–14 (2007).
 151. Garner, B. *et al.* Structural elucidation of the N- and O-glycans of human apolipoprotein(a). Role of O-glycans in conferring protease resistance. *J. Biol. Chem.* **276**, 22200–22208 (2001).
 152. Ellies, L. G. *et al.* Sialyltransferase ST3Gal-IV operates as a dominant modifier of hemostasis by concealing asialoglycoprotein receptor ligands. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* **99**, 10042–7 (2002).
 153. Delacour, D. *et al.* 1-Benzyl-2-acetamido-2-deoxy- α -D-galactopyranoside blocks the apical biosynthetic pathway in polarized HT-29 cells. *J. Biol. Chem.* **278**, 37799–37809 (2003).
 154. Ulloa, F. & Real, F. X. Benzyl-N-acetyl- α -D-galactosaminide induces a storage disease-like phenotype by perturbing the endocytic pathway. *J. Biol. Chem.* **278**, 12374–12383 (2003).
 155. Jablonka-Shariff, A., Garcia-Campayo, V. & Boime, I. Evolution of lutropin to chorionic gonadotropin generates a specific routing signal for apical release in vivo. *J. Biol. Chem.* **277**, 879–882 (2002).

156. Altschuler, Y. *et al.* Clathrin-mediated endocytosis of MUC1 is modulated by its glycosylation state. *Mol. Biol. Cell* **11**, 819–31 (2000).
157. Ulloa, F., Francí, C. & Real, F. X. GalNAc- α -O-benzyl inhibits sialylation of de Novo synthesized apical but not basolateral sialoglycoproteins and blocks lysosomal enzyme processing in a post-trans-Golgi network compartment. *J. Biol. Chem.* **275**, 18785–18793 (2000).
158. Tabak, L. A. In defense of the oral cavity: structure, biosynthesis, and function of salivary mucins. *Annu. Rev. Physiol.* **57**, 547–564 (1995).
159. Lichtenberger, L. M. The hydrophobic barrier properties of gastrointestinal mucus. *Annu Rev Physiol* **57**, 565–83 (1995).
160. Ellies, L. G. *et al.* Core 2 oligosaccharide biosynthesis distinguishes between selectin ligands essential for leukocyte homing and inflammation. *Immunity* **9**, 881–890 (1998).
161. Kong, Y. *et al.* Probing polypeptide GalNAc-transferase isoform substrate specificities by in vitro analysis. *Glycobiology* **25**, 55–65 (2015).
162. Zhang, L. & Ten Hagen, K. G. Dissecting the biological role of mucin-type O-glycosylation using RNA interference in *Drosophila* cell culture. *J. Biol. Chem.* **285**, 34477–34484 (2010).
163. Zhang, L., Tran, D. T. & Ten Hagen, K. G. An O-glycosyltransferase promotes cell adhesion during development by influencing secretion of an extracellular matrix integrin ligand. *J. Biol. Chem.* **285**, 19491–19501 (2010).
164. Tian, E., Hoffman, M. P. & Ten Hagen, K. G. O-glycosylation modulates integrin and FGF signalling by influencing the secretion of basement membrane components. *Nat. Commun.* **3**, 869 (2012).
165. Tian, E. *et al.* Galnt1 is required for normal heart valve development and cardiac function. *PLoS One* **10**, 1–19 (2015).

166. Doyonnas, R. *et al.* Anuria, omphalocele, and perinatal lethality in mice lacking the CD34-related protein podocalyxin. *J. Exp. Med.* **194**, 13–27 (2001).
167. Fu, J. *et al.* Endothelial cell O-glycan deficiency causes blood / lymphatic misconnections and consequent fatty liver disease in mice. *J. Clin. Invest.* **118**, 3725–3737 (2008).
168. Johnson, P. J. *et al.* Structures of disease-specific serum alpha-fetoprotein isoforms. *Br. J. Cancer* **83**, 1330–7 (2000).
169. Seidah, N. G. The proprotein convertases, 20 years later. *Methods Mol. Biol.* **768**, 23–57 (2011).
170. Bergeron, E., Basak, A., Decroly, E. & Seidah, N. G. Processing of alpha4 integrin by the proprotein convertases: histidine at position P6 regulates cleavage. *Biochem. J.* **373**, 475–84 (2003).
171. Veit, G. *et al.* Shedding of collagen XXIII is mediated by furin and depends on the plasma membrane microenvironment. *J. Biol. Chem.* **282**, 27424–27435 (2007).
172. Zacchigna, L. *et al.* Emilin1 links TGF-beta maturation to blood pressure homeostasis. *Cell* **124**, 929–942 (2006).
173. Sun, X., Essalmani, R., Susan-Resiga, D., Prat, A. & Seidah, N. G. Latent transforming growth factor beta-binding proteins-2 and -3 inhibit the proprotein convertase 5/6A. *J. Biol. Chem.* **286**, 29063–29073 (2011).
174. Ichikawa, S., Lyles, K. W. & Econs, M. J. A novel GALNT3 mutation in a pseudoautosomal dominant form of tumoral calcinosis: Evidence that the disorder is autosomal recessive. *J. Clin. Endocrinol. Metab.* **90**, 2420–2423 (2005).
175. Larsson, T. E. FGF23 Beyond Mineral Metabolism: A Bridge to Cardiovascular Disease. *Clin. J. Am. Soc. Nephrol.* **6**, 2735–2737 (2011).
176. Shimada, T. *et al.* Mutant FGF-23 responsible for autosomal dominant

- hypophosphatemic rickets is resistant to proteolytic cleavage and causes hypophosphatemia in vivo. *Endocrinology* **143**, 3179–3182 (2002).
177. Benet-Pagès, A. *et al.* FGF23 is processed by proprotein convertases but not by PHEX. *Bone* **35**, 455–462 (2004).
 178. White, K. E. *et al.* Autosomal-dominant hypophosphatemic rickets (ADHR) mutations stabilize FGF-23. *Kidney Int.* **60**, 2079–2086 (2001).
 179. Topaz, O. *et al.* Mutations in GALNT3, encoding a protein involved in O-linked glycosylation, cause familial tumoral calcinosis. *Nat. Genet.* **36**, 579–81 (2004).
 180. Goetz, R. *et al.* Isolated C-terminal tail of FGF23 alleviates hypophosphatemia by inhibiting FGF23-FGFR-Klotho complex formation. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* **107**, 407–412 (2010).
 181. Kathiresan, S. *et al.* Six new loci associated with blood low-density lipoprotein cholesterol, high-density lipoprotein cholesterol or triglycerides in humans. *Nat. Genet.* **40**, 189–197 (2008).
 182. Willer, C. J. *et al.* Newly identified loci that influence lipid concentrations and risk of coronary artery disease. *Nat. Genet.* **40**, 161–169 (2008).
 183. Teslovich, T. M. *et al.* Biological, clinical and population relevance of 95 loci for blood lipids. *Nature* **466**, 707–13 (2010).
 184. Henrich, S. *et al.* The crystal structure of the proprotein processing proteinase furin explains its stringent specificity. *Nat. Struct. Biol.* **10**, 520–526 (2003).
 185. Kingsley, D. M., Kozarsky, K. F., Hobbie, L. & Krieger, M. Reversible defects in O-linked glycosylation and LDL receptor expression in a UDP-Gal UDP-GalNAc 4-epimerase deficient mutant. *Cell* **44**, 749–759 (1986).
 186. Kozarsky, K., Kingsley, D. & Krieger, M. Use of a mutant cell line to study the kinetics and function of O-linked glycosylation of low density lipoprotein receptors. *Proc. Natl. Acad. Sci.* **85**, 4335–4339 (1988).

187. May, P., Bock, H. H., Nimpf, J. & Herz, J. Differential glycosylation regulates processing of lipoprotein receptors by gamma-secretase. *J. Biol. Chem.* **278**, 37386–37392 (2003).
188. Magrané, J., Casaroli-Marano, R. P., Reina, M., Gåfvels, M. & Vilaró, S. The role of O-linked sugars in determining the very low density lipoprotein receptor stability or release from the cell. *FEBS Lett.* **451**, 56–62 (1999).
189. Hahn, D. *et al.* Phorbol 12-myristate 13-acetate-induced ectodomain shedding and phosphorylation of the human meprin beta metalloprotease. *J. Biol. Chem.* **278**, 42829–42839 (2003).
190. Goth, C. K. *et al.* A systematic study of modulation of ADAM-mediated ectodomain shedding by site-specific O-glycosylation. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* **112**, 14623–14628 (2015).
191. Hakalahti, A. E. *et al.* Human β 1-adrenergic receptor is subject to constitutive and regulated N-terminal cleavage. *J. Biol. Chem.* **285**, 28850–28861 (2010).
192. Maryon, E. B., Zhang, J., Jellison, J. W. & Kaplan, J. H. Human copper transporter 1 lacking O-linked glycosylation is proteolytically cleaved in a Rab9-positive endosomal compartment. *J. Biol. Chem.* **284**, 28104–28114 (2009).
193. Kitazume, S. *et al.* Brain endothelial cells produce amyloid beta from amyloid precursor protein 770 and preferentially secrete the O-glycosylated form. *J. Biol. Chem.* **285**, 40097–40103 (2010).
194. Pedersen, N. B. *et al.* Low density lipoprotein receptor class A repeats are O-glycosylated in linker regions. *J. Biol. Chem.* **289**, 17312–17324 (2014).
195. Jentoft, N. Why are proteins O-mannosylated? *Trends Biochem. Sci.* **15**, 291–294 (1990).
196. Ladenson, R., Schwartz, S. & Ivy, A. Incidence of the blood groups and the secretor factor in patients with pernicious anemia and stomach carcinoma. *Am J Med Sci* **217**, 194–7 (1949).

197. Hakomori, S. I. & Murakami, W. T. Glycolipids of hamster fibroblasts and derived malignant-transformed cell lines. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* **59**, 254–261 (1968).
198. Munkley, J. & Elliott, D. J. Hallmarks of glycosylation in cancer. *Oncotarget* **7**, 1–12 (2016).
199. Pinho, S. S. & Reis, C. A. Glycosylation in cancer: mechanisms and clinical implications. *Nat Rev Cancer* **15**, 540–555 (2015).
200. Hakomori, S. & Kannagi, R. Glycosphingolipids as tumor-associated and differentiation markers. *J Natl Cancer Inst* **71**, 231–51 (1983).
201. Marcos, N. T. *et al.* ST6GalNAc-I controls expression of sialyl-Tn antigen in gastrointestinal tissues. *Front. Biosci. (Elite Ed)* **3**, 1443–55 (2011).
202. Julien, S. *et al.* ST6GalNAc I expression in MDA-MB-231 breast cancer cells greatly modifies their O-glycosylation pattern and enhances their tumourigenicity. *Glycobiology* **16**, 54–64 (2006).
203. Kannagi, R., Yin, J., Miyazaki, K. & Izawa, M. Current relevance of incomplete synthesis and neo-synthesis for cancer-associated alteration of carbohydrate determinants-Hakomori's concepts revisited. *Biochim. Biophys. Acta* **1780**, 525–531 (2008).
204. Buckhaults, P., Chen, L., Fregien, N. & Pierce, M. Transcriptional regulation of N-acetylglucosaminyltransferase V by the src oncogene. *J. Biol. Chem.* **272**, 19575–19581 (1997).
205. Hatano, K., Miyamoto, Y., Nonomura, N. & Kaneda, Y. Expression of gangliosides, GD1a, and sialyl paragloboside is regulated by NF- κ B-dependent transcriptional control of α 2,3-sialyltransferase I, II, and VI in human castration-resistant prostate cancer cells. *Int. J. Cancer* **129**, 1838–1847 (2011).
206. Pinho, S. S. *et al.* Loss and recovery of Mgat3 and GnT-III mediated E-cadherin N-glycosylation is a mechanism involved in epithelial-Mesenchymal-Epithelial

- transitions. *PLoS One* **7**, 1–9 (2012).
207. Schietinger, A. *et al.* A mutant chaperone converts a wild-type protein into a tumor-specific antigen. *Science* **314**, 304–8 (2006).
 208. Kakugawa, Y. *et al.* Up-regulation of plasma membrane-associated ganglioside sialidase (Neu3) in human colon cancer and its involvement in apoptosis suppression. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* **99**, 10718–23 (2002).
 209. Kumamoto, K., Goto, Y., Sekikawa, K. & Determinants, S. L. A. X. Increased Expression of UDP-Galactose Transporter Messenger RNA in Human Colon Cancer Tissues and Its Implication in Synthesis of Thomsen-Friedenreich Antigen and Sialyl Lewis A / X Determinants. *Cancer Res* **61**, 4620–4627 (2001).
 210. Kellokumpu, S., Sormunen, R. & Kellokumpu, I. Abnormal glycosylation and altered Golgi structure in colorectal cancer: Dependence on intra-Golgi pH. *FEBS Lett.* **516**, 217–224 (2002).
 211. Hakomori, S. Glycosylation defining cancer malignancy: new wine in an old bottle. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* **99**, 10231–10233 (2002).
 212. Christiansen, M. N. *et al.* Cell surface protein glycosylation in cancer. *Proteomics* **14**, 525–546 (2014).
 213. Arnold, J. N., Saldova, R., Abd Hamid, U. M. & Rudd, P. M. Evaluation of the serum N-linked glycome for the diagnosis of cancer and chronic inflammation. *Proteomics* **8**, 3284–3293 (2008).
 214. Kim, Y. & Varki, A. Perspectives on the significance of altered glycosylation of glycoproteins in cancer. *Glycoconj J* **14**, 569–76 (1997).
 215. Sewell, R. *et al.* The ST6GalNAc-I sialyltransferase localizes throughout the golgi and is responsible for the synthesis of the tumor-associated sialyl-Tn O-glycan in human breast cancer. *J. Biol. Chem.* **281**, 3586–3594 (2006).
 216. Dennis, J., Granovsky, M. & Warren, C. Glycoprotein glycosylation and cancer

- progression. *Biochim Biophys Acta* **1473**, 21–34 (1999).
217. Falconer, R. A., Errington, R. J., Shnyder, S. D., Smith, P. J. & Patterson, L. H. Polysialyltransferase: a new target in metastatic cancer. *Curr. Cancer Drug Targets* **12**, 925–39 (2012).
218. Julien, S., Bobowski, M., Steenackers, A., Le Bourhis, X. & Delannoy, P. How Do Gangliosides Regulate RTKs Signaling? *Cells* **2**, 751–67 (2013).
219. Dennis, J. W., Laferté, S., Waghorne, C., Breitman, M. L. & Kerbel, R. S. Beta 1-6 branching of Asn-linked oligosaccharides is directly associated with metastasis. *Science* **236**, 582–5 (1987).
220. Noda, K. *et al.* Gene expression of alpha1-6 fucosyltransferase in human hepatoma tissues: a possible implication for increased fucosylation of alpha-fetoprotein. *Hepatology* **28**, 944–952 (1998).
221. Julien, S., Videira, P. A. & Delannoy, P. Sialyl-Tn in cancer: (how) did we miss the target? *Biomolecules* **2**, 435–66 (2012).
222. Brockhausen, I. Pathways of O-glycan biosynthesis in cancer cells. *Biochim. Biophys. Acta* **1473**, 67–95 (1999).
223. Ren, D. *et al.* Phyllodes tumor of the breast: Role of Axl and ST6GalNAcII in the development of mammary phyllodes tumors. *Tumor Biol.* **35**, 9603–9612 (2014).
224. Tamura, F. *et al.* RNAi-mediated gene silencing of ST6GalNAc I suppresses the metastatic potential in gastric cancer cells. *Gastric Cancer* **19**, 85–97 (2014).
225. Taylor-Papadimitriou, J., Burchell, J., Miles, D. W. & Dalziel, M. MUC1 and cancer. *Biochim. Biophys. Acta* **1455**, 301–313 (1999).
226. Kudelka, M. R., Ju, T., Heimbürg-Molinario, J. & Cummings, R. D. Simple sugars to complex disease--mucin-type O-glycans in cancer. *Adv. Cancer Res.* **126**, 53–135 (2015).
227. Itzkowitz, S. *et al.* Expression of Tn, sialosyl Tn, and T antigens in human

- pancreas. *Gastroenterology* **100**, 1691–700 (1991).
228. Ching, C. K., Holmes, S. W., Holmes, G. K. & Long, R. G. Comparison of two sialosyl-Tn binding monoclonal antibodies (MLS102 and B72.3) in detecting pancreatic cancer. *Gut* **34**, 1722–5 (1993).
229. Lyubsky, S., Madariaga, J., Lozowski, M. & Mishriki, Y. A Tumor-Associated Antigen in Carcinoma of the Pancreas Defined by Monoclonal Antibody B72 . 3. *Am J Clin Pathol* **89**, 160–167 (1988).
230. Kim, G. E. *et al.* Aberrant expression of MUC5AC and MUC6 gastric mucins and sialyl Tn antigen in intraepithelial neoplasms of the pancreas. *Gastroenterology* **123**, 1052–1060 (2002).
231. Springer, G. T and Tn, general carcinoma autoantigens. *Science* **224**, 1198–1206 (1984).
232. Springer, G. F. Immunoreactive T and Tn epitopes in cancer diagnosis, prognosis, and immunotherapy. *J. Mol. Med.* **75**, 594–602 (1997).
233. Ju, T. *et al.* Human tumor antigens Tn and sialyl Tn arise from mutations in Cosmc. *Cancer Res.* **68**, 1636–1646 (2008).
234. Vavasseur, F., Yang, J. M., Dole, K., Paulsen, H. & Brockhausen, I. Synthesis of O-glycan core 3: characterization of UDP-GlcNAc: GalNAc-R beta 3-N-acetylglucosaminyltransferase activity from colonic mucosal tissues and lack of the activity in human cancer cell lines. *Glycobiology* **5**, 351–357 (1995).
235. Yang, J. *et al.* Alterations of O-glycan biosynthesis in human colon cancer tissues. *Glycobiology* **4**, 873–884 (1994).
236. Ju, T. & Cummings, R. D. Protein glycosylation: chaperone mutation in Tn syndrome. *Nature* **437**, 1252 (2005).
237. Radhakrishnan, P. *et al.* Immature truncated O-glycophenotype of cancer directly induces oncogenic features. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* **111**, E4066-75

- (2014).
238. Mi, R. *et al.* Epigenetic silencing of the chaperone Cosmc in human leukocytes expressing Tn antigen. *J. Biol. Chem.* **287**, 41523–41533 (2012).
 239. Gill, D. J. *et al.* Initiation of GalNAc-type O-glycosylation in the endoplasmic reticulum promotes cancer cell invasiveness. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* **110**, E3152–61 (2013).
 240. Marcos, N. T. *et al.* Role of the human ST6GalNAc-I and ST6GalNAc-II in the synthesis of the cancer-associated Sialyl-Tn antigen. *Cancer Res.* **64**, 7050–7057 (2004).
 241. Jass, J. R., Allison, L. M. & Edgar, S. Monoclonal antibody TKH2 to the cancer-associated epitope sialosyl Tn shows cross-reactivity with variants of normal colorectal goblet cell mucin. *Pathology* **26**, 418–22 (1994).
 242. Axelsson, M. A. B. *et al.* Neutralization of pH in the Golgi apparatus causes redistribution of glycosyltransferases and changes in the O-glycosylation of mucins. *Glycobiology* **11**, 633–644 (2001).
 243. Hassinen, A. *et al.* Functional organization of Golgi N- and O-glycosylation pathways involves pH-dependent complex formation that is impaired in cancer cells. *J. Biol. Chem.* **286**, 38329–38340 (2011).
 244. Petrosyan, A., Ali, M. F. & Cheng, P. W. Glycosyltransferase-specific Golgi-targeting mechanisms. *J. Biol. Chem.* **287**, 37621–37627 (2012).
 245. Yu, L. G. The oncofetal Thomsen-Friedenreich carbohydrate antigen in cancer progression. *Glycoconj. J.* **24**, 411–420 (2007).
 246. Brockhausen, I., Yang, J. M., Burchell, J., Whitehouse, C. & Taylor-Papadimitriou, J. Mechanisms underlying aberrant glycosylation of MUC1 mucin in breast cancer cells. *Eur. J. Biochem.* **233**, 607–617 (1995).
 247. Julien, S. *et al.* Stable expression of sialyl-Tn antigen in T47-D cells induces a

- decrease of cell adhesion and an increase of cell migration. *Breast Cancer Res. Treat.* **90**, 77–84 (2005).
248. Suzuki, O., Abe, M. & Hashimoto, Y. Sialylation and glycosylation modulate cell adhesion and invasion to extracellular matrix in human malignant lymphoma: Dependency on integrin and the Rho GTPase family. *Int. J. Oncol.* **47**, 2091–2099 (2015).
249. Semel, A. C. *et al.* Hyposialylation of integrins stimulates the activity of myeloid fibronectin receptors. *J. Biol. Chem.* **277**, 32830–32836 (2002).
250. Dennis, J., Waller, C., Timpl, R. & Schirrmacher, V. Surface sialic acid reduces attachment of metastatic tumour cells to collagen type IV and fibronectin. *Nature* **300**, 274–6 (1982).
251. Nadanaka, S. *et al.* Occurrence of oligosialic acids on integrin alpha 5 subunit and their involvement in cell adhesion to fibronectin. *J. Biol. Chem.* **276**, 33657–33664 (2001).
252. Bao, X. *et al.* Tumor suppressor function of laminin-binding α -dystroglycan requires a distinct β 3-N-acetylglucosaminyltransferase. *Proc. Natl. Acad. Sci.* **106**, 12109–12114 (2009).
253. Zhao, Q. *et al.* Circulating galectin-3 promotes metastasis by modifying MUC1 localization on cancer cell surface. *Cancer Res.* **69**, 6799–6806 (2009).
254. Dimitroff, C. J. Galectin-binding O-glycosylations as regulators of malignancy. *Cancer Res.* **75**, 3195–3202 (2015).
255. Park, J. H., Katagiri, T., Chung, S., Kijima, K. & Nakamura, Y. Polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase 6 disrupts mammary acinar morphogenesis through O-glycosylation of fibronectin. *Neoplasia* **13**, 320–326 (2011).
256. Huang, M. J. *et al.* Knockdown of GALNT1 suppresses malignant phenotype of hepatocellular carcinoma by suppressing EGFR signaling. *Oncotarget* **6**, 5650–65 (2015).

257. Yang, C., Zhan, X., Hu, X., Kondepudi, A. & Perdue, J. The expression and characterization of human recombinant proinsulin-like growth factor II and a mutant that is defective in the O-glycosylation of its E domain. *Endocrinology* **137**, 2766–2773 (1996).
258. Duguay, S. J. *et al.* Post-translational processing of the insulin-like growth factor-2 precursor. Analysis of O-glycosylation and endoproteolysis. *J. Biol. Chem.* **273**, 18443–51 (1998).
259. Daughaday, W. H., Trivedi, B. & Baxter, R. C. Serum ‘big insulin-like growth factor II’ from patients with tumor hypoglycemia lacks normal E-domain O-linked glycosylation, a possible determinant of normal propeptide processing. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* **90**, 5823–7 (1993).
260. Wagner, K. W. *et al.* Death-receptor O-glycosylation controls tumor-cell sensitivity to the proapoptotic ligand Apo2L/TRAIL. *Nat. Med.* **13**, 1070–1077 (2007).
261. Saeland, E. *et al.* The C-type lectin MGL expressed by dendritic cells detects glycan changes on MUC1 in colon carcinoma. *Cancer Immunol. Immunother.* **56**, 1225–1236 (2007).
262. van Vliet, S. J., van Liempt, E., Geijtenbeek, T. B. H. & van Kooyk, Y. Differential regulation of C-type lectin expression on tolerogenic dendritic cell subsets. *Immunobiology* **211**, 577–585 (2006).
263. Guda, K. *et al.* Inactivating germ-line and somatic mutations in polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase 12 in human colon cancers. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* **106**, 12921–5 (2009).
264. Wu, Y. M. *et al.* Mucin glycosylating enzyme GALNT2 regulates the malignant character of hepatocellular carcinoma by modifying the EGF receptor. *Cancer Res.* **71**, 7270–7279 (2011).
265. He, H. *et al.* Clinical significance of polypeptide N-acetylgalactosaminyl

- transferase-5 (GalNAc-T5) expression in patients with gastric cancer. *Br. J. Cancer* **110**, 2021–9 (2014).
266. Onitsuka, K. *et al.* Prognostic significance of UDP- N -acetyl- α - D - galactosamine : polypeptide expression in patients with gastric carcinoma. *Cancer Sci* **94**, 32–6 (2003).
267. Gao, Y. *et al.* Expression pattern of polypeptide N- acetylgalactosaminyltransferase-10 in gastric carcinoma. *Oncol. Lett.* **5**, 113–116 (2013).
268. Hua, D. *et al.* Polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase 2 regulates cellular metastasis-associated behavior in gastric cancer. *Int. J. Mol. Med.* **30**, 1267–1274 (2012).
269. Gomes, J. *et al.* Expression of UDP-N-acetyl-D-galactosamine: Polypeptide N- acetylgalactosaminyltransferase-6 in Gastric Mucosa, Intestinal Metaplasia, and Gastric Carcinoma. *J. Histochem. Cytochem.* **57**, 79–86 (2009).
270. Park, J. H. *et al.* Critical roles of mucin 1 glycosylation by transactivated polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase 6 in mammary carcinogenesis. *Cancer Res.* **70**, 2759–2769 (2010).
271. Kitada, S. *et al.* Polypeptide N-acetylgalactosaminyl transferase 3 independently predicts high-grade tumours and poor prognosis in patients with renal cell carcinomas. *Br. J. Cancer* **109**, 472–81 (2013).
272. Wang, Z., Liu, Y., Zhang, P., Zhang, W. & Wang, W. FAM83D promotes cell proliferation and motility by downregulating tumor suppressor gene FBXW7. *Oncotarget* **4**, 2476–86 (2013).
273. Harada, Y. *et al.* Strong expression of polypeptide N- acetylgalactosaminyltransferase 3 independently predicts shortened disease-free survival in patients with early stage oral squamous cell carcinoma. *Tumor Biol.* **37**, 1357–1368 (2016).

274. Shibao, K. *et al.* Expression of UDP-N-acetyl- α -D-galactosamine-polypeptide GalNAc N-acetylgalactosaminyl transferase-3 in relation to differentiation and prognosis in patients with colorectal carcinoma. *Cancer* **94**, 1939–1946 (2002).
275. Dosaka-Akita, H. *et al.* N-acetylgalactosaminyl transferase-3 is a potential new marker for non-small cell lung cancers. *Br. J. Cancer* **87**, 751–755 (2002).
276. Kato, K. *et al.* Loss of UDP-GalNAc:polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase 3 and reduced O-glycosylation in colon carcinoma cells selected for hepatic metastasis. *Glycoconj. J.* **27**, 267–276 (2010).
277. Li, Z. *et al.* Polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase 6 expression in pancreatic cancer is an independent prognostic factor indicating better overall survival. *Br. J. Cancer* **104**, 1882–9 (2011).
278. Berois, N. *et al.* UDP-N-acetyl-D-galactosamine: Polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase-6 as a new immunohistochemical breast cancer marker. *J. Histochem. Cytochem.* **54**, 317–328 (2006).
279. Wandall, H. H. *et al.* Molecular basis for the presence of glycosylated onco-foetal fibronectin in oral carcinomas: The production of glycosylated onco-foetal fibronectin by carcinoma cells. *Oral Oncol.* **43**, 301–309 (2007).
280. Freire, T. *et al.* UDP-N-acetyl-D-galactosamine:polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase 6 (ppGalNAc-T6) mRNA as a potential new marker for detection of bone marrow-disseminated breast cancer cells. *Int. J. Cancer* **119**, 1383–1388 (2006).
281. Patani, N.; Jiang, W.; Mokbel, K. Prognostic Utility of Glycosyltransferase Expression in Breast Cancer. *Cancer Genomics Proteomics* **5**, 333–340 (2008).
282. Hennet, T., Hagen, F. K., Tabak, L. A. & Marth, J. D. T-cell-specific deletion of a polypeptide N-acetylgalactosaminyl-transferase gene by site-directed recombination. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* **92**, 12070–4 (1995).

283. Zhang, Y. *et al.* Cloning and characterization of a new human UDP-N-acetyl-alpha-D-galactosamine:polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase, designated pp-GalNAc-T13, that is specifically expressed in neurons and synthesizes GalNAc alpha-serine/threonine antigen. *J. Biol. Chem.* **278**, 573–584 (2003).
284. Xu, Y., Pang, W., Lu, J., Shan, A. & Zhang, Y. Polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase 13 contributes to neurogenesis via stabilizing the mucin-type O-glycoprotein podoplanin. *J. Biol. Chem.* **291**, 23477–23488 (2016).
285. Festari, M. *et al.* Revisiting the human polypeptide GalNAc-T1 and T13 paralogs. *Glycobiology* (2016).
286. Trajtenberg, F. Tesis de Maestría: O-glicosilación y cáncer. Caracterización de la glicosiltransferasa ppGalNAc-T13 y de sus variantes de splicing en neuroblastoma. (2006).
287. Raman, J., Guan, Y., Perrine, C. L., Gerken, T. A. & Tabak, L. A. UDP-N-acetyl- α -D-galactosamine:polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferases: completion of the family tree. *Glycobiology* **22**, 768–777 (2012).
288. Nogimori, K. *et al.* Increased expression levels of ppGalNAc-T13 in lung cancers: Significance in the prognostic diagnosis. *Int. J. Oncol.* **49**, 1369–1376 (2016).
289. Berois, N. *et al.* ppGalNAc-T13: A New Molecular Marker of Bone Marrow Involvement in Neuroblastoma. *Clin. Chem.* **52**, 1701–1712 (2006).
290. Matsumoto, Y. *et al.* pp-GalNAc-T13 induces high metastatic potential of murine Lewis lung cancer by generating trimeric Tn antigen. *Biochem. Biophys. Res. Commun.* **419**, 7–13 (2012).
291. Matsumoto, Y. *et al.* Trimeric Tn antigen on syndecan 1 produced by ppGalNAc-T13 enhances cancer metastasis via a complex formation with integrin $\alpha 5\beta 1$ and matrix metalloproteinase 9. *J. Biol. Chem.* **288**, 24264–24276 (2013).

292. Ferrandis, E., Silva, J. Da, Riou, G. & Bă, I. Coactivation of the MDR1 and MYCN Genes in Human Neuroblastoma Cells during the Metastatic Process in the Nude Mouse Coactivation of the MDR1 and MYCN Genes in Human Neuroblastoma Cells during the Metastatic Process in the Nude Mouse '. *Cancer Res* **54**, 2256–2261 (1994).
293. Zhang, Q. *et al.* Metastatic potential of mouse Lewis lung cancer cells is regulated via ganglioside GM1 by modulating the matrix metalloprotease-9 localization in lipid rafts. *J. Biol. Chem.* **281**, 18145–18155 (2006).
294. Auvergne, R. M. *et al.* Transcriptional Differences between Normal and Glioma-Derived Glial Progenitor Cells Identify a Core Set of Dysregulated Genes. *Cell Rep.* **3**, 2127–2141 (2013).
295. Vester-Christensen, M. B., Bennett, E. P., Clausen, H. & Mandel, U. Generation of monoclonal antibodies to native active human glycosyltransferases. *Methods Mol. Biol.* **1022**, 403–20 (2013).
296. Yang, Z. *et al.* Fast and sensitive detection of indels induced by precise gene targeting. *Nucleic Acids Res.* **43**, e59 (2015).
297. Andersen, P. S., Jespersgaard, C., Vuust, J., Christiansen, M. & Larsen, L. A. Capillary electrophoresis-based single strand DNA conformation analysis in high-throughput mutation screening. *Hum. Mutat.* **21**, 455–465 (2003).
298. Oetting, W. S. *et al.* Linkage analysis with multiplexed short tandem repeat polymorphisms using infrared fluorescence and M13 tailed primers. *Genomics* **30**, 450–458 (1995).
299. Schuelke, M. An economic method for the fluorescent labeling of PCR fragments. *Nat Biotechnol* **18**, 233–4 (2000).
300. Mellersh, C. S., Pettitt, L., Forman, O. P., Vaudin, M. & Barnett, K. C. Identification of mutations in HSF4 in dogs of three different breeds with hereditary cataracts. *Vet. Ophthalmol.* **9**, 369–378 (2006).

301. Boersema, P. J., Raijmakers, R., Lemeer, S., Mohammed, S. & Heck, A. J. R. Multiplex peptide stable isotope dimethyl labelling for quantitative proteomics. *Nat. Protoc.* **4**, 484–494 (2009).
302. Yang, Z. *et al.* The GalNAc-type O-Glycoproteome of CHO Cells Characterized by the SimpleCell Strategy. *Mol. Cell. Proteomics* **13**, 3224–3235 (2014).
303. Berois, N. *et al.* GALNT9 gene expression is a prognostic marker in neuroblastoma patients. *Clin. Chem.* **59**, 225–233 (2013).
304. Manning, G., Whyte, D., Martinez, R., Hunter, T. & Sudarsanam, S. The Protein Kinase Complement of the Human Genome. *Science* **298**, 1912–1934 (2002).
305. Leonhard-Melief, C. & Haltiwanger, R. S. O-Fucosylation of thrombospondin type 1 repeats. *Methods Enzymol.* **480**, 401–416 (2010).
306. Loibl, M. & Strahl, S. Protein O-mannosylation: What we have learned from baker's yeast. *Biochim. Biophys. Acta* **1833**, 2438–2446 (2013).
307. Boskovski, M. T. *et al.* The heterotaxy gene GALNT11 glycosylates Notch to orchestrate cilia type and laterality. *Nature* **504**, 456–9 (2013).
308. Van Der Post, S. *et al.* Site-specific O-glycosylation on the MUC2 mucin protein inhibits cleavage by the Porphyromonas gingivalis secreted cysteine protease (RgpB). *J. Biol. Chem.* **288**, 14636–14646 (2013).
309. Schwientek, T., Mandel, U., Roth, U., Müller, S. & Hanisch, F. G. A serial lectin approach to the mucin-type O-glycoproteome of Drosophila melanogaster S2 cells. *Proteomics* **7**, 3264–3277 (2007).
310. Halim, A., Nilsson, J., Rüetschi, U., Hesse, C. & Larson, G. Human urinary glycoproteomics; attachment site specific analysis of N- and O-linked glycosylations by CID and ECD. *Mol. Cell. proteomics* **11**, M111.013649 (2012).
311. Nilsen, T. W. & Graveley, B. R. Expansion of the eukaryotic proteome by alternative splicing. *Nature* **463**, 457–463 (2010).

312. Wang, H. *et al.* Cloning and characterization of a novel UDP-GalNAc:polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase, pp-GalNAc-T14. *Biochem. Biophys. Res. Commun.* **300**, 738–744 (2003).
313. Ten Hagen, K. G. *et al.* Cloning and expression of a novel, tissue specifically expressed member of the UDP-GalNAc:polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase family. *J. Biol. Chem.* **273**, 27749–27754 (1998).
314. Wang, X. *et al.* Chromosome mapping and organization of the human beta-galactoside alpha 2,6-sialyltransferase gene. Differential and cell-type specific usage of upstream exon sequences in B-lymphoblastoid cells. *J. Biol. Chem.* **268**, 4355–4361 (1993).
315. Relógio, A. *et al.* Alternative splicing microarrays reveal functional expression of neuron-specific regulators in Hodgkin lymphoma cells. *J. Biol. Chem.* **280**, 4779–4784 (2005).
316. Tenno, M. *et al.* Initiation of protein O glycosylation by the polypeptide GalNAcT-1 in vascular biology and humoral immunity. *Mol. Cell. Biol.* **27**, 8783–96 (2007).
317. Block, H., Ley, K. & Zarbock, A. Severe impairment of leukocyte recruitment in ppGalNAcT-1-deficient mice. *J. Immunol.* **188**, 5674–5681 (2012).
318. Pan, G. *et al.* Identification and functional characterization of DR6, a novel death domain-containing TNF receptor. *FEBS Lett.* **431**, 351–356 (1998).
319. Kasof, G. M. *et al.* Tumor necrosis factor-alpha induces the expression of DR6, a member of the TNF receptor family, through activation of NF-kappa B. *Oncogene* **20**, 7965–7975 (2001).
320. Benschop, R., Wei, T. & Na, S. Tumor necrosis factor receptor superfamily member 21: TNFR-related death receptor-6, DR6. *Adv Exp Med Biol.* **647**, 186–94 (2009).
321. Nikolaev, A., McLaughlin, T., O’Leary, D. D. M. & Tessier-Lavigne, M. APP binds

- DR6 to trigger axon pruning and neuron death via distinct caspases. *Nature* **457**, 981–989 (2009).
322. Olsen, O. *et al.* Genetic analysis reveals that amyloid precursor protein and death receptor 6 function in the same pathway to control axonal pruning independent of β -secretase. *J. Neurosci.* **34**, 6438–47 (2014).
323. Kallop, D. Y. *et al.* A Death Receptor 6-Amyloid Precursor Protein Pathway Regulates Synapse Density in the Mature CNS But Does Not Contribute to Alzheimer's Disease-Related Pathophysiology in Murine Models. *J. Neurosci.* **34**, 6425–6437 (2014).
324. Hemming, M. L., Elias, J. E., Gygi, S. P. & Selkoe, D. J. Identification of beta-secretase (BACE1) substrates using quantitative proteomics. *PLoS One* **4**, e8477 (2009).
325. Wu, L., Sun, T., Kobayashi, K., Gao, P. & Griffin, J. D. Identification of a family of mastermind-like transcriptional coactivators for mammalian notch receptors. *Mol. Cell. Biol.* **22**, 7688–700 (2002).
326. Kain, R., Angata, K., Kerjaschki, D. & Fukuda, M. Molecular cloning and expression of a novel human trans-Golgi network glycoprotein, TGN51, that contains multiple tyrosine-containing motifs. *J. Biol. Chem.* **273**, 981–988 (1998).
327. Huttlin, E. L. *et al.* The BioPlex Network: A Systematic Exploration of the Human Interactome. *Cell* **162**, 425–440 (2015).
328. Song, L. & Fricker, L. D. Tissue distribution and characterization of soluble and membrane-bound forms of metalloprotease D. *J. Biol. Chem.* **271**, 28884–28889 (1996).
329. Jin, T. *et al.* siRNA-targeted carboxypeptidase D inhibits hepatocellular carcinoma growth. *Cell Biol. Int.* **37**, 929–939 (2013).
330. Thomas, L. N., Merrimen, J., Bell, D. G., Rendon, R. & Too, C. K. L. Prolactin- and testosterone-induced carboxypeptidase-D correlates with increased

- nitrotyrosines and Ki67 in prostate cancer. *Prostate* **75**, 1726–1736 (2015).
331. Abdelmagid, S. A. & Too, C. K. L. Prolactin and estrogen up-regulate carboxypeptidase-D to promote nitric oxide production and survival of MCF-7 breast cancer cells. *Endocrinology* **149**, 4821–4828 (2008).
332. Petrylak, D. P. *et al.* Docetaxel and estramustine compared with mitoxantrone and prednisone for advanced refractory prostate cancer. *N. Engl. J. Med.* **351**, 1513–1520 (2004).
333. Thomas, L. N., Morehouse, T. J. & Too, C. K. L. Testosterone and prolactin increase carboxypeptidase-D and nitric oxide levels to promote survival of prostate cancer cells. *Prostate* **72**, 450–460 (2012).
334. Zhao, X. *et al.* microRNA-214 Governs Lung Cancer Growth and Metastasis by Targeting Carboxypeptidase-D. *DNA Cell Biol.* **35**, 1–7 (2016).
335. Novikova, E. G., Eng, F. J., Yan, L., Qian, Y. & Fricker, L. D. Characterization of the enzymatic properties of the first and second domains of metallocarboxypeptidase D. *J. Biol. Chem.* **274**, 28887–28892 (1999).
336. Lorenz, V. *et al.* Extrinsic functions of lectin domains in O-N-acetylgalactosamine glycan biosynthesis. *J. Biol. Chem.* (2016). doi:10.1074/jbc.M116.740795

ANEXO I

Tabla 1- Glicopéptidos identificados en HEK-293 SC /SC T13-/- (LCT)

N-	Sequence	C-	#Tn	Entry	Protein Group Accessions	Modifications	Medium/Light	# Missed Cleavages	Charge	m/z [Da]	MH+ [Da]	ΔM [ppm]
1006	LASNHLTCEGDPTN	1019	4	LRP2_HUMAN	Q96DB9	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); T8(HexNAc); T12(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4)); T16(HexNAc); K17(Dimethyl:2H(4))	4,749	1	4	673,59924	2691,37514	0,56
191	CEQDRPSTTAPP	203	1	LAMP1_HUMAN	O75976	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))	4,704	0	2	937,02441	1873,04155	0,56
62	SGLTTLVATSVNSVTGIR	79	2	PDPN_HUMAN	P28300	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S8(HexNAc); S10(HexNAc)	4,460	0	3	593,28284	1777,83396	0,54
2058	STILPTAEVEGKAPVEKEEVK	2079	4	CSPG2_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl); S1(HexNAc); T2(HexNAc); T6(HexNAc); T12(HexNAc); K13(Dimethyl); K18(Dimethyl); K22(Dimethyl)	4,265	2	4	820,68347	3279,71206	1,19
403	FQSPYEEQLEQQR	415	4	GOL14_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc); T2(HexNAc); T6(HexNAc); T12(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4)); K18(Dimethyl:2H(4)); K22(Dimethyl:2H(4))	4,265	2	4	824,70856	3295,81240	1,16
2058	STILPTAEVEGKAPVEKEEVK	2079	2	CSPG2_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T5(HexNAc); K10(Oxidation)	4,250	1	3	610,30975	1828,91471	-0,01
203	TTVPSPTTPTPK	215	2	LAMP2_HUMAN	Q9NPF0	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); S15(HexNAc); C16(Carbamidomethyl); K20(Dimethyl:2H(4))	4,205	0	3	787,05243	2359,14273	0,24
110	GGSGGNPTTIESPKSTK	127	3	PODXL_HUMAN	O00468	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S5(HexNAc); T7(HexNAc); S8(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4))	4,052	0	4	508,26880	2030,05337	0,25
191	QPTSTHPVATPTSSGHDHLMK	211	3	PODXL_HUMAN	O00468	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S5(HexNAc); T7(HexNAc); S8(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4))	4,052	0	4	508,26874	2030,05312	0,13
303	LGLEDVGT	310	1	NID1_HUMAN	P14209	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K1(Dimethyl:2H(4)); S3(HexNAc)	3,944	0	2	694,85571	1388,70415	0,68
97	AAHPDQTTLSER	110	3	FXDY5_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); T8(HexNAc); T15(HexNAc)	3,794	0	3	768,75354	2304,24607	-0,99
272	EAAQTIVAPTTANK	285	2	QSOX1_HUMAN	O00468	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc); S8(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4))	3,759	0	4	457,49887	1826,97365	0,09
359	EFHHPDPTDTPARGEQAQD	377	6	ERP44_HUMAN	Q96DB9	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc); T8(HexNAc); T9(HexNAc); T10(HexNAc); S16(HexNAc); S18(HexNAc)	3,699	0	4	862,89465	3448,55678	0,95
364	LPTTAASTPDAVD	376	1	A4_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4))	3,625	0	2	796,87317	1592,73906	-1,49
343	QATKDRVSDPHK	354	3	CASC4_HUMAN	P01130	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K2(Dimethyl:2H(4)); S4(HexNAc); S5(HexNAc); T5(HexNAc)	3,450	1	3	545,31677	1633,93576	0,69
200	GSLGDSGKHETVQEEK	217	1	EFNB1_HUMAN	Q9UIK5	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); K9(Dimethyl:2H(4))	3,418	0	2	646,82684	1292,64641	0,59
128	SSTQEATQQAVSTAHPPTGK	147	5	COCH_HUMAN	Q6UX71	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T8(HexNAc); T9(HexNAc); T10(HexNAc)	3,128	0	3	811,39233	2432,16245	1,01
196	ESVSSLQTTSQYLIR	210	1	GINM1_HUMAN	Q9BS26	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T9(HexNAc); K31(Dimethyl:2H(4))	3,101	0	4	890,91925	3560,65517	0,30
685	ERTETLPEMR	695	1	CSPG2_HUMAN	Q9BS26	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T9(HexNAc); K31(Dimethyl:2H(4))	3,101	0	4	890,91943	3560,65590	0,51
403	FQSPYEEQLEQQR	415	2	GOL14_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S6(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4)); S21(HexNAc)	3,058	1	4	696,08136	2781,30361	-0,04
649	GLTTRPGSLTNIKTEEIS	667	4	A4_HUMAN	Q8N2Q7	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc); T5(HexNAc); S6(HexNAc); T10(HexNAc); K12(Dimethyl:2H(4))	2,999	0	3	694,36725	2081,08719	-0,18
239	TQGTPVHLNYR	249	1	MA1B1_HUMAN	Q4KMG0	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S6(HexNAc); K11(Dimethyl:2H(4))	2,950	1	3	490,61972	1469,84461	-0,29
337	AATERPLGPPTER	349	2	NID1_HUMAN	P52799	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K2(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc); T14(HexNAc)	2,938	2	4	596,06842	2381,25185	0,45

338	VYNGTDPGSPFPVK	353	7	SUSD5_HUMAN	Q86YL7	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc); T9(HexNAc); S10(HexNAc); S13(HexNAc); T15(HexNAc)	2,920	0	4	808,15527	3229,59926	0,31
282	SEALPTDLPAPSAPDLTEPK	301	2	GLU2B_HUMAN	Q5SZK8	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc); S9(HexNAc)	2,891	0	3	686,00610	2056,00376	0,88
2058	STILPTAEVEGKAPVEKEEVK	2079	2	CSPG2_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T5(HexNAc); M10(Oxidation)	2,861	1	3	610,31006	1828,91562	0,49
303	LGLEVDVGTTPFSY	315	3	NID1_HUMAN	Q9NT99	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T7(HexNAc); T10(HexNAc)	2,846	0	3	673,66669	2018,98551	0,63
2699	SATVPEIEGK	2710	2	CSPG2_HUMAN	Q9H6E4	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); T10(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))	2,827	1	3	755,39825	2264,18021	0,76
126	SHPELQTPKQDSTGK	139	7	TGON2_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); S4(HexNAc); T5(HexNAc); T10(HexNAc); T12(HexNAc); S13(HexNAc); S14(HexNAc); K21(Dimethyl:2H(4))	2,824	0	5	743,75409	3714,74134	0,31
343	QATKDRVSDFK	354	7	CASC4_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); S4(HexNAc); T5(HexNAc); T10(HexNAc); T12(HexNAc); S13(HexNAc); S14(HexNAc); K21(Dimethyl:2H(4))	2,824	0	5	743,75415	3714,74165	0,39
191	QPTSTHPVATPTSSGHDLMK	211	1	PODXL_HUMAN	P23470	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); K9(Dimethyl:2H(4))	2,824	0	2	556,83649	1112,66570	0,68
169	SQATVTLPTWQPK	181	3	DNER_HUMAN	Q86YL7	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); T5(HexNAc); S13(HexNAc)	2,784	0	3	806,43207	2417,28165	0,37
829	STPGYEGEGEGDKNISR	845	5	NRP1_HUMAN	Q96DB9	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc); T8(HexNAc); T9(HexNAc); T10(HexNAc); S12(HexNAc)	2,749	0	3	887,07599	2659,21341	-0,31
12	EELMTTPILOQTEA	25	1	SMAGP_HUMAN	O95631	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); C15(Carbamidomethyl); C20(Carbamidomethyl); K21(Dimethyl:2H(4))	2,747	0	3	861,05225	2581,14219	0,51
136	SGPSDGPATPYQPR	149	1	PRRT4_HUMAN	Q68CQ7	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); K8(Dimethyl:2H(4))	2,722	0	2	617,85468	1234,70207	0,30
360	DPVKLPTTAASTPDA	374	4	A4_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); K4(Dimethyl); T7(HexNAc); T8(HexNAc); S11(HexNAc); T12(HexNAc)	2,712	1	3	761,04047	2281,10685	-0,03
403	FQSPYEEQLEQQR	415	4	GOLH_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); K4(Dimethyl); T7(HexNAc); T8(HexNAc); S11(HexNAc); T12(HexNAc)	2,712	1	3	761,04114	2281,10886	0,85
56	SIGDVTTAPPEVTPESR	72	4	SL9A1_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K4(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc); T8(HexNAc); S11(HexNAc); T12(HexNAc)	2,712	1	3	763,72540	2289,16166	1,98
102	AGTESPREEPGEFPAAR	120	4	TFR1_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K4(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc); T8(HexNAc); S11(HexNAc); T12(HexNAc)	2,712	1	3	763,72455	2289,15909	0,86
34	SVTDDGFAEGGPDER	49	4	RPRM_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K4(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc); T8(HexNAc); S11(HexNAc); T12(HexNAc)	2,712	1	3	763,72412	2289,15781	0,30
195	KESVSSLQTSQYLIR	210	3	GINM1_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K2(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T8(HexNAc); T10(HexNAc)	2,681	1	3	677,71161	2031,12027	0,35
2816	NCPRTCQSGYTK	2828	1	LRP2_HUMAN	P98164	N-Term(Dimethyl); C2(Carbamidomethyl); T6(HexNAc); C7(Carbamidomethyl); K13(Dimethyl)	2,678	1	3	615,94159	1845,81021	-0,22
2515	STDGSPQDR	2523	1	CSPG2_HUMAN	P98164	N-Term(Dimethyl:2H(4)); C2(Carbamidomethyl); T6(HexNAc); C7(Carbamidomethyl); K13(Dimethyl:2H(4))	2,678	1	3	618,62531	1853,86136	0,28
1006	LASNHLTCEGDPTN	1019	1	LRP2_HUMAN	Q13286	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T13(HexNAc)	2,670	0	2	814,88800	1628,76872	-0,83
838	MENKPTSSLEQK	849	4	AMD_HUMAN	Q7ZG0	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T2(HexNAc); K6(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc); T8(HexNAc)	2,665	1	4	583,30768	2330,20888	1,18

1684	VPATTIYVSEQPSAK	1699	4	CSPG2_HUMAN	Q9NPF0	S1(HexNAc); N-Term(Dimethyl:2H(4)); S4(HexNAc); S8(HexNAc); S15(HexNAc); C19(Carbamidomethyl); K23(Dimethyl:2H(4))	2,616	0	4	766,37299	3062,47011	0,11
144	TAQEPATSHPHR	155	1	SDC1_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4))	2,616	1	3	688,33923	2063,00315	0,76
19	EVPTDGNAGLAEQJAMFCGR	40	6	A4_HUMAN	Q86VL7	K1(Dimethyl:2H(4)); N-Term(Dimethyl:2H(4)); S2(HexNAc); T5(HexNAc); T6(HexNAc); T10(HexNAc); S11(HexNAc); S14(HexNAc)	2,613	1	3	1062,89453	3186,66904	-0,38
123	QRLPEPATLGF SAR	136	4	NPDC1_HUMAN	Q13530	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); T5(HexNAc); T12(HexNAc); T17(HexNAc); K23(Dimethyl:2H(4))	2,573	0	4	774,16711	3093,64663	1,19
360	DPVKLPTTAASTDAVDKYLETRGDENEAHFQK	393	3	A4_HUMAN	Q9H6E4	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); S9(HexNAc); T10(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))	2,563	1	3	823,09161	2467,26029	0,99
176	NKDPTRRPELEAGTN	190	3	EFNB2_HUMAN	Q9NPF0	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); T4(HexNAc); S15(HexNAc); C16(Carbamidomethyl); K20(Dimethyl:2H(4))	2,544	0	3	852,06256	2554,17313	0,70
469	TRLEASPPTR	479	3	DAG1_HUMAN	Q9NPF0	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); T4(HexNAc); C16(Carbamidomethyl); T19(HexNAc); K20(Dimethyl:2H(4))	2,544	0	3	854,74573	2562,22263	0,42
824	IDETGSTPGYEGEGEGDKNISR	845	1	NRP1_HUMAN	P24593	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); M10(Oxidation); K18(Dimethyl:2H(4))	2,510	0	3	793,36078	2378,06778	-0,09
536	TRLPTAASASK	546	2	PTPRG_HUMAN	Q9HDB5	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); S5(HexNAc)	2,503	0	2	799,88562	1598,76396	1,11
649	GLITRPGSLGNITKTEE	665	2	A4_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4)); S16(HexNAc)	2,479	1	3	753,34814	2258,02988	-0,38
19	EVPTDGNAGLAEQJAMFCGR	40	2	A4_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4)); S16(HexNAc)	2,479	1	3	756,03210	2266,08176	0,36
162	SSHVITDILTSTKAEHL	178	2	PODXL_HUMAN	Q86VL7	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); S8(HexNAc); K11(Dimethyl:2H(4))	2,475	1	3	574,96857	1722,89115	1,59
2058	STILPTAEVGTKAPVEKEEVK	2079	4	CSPG2_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc); T2(HexNAc); T6(HexNAc); T12(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4)); K18(Dimethyl:2H(4)); K22(Dimethyl:2H(4))	2,470	2	4	820,68243	3279,70791	-0,08
2058	STILPTAEVGTKAPVEKEEVK	2079	4	CSPG2_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc); T2(HexNAc); T6(HexNAc); T12(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4)); K18(Dimethyl:2H(4)); K22(Dimethyl:2H(4))	2,470	2	4	824,70715	3295,80678	-0,55
324	LIPGSNLDSEPR	335	4	CASC4_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc); T2(HexNAc); T6(HexNAc); T12(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4)); K18(Dimethyl:2H(4)); K22(Dimethyl:2H(4))	2,470	2	4	824,70807	3295,81045	0,56
113	ATYPRTFALPNQAEK	128	1	LRC8D_HUMAN	Q9B526	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T9(HexNAc); K31(Dimethyl:2H(4))	2,431	0	4	888,90594	3552,60195	-0,54
588	SPTNTTTPHVAEGPEASRPPK	608	5	QSOX1_HUMAN	O00391	S1(HexNAc); N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T5(HexNAc); T6(HexNAc); S17(HexNAc); K21(Dimethyl:2H(4))	2,411	0	4	811,14264	3241,54873	0,14
134	GTELAGVTTTGR	145	5	S22AN_HUMAN	O00391	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc); T3(HexNAc); T5(HexNAc); T6(HexNAc); S17(HexNAc); K21(Dimethyl:2H(4))	2,411	0	4	813,15527	3249,59926	0,23
70	SSAEAQTPEDTPNK	83	2	TGON2_HUMAN	P51693	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); S9(HexNAc); K12(Dimethyl:2H(4)); K14(Dimethyl:2H(4))	2,406	1	3	660,34204	1979,01157	1,15
110	GGSGNPTTTTIESPK	124	2	PODXL_HUMAN	O43493	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc); K9(Dimethyl:2H(4)); S11(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	2,403	1	4	510,02512	2037,07863	0,49
337	AATERPLGPPTER	349	1	NID1_HUMAN	P19021	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K4(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); K12(Dimethyl:2H(4))	2,393	0	3	564,31543	1690,93174	-0,25
428	GPMSTTVAGSQEGSK	442	2	LPHN2_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S6(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4)); S21(HexNAc)	2,390	1	4	696,08191	2781,30581	0,75

59	EFWSTYTK	66	5	TMG1_HUMAN	Q86YL7	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); T5(HexNAc); T9(HexNAc); S10(HexNAc); S13(HexNAc)	2,378	0	3	941,81793	2823,43924	-0.09
824	IDETGSPGYEGEGEDK	841	3	NRP1_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); T8(HexNAc); T9(HexNAc); K10(Dimethyl:2H(4)); K11(Dimethyl:2H(4))	2,378	1	3	654,69824	1962,08017	-0.23
169	SQATVTLPTWQPK	181	3	DNER_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); T8(HexNAc); T15(HexNAc)	2,377	0	3	767,41351	2300,22599	1.20
62	SGLTTLVATSVNSVTGIR	79	3	PDPN_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); T8(HexNAc); T15(HexNAc)	2,377	0	3	768,75470	2304,24955	0.52
298	GIQQLYGTDPGQPQPTQLPTVTPR	322	3	MMP15_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); T8(HexNAc); T15(HexNAc)	2,377	0	3	768,75488	2304,25010	0.76
169	SQATVTLPTWQPK	181	3	DNER_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); T8(HexNAc); T15(HexNAc)	2,377	0	3	768,75488	2304,25010	0.76
191	QPTSTHPVATPTSSGHDHLMK	211	7	PODXL_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); S4(HexNAc); T5(HexNAc); T10(HexNAc); T12(HexNAc); S13(HexNAc); S14(HexNAc); K21(Dimethyl)	2,370	0	4	927,42889	3706,69375	1.02
222	SALAAQQTVAEYK	235	2	GOLM_HUMAN	O00461	N-Term(Dimethyl); S1(HexNAc); T8(HexNAc); K14(Dimethyl)	2,362	0	2	956,99176	1912,97624	0.63
366	TTGPSEDAGGDSL	378	1	LRP11_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4))	2,357	1	3	688,33899	2063,00241	0.41
2453	QESSTTFVDSGSLKHPPEVPSAK	2475	5	CSPG2_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S3(HexNAc); S4(HexNAc); S9(HexNAc); S12(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4)); S21(HexNAc); K23(Dimethyl:2H(4))	2,338	1	4	893,69464	3571,75673	0.46
631	ITEEFLGK	638	2	CSPG2_HUMAN	Q9BRK5	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S2(HexNAc); S8(HexNAc); K9(Dimethyl:2H(4))	2,310	0	2	768,38379	1535,76030	-0.03
278	TTTESVEEVR	288	1	A4_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); K13(Dimethyl)	2,305	1	3	685,65558	2054,95218	0.40
649	GLTRPQGLTNIKTEE	665	1	A4_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4))	2,305	1	3	688,33917	2063,00296	0.67
	TEELQQQNTAPT		5		Q96DB9	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc); T11(HexNAc); T15(HexNAc); K17(Dimethyl:2H(4)); S18(HexNAc); T19(HexNAc); K20(Dimethyl:2H(4))	2,284	1	4	816,91608	3264,64248	1.30
110	GGSSGNPTTIESPK	124	2	PODXL_HUMAN	O00461	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K2(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); S11(HexNAc)	2,235	1	4	482,76617	1928,04287	0.29
41	TTTTSAGAEAAEQFDR	57	1	CBPD_HUMAN	O60243	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T11(HexNAc)	2,233	1	2	832,87585	1664,74443	0.49
137	AVSTAHPPTGK	147	1	COCH_HUMAN	Q13433	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc)	2,226	0	2	990,97644	1980,94560	1.11
385	ATAPNKPALSNTKTR	400	6	LRP11_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); S5(HexNAc); K8(Dimethyl); S10(HexNAc); S11(HexNAc); T14(HexNAc); K15(Dimethyl)	2,222	0	4	723,61548	2891,44008	0.19
385	ATAPNKPALSNTKTR	400	6	LRP11_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); S5(HexNAc); K8(Dimethyl:2H(4)); S10(HexNAc); S11(HexNAc); T14(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))	2,222	0	4	726,63446	2903,51601	0.40
1574	VTTTPKNGPGPTK	1586	4	FINC_HUMAN	P02751	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T3(HexNAc); T4(HexNAc); K6(Dimethyl); T12(HexNAc); K13(Dimethyl)	2,212	1	3	732,04645	2194,12479	1.05
360	DPVKLPTTAASTPD	373	7	A4_HUMAN	Q96DB9	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T3(HexNAc); T9(HexNAc); T15(HexNAc); T19(HexNAc); K21(Dimethyl:2H(4)); S22(HexNAc); T23(HexNAc); K24(Dimethyl:2H(4))	2,206	1	5	826,60815	4129,01166	0.52
287	SLTSKVPPTVQKPTTV	302	5	DAF_HUMAN	O43493	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); S6(HexNAc); S8(HexNAc); S14(HexNAc); T15(HexNAc); K16(Dimethyl:2H(4))	2,197	0	4	680,34698	2718,36611	0.21

906	VIVDATTGLPLTSPVTSAK	925	5	HEG1_HUMAN	Q13530	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); T5(HexNAc); T12(HexNAc); T17(HexNAc); T19(HexNAc); K23(Dimethyl:2H(4))	2,185	0	4	824,93677	3296,72524	0,89
649	GLTTRPGSLTNIKTEEISEVK	670	1	A4_HUMAN	Q9Y625	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T11(HexNAc)	2,180	0	4	629,06989	2513,25771	0,30
572	TFIPVTSAK	580	2	CD44_HUMAN	O75056	N-Term(Dimethyl); T7(HexNAc); T8(HexNAc)	2,178	0	3	742,38135	2225,12949	-0,08
190	GSPSDVVTPIVTOHSK	205	2	K319L_HUMAN	Q81Z40	N-Term(Dimethyl); T8(HexNAc); S15(HexNAc); K16(Dimethyl)	2,177	0	3	705,36737	2114,08756	0,55
2588	VSTCATVEFR	2597	2	LRP1B_HUMAN	Q81Z40	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T8(HexNAc); S15(HexNAc); K16(Dimethyl:2H(4))	2,177	0	3	708,05068	2122,13748	0,42
113	ATYPRTFALPNQEAQ	128	1	LRC8D_HUMAN	Q9BRK5	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S2(HexNAc); K9(Dimethyl:2H(4))	2,177	0	2	666,84430	1332,68132	0,27
478	FTASSSSGMVVK	489	2	NRX3B_HUMAN	P52799	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K2(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc); T14(HexNAc)	2,174	2	4	596,06812	2381,25063	-0,06
1565	ATEVTFGEEVEK	1576	1	CSPG2_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); K12(Dimethyl)	2,156	0	2	799,39581	1597,78435	-0,03
140	SGAEQTFEDSPNR	153	1	TGON2_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); K12(Dimethyl:2H(4))	2,156	0	2	803,42194	1605,83660	1,24
303	LGLEDVGTTPFSYK	316	2	NID1_HUMAN	Q9NU53	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); T5(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	2,152	1	4	698,87842	2792,49184	0,51
511	SCVPLNTNLSNENIHYK	529	4	CAMP2_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T2(HexNAc); T8(HexNAc); T9(HexNAc); K10(Dimethyl:2H(4))	2,129	0	3	669,00824	2005,01017	0,77
166	QVTEVSQSDSITV	177	1	CUTA_HUMAN	Q13433	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T11(HexNAc)	2,124	0	2	790,38000	1579,75273	0,24
267	ATVLSQVPK	275	8	GPR64_HUMAN	P13473	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K2(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T5(HexNAc); T9(HexNAc); T12(HexNAc); T13(HexNAc); T18(HexNAc); T19(HexNAc); T20(HexNAc); K24(Dimethyl:2H(4))	2,120	1	4	1050,53357	4199,11245	-0,11
927	RVPGASEYVVK	937	1	CDON_HUMAN	Q9HDB5	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); M9(Oxidation); K12(Dimethyl:2H(4))	2,118	0	2	741,38647	1481,76567	0,85
355	SAPENFNTR	363	1	GPC6_HUMAN	Q9NX62	N-Term(Dimethyl:2H(4)); M1(Oxidation); T2(HexNAc)	2,113	0	2	665,82709	1330,64690	0,87
100	SSPWQPPPLQQR	112	1	CHSS3_HUMAN	Q9BRK5	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S2(HexNAc); K9(Dimethyl:2H(4))	2,105	0	2	666,84503	1332,68279	1,36
338	VYGNTDGPPGPPVVK	353	6	SUSD5_HUMAN	Q9ULL3	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); K6(Dimethyl:2H(4)); S9(HexNAc); S12(HexNAc); T15(HexNAc); S17(HexNAc); T18(HexNAc); K19(Dimethyl:2H(4))	2,095	1	4	830,19067	3317,74087	1,40
368	LSQETEALGR	377	1	NUCB1_HUMAN	O95158	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S2(HexNAc)	2,088	0	2	541,78510	1082,56291	0,24
649	GLTTRPGSLTNIKTEEISEVK	670	4	A4_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl); T15(HexNAc); K22(Dimethyl)	2,071	1	4	807,42175	3226,66518	-0,78
649	GLTTRPGSLTNIKTEEISEVK	670	4	A4_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl); T15(HexNAc); K22(Dimethyl)	2,071	1	4	807,42291	3226,66982	0,66
342	YSEFTGSK	350	4	CAB45_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4)); T15(HexNAc); K22(Dimethyl:2H(4))	2,071	1	4	810,44135	3238,74355	0,17
649	GLTTRPGSLTNIKTEEISEVK	670	4	A4_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4)); T15(HexNAc); K22(Dimethyl:2H(4))	2,071	1	4	810,44159	3238,74453	0,47
359	EFHHPDPTDTAPGEQAQDVASSPPESSFKQ	389	4	ERP44_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4)); T15(HexNAc); K22(Dimethyl:2H(4))	2,071	1	4	810,44128	3238,74331	0,09
273	EKPTRVQEVSR	284	2	GOLM_HUMAN	O00461	N-Term(Dimethyl); K2(Dimethyl); T4(HexNAc); S11(HexNAc)	2,062	1	4	480,75360	1919,99257	0,25
126	SHPELQTPKQDSTGK	139	2	TGON2_HUMAN	O00461	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K2(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); S11(HexNAc)	2,062	1	4	482,76636	1928,04360	0,67

1288	APHSHTSQPVAK	1300	2	AGRIN_HUMAN	P14314	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); S12(HexNAc); K20(Dimethyl:2H(4))	2,055	0	3	840,44110	2519,30875	-0,62
342	YSEFFTGSK	350	4	CAB45_HUMAN	Q9NU53	K1(Dimethyl:2H(4)); N-Term(Dimethyl:2H(4)); S6(HexNAc); T9(HexNAc); T10(HexNAc); S11(HexNAc)	2,045	1	3	906,14258	2716,41318	0,65
342	YSEFFTGSK	350	3	CAB45_HUMAN	Q9BRK5	N-Term(Dimethyl); S2(HexNAc); T6(HexNAc); S8(HexNAc); K9(Dimethyl)	2,039	0	2	865,89819	1730,78911	-0,23
205	DFSLTSSSQTPGATK	219	3	PDXL2_HUMAN	Q9BRK5	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S2(HexNAc); T6(HexNAc); S8(HexNAc); K9(Dimethyl:2H(4))	2,039	0	2	869,92352	1738,83977	0,03
342	YSEFFTGSK	350	2	CAB45_HUMAN	O75056	N-Term(Dimethyl); T7(HexNAc); T8(HexNAc)	2,036	0	3	742,38177	2225,13077	0,49
374	GAIQIPTLGPQPTR	389	2	DAG1_HUMAN	P07602	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc); T9(HexNAc); K12(Dimethyl:2H(4))	2,033	0	3	592,01984	1774,04496	0,05
286	IAPTVMK	292	2	QSOX1_HUMAN	P28300	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S8(HexNAc); S10(HexNAc)	2,023	0	2	889,42078	1777,83428	0,72
1301	TTAAPTRRPPTTAPSR	1317	1	AGRIN_HUMAN	Q96J84	N-Term(Dimethyl:2H(4)); C5(Carbamidomethyl); T8(HexNAc)	2,019	0	3	725,37610	2174,11374	1,69
829	STPGYEGEGEGDKNISR	845	5	NRP1_HUMAN	Q96DB9	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T8(HexNAc); T12(HexNAc); K14(Dimethyl); S15(HexNAc); T16(HexNAc); K17(Dimethyl)	2,015	1	4	721,35010	2882,37856	0,31
78	LEGTDGPLVDPETHKSTK	96	5	FXYS_HUMAN	Q96DB9	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); T8(HexNAc); T12(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4)); S15(HexNAc); T16(HexNAc); K17(Dimethyl:2H(4))	2,015	1	4	724,36951	2894,45620	1,11
62	APVPTGEVYFADSFDR	77	1	CALX_HUMAN	P51654	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc); K12(Dimethyl:2H(4)); K13(Dimethyl:2H(4))	2,015	1	2	944,52136	1888,03545	-1,35
906	VIVDATTGLPLTSPVTSK	925	3	HEG1_HUMAN	Q9NU53	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T8(HexNAc); T9(HexNAc); S10(HexNAc)	2,012	0	3	785,06464	2353,17936	-0,56
169	SQATVTLPTWQPK	181	2	DNER_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl); T8(HexNAc); T15(HexNAc)	2,004	0	3	699,71979	2097,14481	0,45
480	IRTTTSGVPR	489	2	DAG1_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T8(HexNAc); T15(HexNAc)	2,004	0	3	701,06116	2101,16892	-0,02
273	EKPTREVQVSR	284	2	GOLI4_HUMAN	O00461	N-Term(Dimethyl); K2(Dimethyl); T4(HexNAc); S11(HexNAc)	1,990	1	4	480,75348	1919,99209	-0,01
118	EHEEPTSEMAEETYSK	135	2	IBP5_HUMAN	O00461	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K2(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); S11(HexNAc)	1,990	1	4	482,76608	1928,04250	0,10
468	YQSTLPWR	475	5	SUSD5_HUMAN	Q86YL7	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); T5(HexNAc); T9(HexNAc); S10(HexNAc); S13(HexNAc)	1,986	0	3	941,81830	2823,44034	0,30
358	AGDPVSSSDSWLD	372	1	SUSD5_HUMAN	Q06481	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T8(HexNAc)	1,984	0	3	739,99585	2217,97300	0,40
176	NKDPTRRPELAGTNGR	192	6	EFNB2_HUMAN	O00468	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T2(HexNAc); T6(HexNAc); T7(HexNAc); T12(HexNAc); T13(HexNAc)	1,976	1	4	758,87756	3032,48842	-1,97
931	LGVTAEYSPASR	942	2	HEG1_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); T7(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	1,966	1	3	927,77344	2781,30576	0,73
56	ITQDLAPQQR	66	5	TR10B_HUMAN	P13611	K1(Dimethyl:2H(4)); N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); T3(HexNAc); S6(HexNAc); T9(HexNAc); T10(HexNAc); K11(Dimethyl:2H(4)); K12(Dimethyl:2H(4))	1,964	2	4	632,85431	2528,39541	1,84
931	LGVTAEYSPASR	942	3	HEG1_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); T7(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4)); S21(HexNAc)	1,962	1	3	995,46625	2984,38419	0,37
480	IRTTTSGVPR	489	1	DAG1_HUMAN	Q08629	N-Term(Dimethyl); K3(Dimethyl); T5(HexNAc)	1,959	0	3	539,96515	1617,88089	0,13
176	NKDPTRRPELAGTNGR	192	1	EFNB2_HUMAN	Q08629	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K3(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc)	1,959	0	3	542,64911	1625,93277	1,15
245	TDYAENANKLEESAR	259	1	TEFF2_HUMAN	Q9UIK5	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); K9(Dimethyl)	1,953	1	3	657,31677	1969,93576	0,40
1565	ATEVTFGEEVEK	1576	1	CSPG2_HUMAN	Q9UIK5	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); K9(Dimethyl:2H(4))	1,953	1	3	660,00092	1977,98819	1,52
210	GAVIEPQGTPLPSR	224	2	MA1B1_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S6(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4)); S21(HexNAc)	1,952	1	3	927,77326	2781,30523	0,54

364	LPTTAASTPAVD	376	2	A4_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); K13(Dimethyl); S16(HexNAc)	1,947	1	3	753,34833	2258,03043	-0,14
1006	LASNHLTCEGDPT	1018	2	LRP2_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4)); S16(HexNAc)	1,947	1	3	756,03137	2266,07956	-0,61
342	YSEFFTGSK	350	1	CAB45_HUMAN	Q9BRK5	N-Term(Dimethyl); S2(HexNAc); K9(Dimethyl)	1,943	0	2	662,81976	1324,63225	1,13
328	TMHVATVFDGGPR	341	1	HEG1_HUMAN	Q9BRK5	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S2(HexNAc); K9(Dimethyl:2H(4))	1,943	0	2	666,84467	1332,68205	0,81
726	RVPSEAPTEVPDRDP	741	5	DAG1_HUMAN	Q96DB9	N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc); T11(HexNAc); T15(HexNAc); K17(Dimethyl); S18(HexNAc); T19(HexNAc); K20(Dimethyl)	1,937	1	4	813,89606	3252,56240	-0,16
360	DPVKLPTTAASPD	373	5	A4_HUMAN	Q96DB9	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc); T11(HexNAc); T15(HexNAc); K17(Dimethyl:2H(4)); S18(HexNAc); T19(HexNAc); K20(Dimethyl:2H(4))	1,937	1	4	816,91614	3264,64272	1,37
176	NKDPTRRPELAGTNGR	192	1	EFNB2_HUMAN	Q13286	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T13(HexNAc)	1,933	0	4	627,55774	2507,20913	1,26
324	VTAGISFAIPSDR	336	5	HTRA3_HUMAN	Q9ULI3	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); T7(HexNAc); T13(HexNAc); S14(HexNAc); S18(HexNAc); K20(Dimethyl:2H(4))	1,932	0	4	766,41699	3062,64614	-0,28
127	AGSIEDTSQAQELPNLPSLPK	148	6	PDXL2_HUMAN	Q9ULI3	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); T7(HexNAc); T13(HexNAc); S14(HexNAc); T17(HexNAc); S18(HexNAc); K20(Dimethyl)	1,932	0	4	815,17480	3257,67739	0,37
140	LVDLNLAGEPTGAPVAVQR	159	6	FZD3_HUMAN	Q9ULI3	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); T7(HexNAc); T13(HexNAc); S14(HexNAc); T17(HexNAc); S18(HexNAc); K20(Dimethyl:2H(4))	1,932	0	4	817,18866	3265,73281	1,97
1006	LASNHLTCEGDPTN	1019	1	LRP2_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); K13(Dimethyl)	1,931	1	3	685,65576	2054,95273	0,67
654	TQDVLPTSQGVQVHK	667	1	ROBO1_HUMAN	Q9Y6N7	N-Term(Dimethyl); T7(HexNAc); K14(Dimethyl)	1,929	0	3	595,30719	1783,90702	-0,16
654	TQDVLPTSQGVQVHK	667	1	ROBO1_HUMAN	Q9Y6N7	N-Term(Dimethyl); T7(HexNAc); K14(Dimethyl)	1,929	0	3	595,30725	1783,90720	-0,05
654	TQDVLPTSQGVQVHK	667	1	ROBO1_HUMAN	Q9Y6N7	N-Term(Dimethyl); T7(HexNAc); K14(Dimethyl)	1,929	0	3	595,30676	1783,90573	-0,87
164	VGQDPNAVTEQLTTSRPSK	183	1	EFNB1_HUMAN	Q9Y6N7	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,929	0	3	597,99097	1791,95835	0,47
32	GAPNKEETPATESPDTGLYHR	53	1	NUCB1_HUMAN	Q9Y6N7	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,929	0	3	597,99072	1791,95761	0,06
62	VTEGPIPEVLK	72	2	CATD_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); T12(HexNAc); K14(Dimethyl)	1,925	0	3	680,99371	2040,96659	0,84
126	LQYCDETVPVTFDPHTE	142	2	FZD6_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T12(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,925	0	3	683,67676	2049,01572	0,31
648	VVPKPVVAPTLS	659	3	SEM4D_HUMAN	O00468	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T2(HexNAc); T8(HexNAc)	1,922	0	2	779,40826	1557,80925	0,54
403	FQSPYEEQLQQR	415	4	GOL14_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc); T2(HexNAc); T6(HexNAc); T12(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4)); K18(Dimethyl:2H(4)); K22(Dimethyl:2H(4))	1,919	2	4	824,70746	3295,80800	-0,18
634	LYGSAGPPPTGEEDTAEKDEL	654	1	GRP78_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); K8(Dimethyl:2H(4))	1,919	0	2	602,35168	1203,69609	0,15
824	IDETGTPGYEGEGEGDKNISR	845	2	NRP1_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl); S6(HexNAc); K18(Dimethyl); S21(HexNAc)	1,912	1	3	925,08972	2773,25461	0,40
42	VDGTSHTGK	51	2	PAR2_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S6(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4)); S21(HexNAc)	1,912	1	3	927,77332	2781,30539	0,60
314	SSEPTEDVEPK	324	1	TGON2_HUMAN	O43493	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S2(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,909	0	2	871,43311	1741,85893	0,62
651	TTRPGSLNLIKTEISEVK	670	2	A4_HUMAN	Q9UJ9	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); T16(HexNAc)	1,894	0	4	629,06628	2513,24331	0,65
282	SEALPTDLPAPSADLTEPK	301	1	GLU2B_HUMAN	P14314	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); K20(Dimethyl)	1,894	0	3	770,06604	2308,18357	1,23
282	SEALPTDLPAPSADLTEPK	301	1	GLU2B_HUMAN	P14314	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); K20(Dimethyl:2H(4))	1,894	0	3	772,74939	2316,23362	1,16
56	SIGDVITTAPEVTPESR	72	3	SL9A1_HUMAN	Q86YL7	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); S7(HexNAc); S9(HexNAc)	1,893	0	3	766,36206	2297,07163	0,50
773	SILPNSLGVSER	784	1	GNPTA_HUMAN	O14668	N-Term(Dimethyl); T7(HexNAc);	1,888	0	2	660,82257	1320,63786	1,54

						K8(Dimethyl)								
833	EKPSSLVPLESQMTK	848	1	GNPTA_HUMAN	O14668	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc); K8(Dimethyl:2H(4))	1,888	0	2	664,84668	1328,68608	0,03		
824	IDETGTPGYEGEGDKNISR	845	1	NRP1_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl); T7(HexNAc); K18(Dimethyl)	1,878	1	3	857,39709	2570,17673	1,01		
403	FQSPYEEQLEQQR	415	1	GOLI4_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	1,878	1	3	860,08032	2578,22641	0,80		
660	SVPVTSAPFTAK	671	5	NLGN1_HUMAN	O95490	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); K3(Dimethyl:2H(4)); S9(HexNAc); T10(HexNAc); T11(HexNAc); K12(Dimethyl:2H(4)); T17(HexNAc)	1,876	1	3	977,53857	2930,60117	0,89		
205	DFSLTSSSQTPGATK	219	2	PDXL2_HUMAN	Q9BRK5	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S2(HexNAc); S8(HexNAc); K9(Dimethyl:2H(4))	1,874	0	2	768,38422	1535,76116	0,53		
368	LSQTEALGR	377	2	NUCB1_HUMAN	Q9Y625	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc); T8(HexNAc)	1,870	0	2	737,35474	1473,70220	1,09		
2058	STILPTAEVGTAKPVEKEEVK	2079	4	CSPG2_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl); S1(HexNAc); T2(HexNAc); T6(HexNAc); T12(HexNAc); K13(Dimethyl); K18(Dimethyl); K22(Dimethyl)	1,870	2	4	820,68225	3279,70717	-0,30		
342	YSEFFTGSK	350	4	CAB45_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc); T2(HexNAc); T6(HexNAc); T12(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4)); K18(Dimethyl:2H(4)); K22(Dimethyl:2H(4))	1,870	2	4	824,70898	3295,81411	1,67		
179	TTMGPPVTLVSTSLR	194	2	CD320_HUMAN	O75976	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S3(HexNAc); S6(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))	1,869	0	2	1038,56494	2076,12261	1,32		
480	IRTTTSGVPR	489	1	DAG1_HUMAN	P83110	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc)	1,861	0	2	784,92724	1568,84720	0,20		
214	AGQDVLHLPTDGVLDGR	232	1	LRP11_HUMAN	P14314	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); K20(Dimethyl)	1,856	0	3	770,06482	2308,17990	-0,36		
62	APVPTGEVYFADFDR	77	1	CALX_HUMAN	P14314	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); K20(Dimethyl:2H(4))	1,856	0	3	772,74921	2316,23307	0,92		
649	GLTTRPGSLTNKIEEISEVK	670	4	A4_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl); T15(HexNAc); K22(Dimethyl)	1,855	1	4	807,42261	3226,66860	0,28		
110	GGSGNPTTITIEPK	124	1	PODXL_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc)	1,852	0	2	624,28809	1247,56890	0,04		
205	DFSLTSSSQTPGATK	219	2	PDXL2_HUMAN	Q9BRK5	N-Term(Dimethyl); S2(HexNAc); S8(HexNAc); K9(Dimethyl)	1,849	0	2	764,35925	1527,71123	0,72		
342	YSEFFTGSK	350	2	CAB45_HUMAN	Q9BRK5	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S2(HexNAc); S8(HexNAc); K9(Dimethyl:2H(4))	1,849	0	2	768,38403	1535,76079	0,29		
824	IDETGTPGYEGEGGDK	841	2	NRP1_HUMAN	O00461	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K2(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); S11(HexNAc)	1,845	1	4	482,76575	1928,04116	-0,60		
366	TTGPSEADGDSLVEK	381	2	LRP11_HUMAN	O00461	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K2(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); S11(HexNAc)	1,845	1	4	482,76627	1928,04323	0,48		
824	IDETGTPGYEGEGGDKN	842	1	NRP1_HUMAN	Q58D62	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T12(HexNAc)	1,841	0	2	854,91022	1708,81316	-2,49		
824	IDETGTPGYEGEGGDK	841	1	NRP1_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl); T7(HexNAc); K18(Dimethyl)	1,837	0	3	700,64313	2099,91483	0,40		
824	IDETGTPGYEGEGGDKNISR	845	1	NRP1_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	1,837	0	3	703,32666	2107,96543	0,58		
553	ITTIIVLDRESPNVK	567	2	CADH2_HUMAN	P14543	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T2(HexNAc); K7(Dimethyl:2H(4))	1,836	0	2	657,35193	1313,69658	0,24		
191	QPTSTHPVATPTSSGHDHLMK	211	3	PODXL_HUMAN	O00468	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S5(HexNAc); T7(HexNAc); S8(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4))	1,832	0	4	508,26862	2030,05263	-0,11		
77	QLEGTGDLVTPDPTHKSTK	96	3	FXD5_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T2(HexNAc); T8(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4))	1,831	0	3	640,02112	1918,04880	1,09		
662	KTEEISEVK	670	5	A4_HUMAN	Q96DB9	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc); T8(HexNAc); T9(HexNAc); T10(HexNAc); S12(HexNAc)	1,824	0	3	854,72632	2562,16440	1,14		
513	VITTEAPAVDPDRR	525	5	GPC6_HUMAN	Q96DB9	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc); T8(HexNAc); T9(HexNAc); T10(HexNAc); S12(HexNAc)	1,824	0	3	854,72528	2562,16129	-0,07		

1301	TTAAPTTRRPTTAPSR	1317	1	AGRIN_HUMAN	P98164	N-Term(Dimethyl:2H(4)); C2(Carbamidomethyl); T6(HexNAc); C7(Carbamidomethyl); K13(Dimethyl:2H(4))	1,817	1	3	618,62561	1853,86228	0,78
824	IDETGSPGYEEGEGDKNISR	845	1	NRP1_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl); T7(HexNAc); K18(Dimethyl)	1,814	1	3	857,39679	2570,17582	0,65
647	TTELAKTTQAPHR	659	1	TARSH_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	1,814	1	3	860,08002	2578,22550	0,45
726	RVPSEAPPEVPDRD	740	1	DAG1_HUMAN	P98164	N-Term(Dimethyl:2H(4)); C8(Carbamidomethyl); T13(HexNAc)	1,809	0	2	825,38635	1649,76543	1,74
272	EAAQTTVAPTTANK	285	4	QSOX1_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); K4(Dimethyl); T7(HexNAc); T8(HexNAc); S11(HexNAc); T12(HexNAc)	1,807	1	3	761,04114	2281,10886	0,85
403	FQSPYEEQLEQQR	415	1	GOL14_HUMAN	O00461	N-Term(Dimethyl); S3(HexNAc)	1,793	0	3	638,30255	1912,89310	0,38
211	NVETTVDEVDLPK	224	1	GINM1_HUMAN	O00461	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S3(HexNAc)	1,793	0	3	639,64417	1916,91794	0,25
101	LAGTESPVPREEGEDFPAAR	120	1	TFR1_HUMAN	O00461	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S3(HexNAc)	1,793	0	3	639,64410	1916,91776	0,15
110	GGSGNPTTIESPKSTK	127	2	PODXL_HUMAN	Q8TEYS	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T8(HexNAc)	1,792	0	3	686,34094	2057,00827	0,57
280	YRSEALPTDLPAPSAPDLTEPK	301	2	GLU2B_HUMAN	Q5S2K8	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc); S4(HexNAc)	1,786	0	3	686,00598	2056,00339	0,70
282	SEALPTDLPAPSAPDLTEPK	301	2	GLU2B_HUMAN	P14543	N-Term(Dimethyl); T8(HexNAc); T9(HexNAc); K14(Dimethyl)	1,786	0	3	663,67004	1988,99558	0,24
359	SAYPEDLFDK	371	2	GPC3_HUMAN	P14543	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T8(HexNAc); T9(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,786	0	3	666,35327	1997,04526	-0,03
126	SHPLEQTPKSTGK	139	3	TGON2_HUMAN	O43493	N-Term(Dimethyl); S1(HexNAc); T7(HexNAc); K9(Dimethyl); S11(HexNAc); K14(Dimethyl)	1,782	1	4	555,27960	2218,09658	-0,34
93	AGSGSQVPTPEK	104	3	SDC4_HUMAN	O43493	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc); T7(HexNAc); K9(Dimethyl:2H(4)); S11(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,782	1	4	558,29828	2230,17129	-0,62
471	LETASPPTR	479	3	DAG1_HUMAN	O43493	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc); T7(HexNAc); K9(Dimethyl:2H(4)); S11(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,782	1	4	558,29803	2230,17031	-1,05
2526	EPEDSTLKPNR	2536	3	CSPG2_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S4(HexNAc); T5(HexNAc); S8(HexNAc)	1,781	0	3	758,36993	2273,09525	1,01
205	DFSLTSSQTPGATK	219	1	PDXL2_HUMAN	Q9NZR2	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); C4(Carbamidomethyl)	1,774	0	2	702,85272	1404,69817	0,29
330	TPSPVAHESNWA	343	2	PODXL_HUMAN	P14543	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T11(HexNAc)	1,759	0	3	611,65674	1832,95566	0,97
175	AEHLTTPHPTSPLSR	190	2	PODXL_HUMAN	P14543	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T11(HexNAc)	1,759	0	3	611,65631	1832,95438	0,27
62	SGLTTLVAT	70	1	PDPN_HUMAN	Q9Y625	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T8(HexNAc)	1,757	0	3	705,01709	2113,03672	0,98
403	FQSPYEEQLEQQR	415	1	GOL14_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	1,756	1	3	860,08026	2578,22623	0,73
180	DSVSASEVTVYNTVS	196	1	S39A6_HUMAN	Q9N564	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc)	1,753	0	3	629,29260	1885,86325	1,69
338	VIVGNIDGSPGPPVVK	353	8	SUSD5_HUMAN	Q9H8J5	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); T10(HexNAc); T11(HexNAc); T15(HexNAc); T16(HexNAc); T17(HexNAc); T22(HexNAc); S24(HexNAc); K25(Dimethyl:2H(4))	1,752	0	4	1050,51367	4199,03286	1,01
35	DYSQPTAAATVQDIK	49	3	LAMP3_HUMAN	Q9UQV4	N-Term(Dimethyl); S3(HexNAc); T6(HexNAc); T10(HexNAc); K15(Dimethyl)	1,750	0	3	758,36987	2273,09507	1,38
403	FQSPYEEQLEQQR	415	3	GOL14_HUMAN	Q9UQV4	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S3(HexNAc); T6(HexNAc); T10(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))	1,750	0	3	761,05304	2281,14457	1,07
184	IDRTEFIPSTDPFK	198	1	CC134_HUMAN	Q9BS26	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T9(HexNAc); K31(Dimethyl:2H(4))	1,740	0	4	890,91998	3560,65810	1,12
442	YSSDFQAPS DYR	454	1	LG3BP_HUMAN	Q9BS26	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T9(HexNAc); K31(Dimethyl:2H(4))	1,740	0	4	890,91876	3560,65322	-0,25
364	LPPTAASPDAVDK	377	4	A4_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); S7(HexNAc); T8(HexNAc); K14(Dimethyl)	1,740	0	3	752,36890	2255,09214	0,39
292	LYSQDSQSPAAQGET	306	4	LYSM3_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); S7(HexNAc); T8(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,740	0	3	755,05231	2263,14237	0,39

368	LSQTEALGR	377	3	NUCB1_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T8(HexNAc); T9(HexNAc); T10(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))	1,734	0	2	1038,51978	2076,03227	0,20
156	DMQPQHHTSTPAGSQADLHPHTDEGGPSATER	190	6	SDCL1_HUMAN	P18827	N-Term(Dimethyl:2H(4)); M2(Oxidation); T9(HexNAc); S10(HexNAc); T11(HexNAc); S16(HexNAc); T22(HexNAc); S31(HexNAc)	1,734	0	6	820,02643	4915,12219	-1,21
182	DSDLIFT	188	3	GINM1_HUMAN	Q13433	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T9(HexNAc); T11(HexNAc); S17(HexNAc)	1,728	0	3	796,37238	2387,10257	0,17
77	ILLTSAAPKVETTLNIQNK	96	1	SDC2_HUMAN	O00461	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S3(HexNAc)	1,724	0	2	958,96362	1916,91997	1,30
1676	IITSEFFVEPATTIYVSEQPSAK	1699	1	CSPG2_HUMAN	Q86V24	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T11(HexNAc)	1,724	0	3	732,73224	2196,18216	0,55
462	VTKVSIIR	470	5	DAG1_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); S4(HexNAc); T5(HexNAc); S13(HexNAc); S14(HexNAc); M20(Oxidation); K21(Dimethyl:2H(4))	1,723	0	5	665,72156	3324,57868	0,70
110	GGSGNPTTIESPK	124	1	PODXL_HUMAN	O43493	N-Term(Dimethyl); S1(HexNAc); K14(Dimethyl)	1,723	0	3	578,60760	1733,80826	0,36
462	VTKVSIIR	470	1	DAG1_HUMAN	O43493	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,723	0	3	581,29095	1741,85831	0,26
126	SHPELQTPK	134	2	TGON2_HUMAN	O43493	N-Term(Dimethyl); S1(HexNAc); T7(HexNAc); K9(Dimethyl)	1,722	0	3	500,25940	1498,76364	0,05
110	GGSGNPTTIESPK	124	4	PODXL_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl); S4(HexNAc); T8(HexNAc); T9(HexNAc); S13(HexNAc); K15(Dimethyl)	1,720	0	3	757,69244	2271,06278	0,77
80	GTDGPIVDPETHKSTK	96	2	FXYS_HUMAN	Q06481	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); K6(Dimethyl); T9(HexNAc); K13(Dimethyl)	1,719	1	4	488,49557	1950,96047	1,43
648	VVPKVWAPLTSVQTEGSR	667	1	SEM4D_HUMAN	O00461	N-Term(Dimethyl); S3(HexNAc)	1,718	0	3	638,30273	1912,89365	0,67
648	VVPKVWAPLTSVQTEGSR	667	1	SEM4D_HUMAN	O00461	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S3(HexNAc)	1,718	0	3	639,64435	1916,91849	0,53
211	NVETVDEVDLPGK	224	1	GINM1_HUMAN	O00461	N-Term(Dimethyl); S3(HexNAc)	1,716	0	3	638,30273	1912,89365	0,67
454	IPVAFPTTAASSVEPEDCDSYCK	477	1	NET1_HUMAN	O00461	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S3(HexNAc)	1,716	0	3	639,64465	1916,91941	1,01
26	TTGAPEPPLSGAPQDGR	44	5	GINM1_HUMAN	Q86V17	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc); T9(HexNAc); S10(HexNAc)	1,712	0	3	737,36713	2210,08683	0,96
1565	ATEVTFGEEVEK	1576	1	CSPG2_HUMAN	O00461	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S3(HexNAc)	1,710	0	2	958,96301	1916,91875	0,67
29	CCTQASVVTDDFAEGGPDER	49	1	RPRM_HUMAN	O00461	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S3(HexNAc)	1,710	0	2	958,96235	1916,91742	-0,03
824	IDETGTPGVEGEGGDK	841	1	NRP1_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl); T7(HexNAc); K18(Dimethyl)	1,709	0	2	1050,46008	2099,91289	-0,52
126	SHPELQTPK	134	2	TGON2_HUMAN	O43493	N-Term(Dimethyl); S1(HexNAc); T7(HexNAc); K9(Dimethyl)	1,706	0	3	500,25922	1498,76310	-0,31
1940	EYSTVSHPIAK	1950	2	CSPG2_HUMAN	O43493	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc); T7(HexNAc); K9(Dimethyl:2H(4))	1,706	0	3	502,94308	1506,81470	0,61
403	FQSPYEELEQQR	415	1	GOLI4_HUMAN	O00461	N-Term(Dimethyl); S3(HexNAc)	1,705	0	3	638,30255	1912,89310	0,38
63	GQGQETSGPRR	73	1	B4GT7_HUMAN	O00461	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S3(HexNAc)	1,705	0	3	639,64453	1916,91904	0,82
70	SSAEAQTPEDTPNK	83	2	TGON2_HUMAN	O43493	N-Term(Dimethyl); S1(HexNAc); S2(HexNAc); K14(Dimethyl)	1,702	0	3	646,30072	1936,88761	0,30
70	SSAEAQTPEDTPNK	83	2	TGON2_HUMAN	O43493	N-Term(Dimethyl); S2(HexNAc); T7(HexNAc); K14(Dimethyl)	1,702	0	3	646,30115	1936,88889	0,97
245	TOYAENANK	253	2	TEFF2_HUMAN	O43493	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc); S2(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,702	0	3	648,98468	1944,93949	1,16
108	TCSQDEFR	115	2	LDLR_HUMAN	O43493	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S2(HexNAc); T7(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,702	0	3	648,98450	1944,93894	0,88
824	IDETGTPGVEGEGGKNISR	845	2	NRP1_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); T7(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	1,691	0	3	771,01996	2311,04532	0,76
303	LGLEDVGTTPFSYK	316	2	NID1_HUMAN	P14543	N-Term(Dimethyl); T8(HexNAc); T9(HexNAc); K14(Dimethyl)	1,688	0	2	995,00262	1988,99797	1,44
282	SEALPTDLPASAPDLTEPK	301	2	GLU2B_HUMAN	P14543	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T8(HexNAc); T9(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,688	0	2	999,02765	1997,04802	1,35
32	GAPNKEETPATESPDTGLYHR	53	1	NUCB1_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl); T7(HexNAc); K18(Dimethyl)	1,687	1	3	857,39703	2570,17655	0,94
931	LQVTAEYSPASR	942	1	HEG1_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	1,687	1	3	860,08051	2578,22696	1,01
62	APVPTGEVYAFDSFR	77	1	CALX_HUMAN	Q86V24	N-Term(Dimethyl); T11(HexNAc)	1,685	0	3	731,39050	2192,15696	0,51

110	GGGSGNPPTTIESPKSTK	127	5	PODXL_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl); T8(HexNAc); T9(HexNAc); T10(HexNAc); K15(Dimethyl); S16(HexNAc); T17(HexNAc); K18(Dimethyl)	1,684	1	4	705,34204	2818,34633	-0,01
273	EKPTRVQEVSR	284	5	GOL14_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T8(HexNAc); T9(HexNAc); T10(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4)); S16(HexNAc); T17(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	1,684	1	4	708,36053	2830,42031	-0,49
212	ISSSSVVAIPGY	224	3	PODXL_HUMAN	P19022	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T3(HexNAc); S11(HexNAc); K15(Dimethyl)	1,684	1	3	774,41730	2321,23734	1,67
214	TVVDEVLPGKLPETPLR	231	3	GINM1_HUMAN	P19022	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); T3(HexNAc); S11(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))	1,684	1	3	777,10004	2329,28556	0,81
829	STPGYEGEGEDKNISR	845	1	NRP1_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K1(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); K9(Dimethyl:2H(4))	1,682	1	2	681,41205	1361,81682	0,33
2816	NCPDRTCSGYTK	2828	2	LRP2_HUMAN	O00468	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc); S8(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4))	1,681	0	4	457,49878	1826,97329	-0,11
191	QPTSTHPVATPTSSGDHLMK	211	7	PODXL_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); S4(HexNAc); T5(HexNAc); T10(HexNAc); T12(HexNAc); S13(HexNAc); S14(HexNAc); K21(Dimethyl)	1,680	0	5	742,14441	3706,69294	0,80
511	GVTTDSPVSEER	522	1	LTBP3_HUMAN	O43493	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,677	0	3	581,29112	1741,85880	0,54
62	APVPTGEVYFADFDR	77	1	CALX_HUMAN	Q86V24	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc)	1,675	0	3	731,38995	2192,15531	-0,24
480	IRTTTSGVPR	489	1	DAG1_HUMAN	Q86V24	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T11(HexNAc)	1,675	0	3	732,73230	2196,18235	0,64
86	VETTLLIQNK	96	3	SOC2_HUMAN	P34741	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); S8(HexNAc); T5(HexNAc); K11(Dimethyl)	1,672	0	3	642,66547	1925,98185	0,87
36	KAEATTTTISAGAEAEQDFDR	57	3	CBPD_HUMAN	P34741	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc); K11(Dimethyl:2H(4))	1,672	0	3	645,34827	1934,03025	-0,07
829	STPGYEGEGEDK	841	2	NRP1_HUMAN	Q06481	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); M3(Oxidation); K6(Dimethyl:2H(4)); T9(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4))	1,671	1	4	495,51236	1979,02761	-0,16
649	GLTTRPGSLTNIKTEISEVK	670	1	A4_HUMAN	Q8IYS2	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T10(HexNAc); K16(Dimethyl:2H(4))	1,671	0	2	873,01929	1745,03130	0,99
292	LYSQDSQPAAQET	306	2	LYSM3_HUMAN	P14543	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T11(HexNAc)	1,668	0	3	611,65649	1832,95493	0,57
633	TAEGHQITPGHEQDHTAVPTDQTGGR	659	2	PTPRG_HUMAN	P14543	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T11(HexNAc)	1,668	0	3	611,65649	1832,95493	0,57
110	GGGSGNPPTTIESPKSTK	127	2	PODXL_HUMAN	O00461	N-Term(Dimethyl); K2(Dimethyl); T4(HexNAc); S11(HexNAc)	1,667	1	4	480,75366	1919,99282	0,38
162	SSHVITDLTSTK	174	2	PODXL_HUMAN	O00461	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K2(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); S11(HexNAc)	1,667	1	4	482,76663	1928,04470	1,24
205	DFSLTSSSQPTGATK	219	1	PDXL2_HUMAN	O00461	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S3(HexNAc)	1,665	0	2	958,96295	1916,91863	0,60
77	LAGPAAEAALAVSTGFDR	96	2	MENT_HUMAN	Q9Y4L1	N-Term(Dimethyl); T13(HexNAc); T14(HexNAc); K18(Dimethyl)	1,662	0	3	733,37463	2198,10935	0,82
480	IRTTTSGVPR	489	2	DAG1_HUMAN	Q9Y4L1	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T13(HexNAc); T14(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	1,662	0	3	736,05792	2206,15921	0,66
2080	VSGTVSTNFPQTIEPAK	2096	4	CSPG2_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); S6(HexNAc); T7(HexNAc); T12(HexNAc); K17(Dimethyl)	1,662	0	3	882,10303	2644,29453	-1,15
240	VVFTCQATANPEILGYR	256	3	KIRR1_HUMAN	P51511	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T16(HexNAc); T21(HexNAc); T23(HexNAc)	1,661	0	4	833,42767	3330,68886	-0,05
300	TTEADDPFKDR	310	1	SMOC1_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K18(Dimethyl:2H(4))	1,657	0	2	1054,48645	2107,96562	0,68
273	EKPTRVQEVSR	284	5	GOL14_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T8(HexNAc); T9(HexNAc); T10(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4)); S16(HexNAc); T17(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	1,655	1	3	944,14563	2830,42234	0,23
282	SEALPTDLPASPDLTEPK	301	2	GLU2B_HUMAN	P14314	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); T17(HexNAc); K20(Dimethyl)	1,655	0	3	837,75800	2511,25943	-0,26
282	SEALPTDLPASPDLTEPK	301	2	GLU2B_HUMAN	P14314	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); T17(HexNAc)	1,655	0	3	840,44141	2519,30967	-0,26

						K20(Dimethyl:2H(4))							
191	QGDVGGTCGVVDEPRPTGK	210	4	ATSL_HUMAN	P23470	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T8(HexNAc); T17(HexNAc); T21(HexNAc)	1,654	0	4	911,17072	3641,66103	-0,39	
258	ALPRPATTQEPDIPER	273	4	SDC3_HUMAN	Q96F05	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T3(HexNAc); T6(HexNAc); T9(HexNAc)	1,652	0	3	621,66010	1862,96573	1,42	
726	RVPSEAPPTVEPDRDPEK	743	2	DAG1_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S5(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4)); S21(HexNAc)	1,647	1	4	696,08148	2781,30410	0,14	
471	LETASFPTR	479	2	DAG1_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T8(HexNAc); T15(HexNAc)	1,645	0	3	701,06183	2101,17093	0,94	
177	TPHTEDGGPSATER	190	3	SDC1_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); T8(HexNAc); T15(HexNAc)	1,641	0	3	768,75439	2304,24863	0,13	
364	FRPYNPEEPTTAAGTSLDR	383	1	GPC6_HUMAN	Q9BRK5	N-Term(Dimethyl); S2(HexNAc); K9(Dimethyl)	1,640	0	2	662,81940	1324,63152	0,58	
649	GLTRPGSLNLIKTEISEVK	670	1	A4_HUMAN	Q9BRK5	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S2(HexNAc); K9(Dimethyl:2H(4))	1,640	0	2	666,84436	1332,68144	0,36	
122	STAKPTVQPSPTTSK	137	3	MUC24_HUMAN	Q6UW12	N-Term(Dimethyl:2H(4)); M2(Oxidation); C3(Carbamidomethyl); T10(HexNAc); T11(HexNAc); T12(HexNAc)	1,639	0	3	734,32507	2200,96067	1,05	
462	VTTKVSITR	470	3	DAG1_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl); T8(HexNAc); T9(HexNAc); T10(HexNAc); K15(Dimethyl)	1,638	0	3	689,99878	2067,98178	0,06	
667	TTWASSSSPNDR	678	3	NRP2_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T8(HexNAc); T9(HexNAc); T10(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))	1,638	0	3	692,68201	2076,03147	-0,19	
229	VMCELDIMETTTT	241	3	PARM1_HUMAN	Q0VAQ4	N-Term(Dimethyl:2H(4)); M4(Oxidation); T5(HexNAc); T6(HexNAc); T12(HexNAc)	1,638	0	3	744,03064	2230,07737	2,37	
290	AAATLQAMATTAVLTTTQAPTDSK	314	6	MANS1_HUMAN	Q9UL13	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); K6(Dimethyl:2H(4)); S8(HexNAc); S12(HexNAc); T15(HexNAc); S17(HexNAc); T18(HexNAc); K19(Dimethyl:2H(4))	1,637	1	4	830,19019	3317,73891	0,81	
729	LKVSSTAVR	737	1	LDLR_HUMAN	O43493	N-Term(Dimethyl); S2(HexNAc); K14(Dimethyl)	1,636	0	2	867,40771	1733,80815	0,29	
101	LAGTESPVR	109	1	TFR1_HUMAN	O43493	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,636	0	2	871,43372	1741,86016	1,32	
2151	KTDYSVLTTKK	2162	3	CSPG2_HUMAN	Q04900	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K2(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); T11(HexNAc); T12(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,635	0	3	712,06311	2134,17478	-0,89	
140	SGAEQTPEDSPNR	153	1	TGON2_HUMAN	O00461	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S3(HexNAc)	1,634	0	3	639,64392	1916,91721	-0,14	
824	IDETGTPGYEGEGGDK	841	2	NRP1_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); T7(HexNAc); K18(Dimethyl)	1,632	0	3	768,33691	2302,99619	1,23	
366	TTGPSEDAGGDSLVEK	381	2	LRP11_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); T7(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	1,632	0	3	771,01998	2311,04538	0,78	
824	IDETGTPGYEGEGGDK	841	4	NRP1_HUMAN	P13611	T1(HexNAc); N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T8(HexNAc); T9(HexNAc); K10(Dimethyl); K11(Dimethyl)	1,631	1	3	718,36639	2153,08463	-0,03	
191	CEQDRPSPTTAPPAPPSPSPSPVK	215	4	LAMP1_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T2(HexNAc); T8(HexNAc); T9(HexNAc); K10(Dimethyl:2H(4)); K11(Dimethyl:2H(4))	1,631	1	3	722,39185	2165,16098	0,45	
358	AGDPVSSSDESILWLDGYPV	376	1	SUSD5_HUMAN	P07339	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); K11(Dimethyl)	1,629	0	2	720,91443	1440,82158	1,34	
122	STAKPTVQPSPTTSK	137	1	MUC24_HUMAN	P07339	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); K11(Dimethyl:2H(4))	1,629	0	2	724,93945	1448,87163	1,22	
205	DFSLTSSSQTPGATK	219	1	PDXL2_HUMAN	O00461	N-Term(Dimethyl); S3(HexNAc)	1,627	0	3	638,30255	1912,89310	0,38	
163	TNPEDIYSPNPTDDVSSGSSSER	186	1	CD44_HUMAN	O00461	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S3(HexNAc)	1,627	0	3	639,64404	1916,91758	0,05	
824	IDETGTPGYEGEGGDKNISR	845	1	NRP1_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl); T7(HexNAc); K18(Dimethyl)	1,627	1	3	857,39661	2570,17527	0,44	
32	GAPNKEETPATESPDTGLYYHR	53	1	NUCB1_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	1,627	1	3	860,08014	2578,22586	0,59	
631	ITEEFLGK	638	2	CSPG2_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); T5(HexNAc); K12(Dimethyl:2H(4))	1,625	0	2	904,96088	1808,91448	0,27	
2816	NCPDRTCQSGYTK	2828	1	LRP2_HUMAN	O00461	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S3(HexNAc)	1,624	0	3	639,64502	1916,92051	1,58	

360	DPVKLPTAASTPD	373	2	A4_HUMAN	Q9NZ53	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T2(HexNAc)	1,624	0	3	759,02240	2275,05265	0,68
2239	GMRPTIQESDTE	2250	1	CSPG2_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K1(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); K9(Dimethyl:2H(4))	1,617	1	3	454,61044	1361,81678	0,29
35	DYSQPTAAAVQDIK	49	3	LAMP3_HUMAN	Q9UQV4	N-Term(Dimethyl); S3(HexNAc); T5(HexNAc); T10(HexNAc); K15(Dimethyl)	1,614	0	3	758,36908	2273,09269	0,34
403	FQSPYEEQLEQQR	415	3	GOLI4_HUMAN	Q9UQV4	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S3(HexNAc); T6(HexNAc); T10(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))	1,614	0	3	761,05298	2281,14438	0,99
312	TTAPSGAEHPDEDPLGSR	329	3	PDXL2_HUMAN	Q96DB9	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); T8(HexNAc); T12(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,614	0	3	714,02545	2140,06180	-0,64
355	SAPENFNTR	363	2	GPC6_HUMAN	P56159	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T10(HexNAc); T11(HexNAc); K12(Dimethyl:2H(4))	1,613	0	3	557,63613	1670,89383	0,20
339	TASYTDVWEK	348	1	GLBD1_HUMAN	Q68CQ7	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); K10(Dimethyl)	1,613	0	2	729,85358	1458,69988	-0,02
282	SEALPTDLPASAPDLTEPK	301	1	GLU2B_HUMAN	Q68CQ7	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); K10(Dimethyl:2H(4))	1,613	0	2	733,87952	1466,75176	1,12
359	SAYYPEDLFDKK	371	1	GPC3_HUMAN	P14314	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T8(HexNAc); K22(Dimethyl:2H(4))	1,612	1	4	659,60425	2635,39516	-0,08
3021	GQDSTIAASEQQVAAR	3036	1	CSPG2_HUMAN	O60462	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S5(HexNAc)	1,612	0	2	772,36261	1543,71794	0,41
19	EVPTDGNAGLAERQIAMFCGR	40	3	A4_HUMAN	Q81ZA0	N-Term(Dimethyl:2H(4)); Y13(HexNAc); T17(HexNAc); T19(HexNAc)	1,610	0	3	953,14520	2857,42105	1,08
330	TPSPTVAHESNNAK	343	5	PODXL_HUMAN	P23470	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T8(HexNAc); T17(HexNAc); T24(HexNAc); T19(HexNAc)	1,609	0	4	961,93878	3844,73330	-2,22
2476	AVTADGFPTVSV	2487	2	CSPG2_HUMAN	O75976	N-Term(Dimethyl); S3(HexNAc); S6(HexNAc); K15(Dimethyl)	1,604	0	3	690,02826	2068,07022	0,27
179	TTMGPPVTLVSVSLR	194	2	CD320_HUMAN	O75976	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S3(HexNAc); S6(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))	1,604	0	3	692,71167	2076,12046	0,28
796	QVAVSGGNTGV	807	1	T132A_HUMAN	O75976	N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc); K15(Dimethyl)	1,603	0	3	622,33514	1864,99088	0,32
97	AAHPTDDTTLSERP	111	1	FXYS_HUMAN	O75976	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))	1,603	0	3	625,01843	1873,04074	0,13
62	SGLTTLVATSVNSVTGIR	79	6	PDPN_HUMAN	Q86YL7	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc); T9(HexNAc); S10(HexNAc); S13(HexNAc)	1,603	0	3	1009,51083	3026,51795	-0,31
86	VETTLNIQNK	96	3	SDC2_HUMAN	P34741	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc); K11(Dimethyl)	1,601	0	2	963,49341	1925,97954	-0,33
300	TTEADDPFKDR	310	3	SMOC1_HUMAN	P34741	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc); K11(Dimethyl:2H(4))	1,601	0	2	967,51886	1934,03044	0,03
2058	STILPTAEVEGTKAPVEKEEVK	2079	3	CSPG2_HUMAN	Q9ULL3	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); S8(HexNAc); S11(HexNAc)	1,601	0	3	631,31592	1891,93320	0,57
123	QRLPEPATLGF SAR	136	1	NPDC1_HUMAN	O14668	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc); K8(Dimethyl:2H(4))	1,598	0	2	664,84698	1328,68669	0,49
649	GLTRPGSGLTNIKTEEIS	667	3	A4_HUMAN	Q9NPF0	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc); T7(HexNAc); S18(HexNAc); C19(Carbamidomethyl); K23(Dimethyl:2H(4))	1,598	0	4	715,60309	2859,39052	0,04
342	YSEFFTGSK	350	3	CAB45_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S3(HexNAc); S4(HexNAc); S8(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))	1,595	0	3	763,37244	2288,10276	1,06
237	ETHEVPSSTYVPK	249	3	TNR21_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl); S2(HexNAc); T3(HexNAc); K5(Dimethyl); S10(HexNAc)	1,595	0	2	933,46039	1865,91350	1,11
82	DGPLVTDPEETHKSTK	96	3	FXYS_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S2(HexNAc); T3(HexNAc); K5(Dimethyl:2H(4)); S10(HexNAc)	1,595	0	2	937,48456	1873,96184	0,10
649	GLTRPGSGLTNIKTEEISEVK	670	5	A4_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4)); T15(HexNAc); S19(HexNAc); K22(Dimethyl:2H(4))	1,591	1	4	861,21198	3441,82607	1,07
110	GGSGNPPTTIESPK	124	3	PODXL_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl); T8(HexNAc); T9(HexNAc); T10(HexNAc); K15(Dimethyl)	1,590	0	2	1034,49805	2067,98882	3,47

101	LAGTESPVR	109	3	TFR1_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T8(HexNAc); T9(HexNAc); T10(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))	1,590	0	2	1038,51990	2076,03252	0,32
331	LPTTVLNATAK	341	2	YIPF3_HUMAN	Q9UKM7	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T4(HexNAc)	1,582	0	3	575,29858	1723,88120	0,73
215	VAALQTVGPTAGPAPK	230	1	K2013_HUMAN	Q7L155	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); K9(Dimethyl)	1,579	0	2	595,32733	1189,64739	0,86
403	FQSPYEEQLEQQR	415	1	GOL14_HUMAN	Q7L155	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); K9(Dimethyl:2H(4))	1,579	0	2	599,35199	1197,69670	0,10
392	TTTTVGATTTQFR	404	2	PXDC2_HUMAN	Q9NQX5	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S5(HexNAc); T6(HexNAc); K11(Dimethyl:2H(4))	1,578	0	3	540,62567	1619,86246	0,61
284	ALPTDLPAPSAPDLTEPK	301	3	GLU2B_HUMAN	P23470	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); K9(Dimethyl); T11(HexNAc); S12(HexNAc); M14(Oxidation)	1,576	1	3	730,68384	2190,03696	-0,05
485	ILSGTSSSYQPIQPK	499	3	CBPD_HUMAN	P23470	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); K9(Dimethyl:2H(4)); T11(HexNAc); S12(HexNAc); M14(Oxidation)	1,576	1	3	733,36774	2198,08866	0,63
1940	EYSTVSHPIAK	1950	3	CSPG2_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl); S3(HexNAc); T4(HexNAc); S6(HexNAc); K11(Dimethyl)	1,576	0	3	632,98279	1896,93381	0,70
181	YYDPKTCGFDFGAVEDISK	200	3	AATM_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S3(HexNAc); T4(HexNAc); S6(HexNAc); K11(Dimethyl:2H(4))	1,576	0	3	635,66608	1904,98368	0,52
191	QPTSTHPVATPTSSGHDHLMK	211	2	PODXL_HUMAN	Q7ZSN4	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc); C8(Carbamidomethyl); T1(HexNAc)	1,576	0	4	508,99384	2032,95351	-0,38
191	QPTSTHPVATPTSSGHDHLMK	211	5	PODXL_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl); T8(HexNAc); T9(HexNAc); T10(HexNAc); K15(Dimethyl); S16(HexNAc); T17(HexNAc); K18(Dimethyl)	1,575	1	4	705,34131	2818,34340	-1,05
70	SSAEQTPEDTPNK	83	2	TGON2_HUMAN	O43493	N-Term(Dimethyl); S2(HexNAc); T7(HexNAc); K14(Dimethyl)	1,575	0	3	646,30066	1936,88742	0,21
108	TCSQDEFK	115	2	LDLR_HUMAN	O43493	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S2(HexNAc); T7(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,575	0	3	648,98480	1944,93985	1,35
789	VITESKPSLVSLPTESTK	807	2	HEG1_HUMAN	Q9ULI3	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); T9(HexNAc)	1,572	0	3	642,98590	1926,94315	0,80
2515	STDGSFQDR	2523	1	CSPG2_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc)	1,572	0	2	622,27582	1243,54436	0,49
70	SSAEQTPEDTPNK	83	1	TGON2_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc)	1,572	0	2	624,28900	1247,57073	1,50
282	SEALPTDLPAPSAPDLTEPK	301	2	GLU2B_HUMAN	P14314	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); S12(HexNAc); K20(Dimethyl)	1,569	0	3	837,75861	2511,26126	0,46
359	SAYPEDLFIDK	370	2	GPC3_HUMAN	P14314	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); S12(HexNAc); K20(Dimethyl:2H(4))	1,569	0	3	840,44202	2519,31150	0,47
480	IRTTSGVPR	489	2	DAG1_HUMAN	P14314	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); S12(HexNAc); K20(Dimethyl:2H(4))	1,569	0	3	840,44214	2519,31186	0,62
60	YKSLTLVATSVNSVTGIR	79	1	PDPN_HUMAN	O00461	N-Term(Dimethyl); S3(HexNAc)	1,569	0	3	638,30286	1912,89402	0,86
77	ILLTSAAPKETTLLNIQNK	96	1	SDC2_HUMAN	O00461	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S3(HexNAc)	1,569	0	3	639,64435	1916,91849	0,53
685	ERTETLPEMR	695	1	CSPG2_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	1,568	1	4	645,31110	2578,22255	-0,70
30	DTTLEPEEPTK	41	2	FGFR2_HUMAN	Q04900	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); T3(HexNAc); C9(Carbamidomethyl)	1,568	0	3	585,94727	1755,82724	0,96
360	DPVKLPTTAASLTPDAVDK	377	2	A4_HUMAN	P16422	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); K11(Dimethyl:2H(4))	1,565	1	3	612,00317	1833,99497	0,96
118	EHEEPTTSEMAEETYSK	135	2	IBP5_HUMAN	O00461	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K2(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); S11(HexNAc)	1,563	1	3	643,35272	1928,04361	0,68
331	LPTTVLNATAK	341	3	YIPF3_HUMAN	Q9GZM5	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T6(HexNAc); T8(HexNAc); K11(Dimethyl)	1,563	0	3	598,65930	1793,96335	0,16
906	VIVDATTGLIPLTSVPTSAK	925	1	HEG1_HUMAN	Q57M9	N-Term(Dimethyl); K7(Dimethyl); T9(HexNAc)	1,562	0	3	492,94870	1476,83155	0,45
127	AGSIEDTSAQELNPLSPLK	148	1	PDXL2_HUMAN	Q57M9	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K7(Dimethyl:2H(4)); T9(HexNAc)	1,562	0	3	495,63229	1484,88233	0,83
359	EPHHGPDPTDTPAGEQAQDVAPSSPFSQK	389	3	ERP44_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl); T15(HexNAc); K22(Dimethyl)	1,562	1	4	756,65363	3023,59267	1,44
515	DFQTAEVAYVSPTR	529	3	K154L_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4)); T15(HexNAc); K22(Dimethyl:2H(4))	1,562	1	4	759,67181	3035,66543	0,59

63	GQQQETSGPPR	73	5	B4GT7_HUMAN	Q96DB9	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); T10(HexNAc); T14(HexNAc); K16(Dimethyl); S17(HexNAc); T18(HexNAc); K19(Dimethyl)	1,559	1	4	781,88092	3124,50185	-0.80
370	EERPPTAAGTSLDR	383	5	GPC6_HUMAN	Q96DB9	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); T10(HexNAc); T14(HexNAc); K16(Dimethyl:2H(4)); S17(HexNAc); T18(HexNAc); K19(Dimethyl:2H(4))	1,559	1	4	784,90033	3136,57949	-0.06
169	SQATVTLPTWQPK	181	3	DNER_HUMAN	Q9Y4L1	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); T13(HexNAc); T14(HexNAc); K18(Dimethyl)	1,559	0	3	801,06787	2401,18906	0.90
1676	IITSEFFEVATTIYVSEQPSAK	1699	3	CSPG2_HUMAN	Q9Y4L1	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); T13(HexNAc); T14(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	1,559	0	3	803,75092	2409,23819	0.44
536	TRLPTAASASK	546	2	PTPRG_HUMAN	O43405	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); T9(HexNAc); K11(Dimethyl:2H(4))	1,558	0	3	512,61841	1535,84067	0.21
205	DFSLTSSSQPGATK	219	1	PDXL2_HUMAN	Q9JUL3	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc)	1,558	0	2	743,39081	1485,77434	0.65
654	TQDLPTSQGVQDHK	667	1	ROBO1_HUMAN	Q9Y6N7	N-Term(Dimethyl); T7(HexNAc); K14(Dimethyl)	1,557	0	3	595,30756	1783,90812	0.46
824	IDETGTPGYEGEGEDKNISR	845	1	NRP1_HUMAN	Q9Y6N7	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,557	0	3	597,99072	1791,95761	0.06
1288	APHPSHTSQPVAK	1300	1	AGRIN_HUMAN	P51654	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc); K12(Dimethyl:2H(4)); K13(Dimethyl:2H(4))	1,555	1	3	630,01758	1888,03818	0.10
478	FTASSSSGMVPK	489	2	NRX3B_HUMAN	P14543	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T11(HexNAc)	1,554	0	3	611,65631	1832,95438	0.27
588	SPTNTTTPHVAEGPEASRPPK	608	3	QSOX1_HUMAN	Q13433	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S5(HexNAc); S8(HexNAc); S12(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4))	1,554	0	3	655,66809	1964,98972	0.58
3021	GQDSTIAASEQQVAAR	3036	1	CSPG2_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc)	1,552	0	3	621,64172	1862,91062	0.81
366	TTGPEADAGGDSLVK	381	1	LRP11_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc)	1,552	0	3	622,98346	1866,93583	0.86
71	TCAESDFVCNNGQCVPSR	88	4	VLDLR_HUMAN	O75509	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T9(HexNAc); T14(HexNAc); S15(HexNAc); S16(HexNAc)	1,551	0	3	902,43945	2705,30381	0.02
191	CEQDRPSPTT	200	1	LAMP1_HUMAN	Q9BS26	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T8(HexNAc); K31(Dimethyl:2H(4))	1,547	0	4	890,91998	3560,65810	1.12
82	DGPLVTDPEHVKSTK	96	5	FXDY5_HUMAN	Q96DB9	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T8(HexNAc); T12(HexNAc); K14(Dimethyl); S15(HexNAc); T16(HexNAc); K17(Dimethyl)	1,546	1	4	721,35083	2882,38149	1.32
81	TDGPLVTDPEHVKSTK	96	5	FXDY5_HUMAN	Q96DB9	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T8(HexNAc); T12(HexNAc); K14(Dimethyl); S15(HexNAc); T16(HexNAc); K17(Dimethyl)	1,546	1	4	721,35071	2882,38100	1.15
82	DGPLVTDPEHVKSTK	96	5	FXDY5_HUMAN	Q96DB9	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); T8(HexNAc); T12(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4)); S15(HexNAc); T16(HexNAc); K17(Dimethyl:2H(4))	1,546	1	4	724,36938	2894,45571	0.94
81	TDGPLVTDPEHVKSTK	96	5	FXDY5_HUMAN	Q96DB9	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); T8(HexNAc); T12(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4)); S15(HexNAc); T16(HexNAc); K17(Dimethyl:2H(4))	1,546	1	4	724,36877	2894,45327	0.09
337	AATERPLGPPTER	349	3	NID1_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T8(HexNAc); T9(HexNAc); T10(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))	1,544	0	2	1038,52039	2076,03349	0.79
280	YRSEALPTDLAPASDLTEPK	301	2	GLUZ8_HUMAN	Q5SZK8	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc); S4(HexNAc)	1,544	0	2	1028,50464	2056,00200	0.02
191	QPTSTHPVATPTSSGHDHLMK	211	5	PODXL_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl); T8(HexNAc); T9(HexNAc); T10(HexNAc); K15(Dimethyl); S16(HexNAc); T17(HexNAc); K18(Dimethyl)	1,543	1	3	940,11957	2818,34415	-0.79
110	GGSGNPTTTTIESPK	124	3	PODXL_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl); T8(HexNAc); T9(HexNAc); T10(HexNAc); K15(Dimethyl)	1,541	0	3	690,00006	2067,98563	1.92
44	SQLANTEPK	53	3	HLPDA_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T8(HexNAc); T9(HexNAc); T10(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))	1,541	0	3	692,68251	2076,03297	0.53

108	TCSQDEFR	115	3	LDLR_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T8(HexNAc); T9(HexNAc); T10(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))	1,541	0	3	692,68237	2076,03257	0,34
20	VPTDGNAGLLAEPQIAMFCGR	40	1	A4_HUMAN	O75976	N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc); K15(Dimethyl)	1,541	0	3	622,33527	1864,99125	0,52
61	KAPVPTGEVYFADSFDR	77	1	CALX_HUMAN	O75976	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))	1,541	0	3	625,01892	1873,04221	0,91
330	TPSPTVAHESNNAK	343	2	PODXL_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); T5(HexNAc); K14(Dimethyl)	1,541	0	3	662,99396	1986,96732	0,90
190	GSPSDVTPTVTQHSK	205	2	K319L_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T5(HexNAc); K14(Dimethyl)	1,541	0	3	665,67725	1995,01719	0,72
110	GGSGNPTTIESPKSTK	127	5	PODXL_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl); T8(HexNAc); T9(HexNAc); T10(HexNAc); K15(Dimethyl); S16(HexNAc); T17(HexNAc); K18(Dimethyl)	1,540	1	4	705,34271	2818,34902	0,94
191	QPTSTHPVATPTSSGHDHLMK	211	5	PODXL_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T8(HexNAc); T9(HexNAc); T10(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4)); S16(HexNAc); T17(HexNAc); K18(Dimethyl)	1,540	1	4	708,36090	2830,42177	0,03
248	LVSTATSRPR	257	5	SDC3_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); S5(HexNAc); T12(HexNAc); S18(HexNAc); S22(HexNAc); K24(Dimethyl:2H(4))	1,538	0	4	934,22473	3733,87710	1,96
245	TOYANANKLEESAR	259	1	TEFF2_HUMAN	P24593	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	1,535	0	3	788,02968	2362,07448	0,59
824	IDETGTPGYEGEGEDKNISR	845	1	NRP1_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl); T7(HexNAc); K18(Dimethyl)	1,535	1	3	857,39667	2570,17545	0,51
381	GQVEPWDERETR	392	1	NID2_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	1,535	1	3	860,07996	2578,22531	0,37
70	SSAEAQTPEDTPNK	83	4	TGON2_HUMAN	Q6UW12	T1(HexNAc); N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); T5(HexNAc); S7(HexNAc); K9(Dimethyl)	1,535	0	3	585,95957	1755,86417	0,43
762	ALFEQEQANST	772	2	CHPF2_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S4(HexNAc); T9(HexNAc)	1,534	2	3	777,04822	2329,13010	-1,87
282	SEALPTDLPASPDLTEPK	301	2	GLU2B_HUMAN	P14314	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); S12(HexNAc); K20(Dimethyl)	1,534	0	3	837,75867	2511,26145	0,54
359	SAYPEDLFDIKK	371	2	GPC3_HUMAN	P14314	N-Term(Dimethyl); S1(HexNAc); S12(HexNAc); K20(Dimethyl)	1,534	0	3	837,75867	2511,26145	0,54
62	APVPTGEVYFADSFDR	77	2	CALX_HUMAN	P14314	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); S12(HexNAc); K20(Dimethyl:2H(4))	1,534	0	3	840,44159	2519,31021	-0,04
83	GPLVTDPEHKSTK	96	3	FXD5_HUMAN	Q9NPF0	N-Term(Dimethyl); S1(HexNAc); S5(HexNAc); S12(HexNAc); C16(Carbamidomethyl); K20(Dimethyl)	1,532	0	3	852,06268	2554,17350	0,85
51	VTPGTSSEDRYK	61	3	PDPN_HUMAN	Q9NPF0	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); T4(HexNAc); S15(HexNAc); C16(Carbamidomethyl); K20(Dimethyl:2H(4))	1,532	0	3	854,74548	2562,22190	0,14
649	GLTRPQSGSLTNIK	662	3	A4_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); S5(HexNAc); T8(HexNAc)	1,531	0	2	806,90857	1612,80986	-0,21
572	TFIPVTSK	580	2	CD44_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,529	0	3	629,02960	1885,07425	0,73
149	TIITTMHSEAK	159	1	PORIM_HUMAN	Q9NS64	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc)	1,529	0	2	943,43451	1885,86174	0,89
1111	NCPTTICDLDTQFR	1124	1	SORL1_HUMAN	O75071	N-Term(Dimethyl); S2(HexNAc); K11(Dimethyl)	1,528	0	2	763,39362	1525,77995	0,94
3057	STPSLAWEGAENSR	3071	1	FREM2_HUMAN	O75071	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S2(HexNAc); K11(Dimethyl:2H(4))	1,528	0	2	767,41815	1533,82903	0,19
205	DFSLTSSSQTPGATK	219	1	PDXL2_HUMAN	Q9BRK5	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); K9(Dimethyl)	1,522	0	2	662,81989	1324,63249	1,31
303	LGLEDVGTTPFSYK	316	1	NID1_HUMAN	Q9BRK5	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); K9(Dimethyl:2H(4))	1,522	0	2	666,84442	1332,68157	0,45
648	VVPKVWVAPLTVSVQTEGSR	667	4	SEM4D_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl); T15(HexNAc); K22(Dimethyl)	1,521	1	4	807,42169	3226,66494	-0,85
374	GAIITQPTLPIQPTR	389	4	DAG1_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4)); T15(HexNAc); K22(Dimethyl:2H(4))	1,521	1	4	810,44086	3238,74160	-0,43

374	GAIQTPTLGPIQPTR	389	4	DAG1_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4)); T15(HexNAc); K22(Dimethyl:2H(4))	1,521	1	4	810,44092	3238,74184	-0,36
468	YQSTLPWR	475	1	SUSD5_HUMAN	O00461	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S3(HexNAc)	1,521	0	3	639,64423	1916,91812	0,34
125	KPTVQSPSTTSK	137	3	MUC24_HUMAN	Q6UW12	N-Term(Dimethyl:2H(4)); C3(Carbamidomethyl); T10(HexNAc); T11(HexNAc); T12(HexNAc)	1,520	0	3	728,99292	2184,96421	0,35
342	AVAVTLQSH	350	1	YIPF3_HUMAN	Q8IZP9	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); K9(Dimethyl:2H(4))	1,520	0	2	605,38104	1209,75481	0,60
112	SGSEAQTTKDSTSKSHPQLQTPK	134	5	TGON2_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); S4(HexNAc); T5(HexNAc); S13(HexNAc); S14(HexNAc); M20(Oxidation); K21(Dimethyl:2H(4))	1,517	0	5	665,72137	3324,57777	0,42
342	YSEFFTGSK	350	1	CAB45_HUMAN	P02786	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc)	1,516	1	3	787,05225	2359,14219	0,36
42	GTLSFLVTTHTQPTNL	57	5	EDNRA_HUMAN	P34741	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); S5(HexNAc); K9(Dimethyl:2H(4)); T12(HexNAc); T13(HexNAc); T14(HexNAc)	1,516	1	3	917,82654	2751,46506	0,94
34	SVVTDDGFAEGGPDER	49	3	RPRM_HUMAN	O75976	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); T3(HexNAc); T4(HexNAc)	1,516	0	3	785,36023	2354,06614	-0,29
649	GLTRPQSGSLTNIKTEEISEVK	670	1	A4_HUMAN	O00391	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); K2(Dimethyl)	1,514	0	2	537,31592	1073,62456	0,37
100	SSPWQPPPLQQR	112	1	CHSS3_HUMAN	O00391	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); K7(Dimethyl)	1,514	0	2	537,31598	1073,62468	0,48
338	VIVGNTDQSGPFPVK	353	1	SUSD5_HUMAN	O00391	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); K7(Dimethyl:2H(4))	1,514	0	2	541,34106	1081,67485	0,44
364	FRPYNPEERPTTAAGTSLDR	383	1	GPC6_HUMAN	O00461	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S3(HexNAc)	1,513	0	2	958,96295	1916,91863	0,60
454	IPVAPPTAASSVEEPEDCDSYCK	477	2	NET1_HUMAN	O95631	N-Term(Dimethyl); T7(HexNAc); T8(HexNAc); C19(Carbamidomethyl); C23(Carbamidomethyl); K24(Dimethyl)	1,512	0	3	1029,12976	3085,37473	-0,18
353	MVHTAASPALPR	365	1	LRP11_HUMAN	Q9HDB5	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); M9(Oxidation); K12(Dimethyl)	1,512	0	2	737,36157	1473,71587	1,13
478	FTASSSSGMVPK	489	1	NRX3B_HUMAN	Q9HDB5	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); M9(Oxidation); K12(Dimethyl:2H(4))	1,512	0	2	741,38599	1481,76470	0,19
1417	VTVKPEAAEAR	1430	2	CSPG2_HUMAN	P52799	N-Term(Dimethyl); K2(Dimethyl); T5(HexNAc); T14(HexNAc)	1,510	2	3	720,69843	2160,08072	1,28
339	TERPLGPPTER	349	2	NID1_HUMAN	P52799	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K2(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc); T14(HexNAc)	1,510	2	3	723,38147	2168,12986	0,77
19	EVPTDGNAGLLAEPQIAMFCGR	40	3	A4_HUMAN	Q9NT99	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T7(HexNAc); T10(HexNAc)	1,507	0	2	1009,99622	2018,98516	0,46
284	ALPTDLPAASPDLTEPK	301	4	GLU2B_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4)); T15(HexNAc)	1,507	1	3	1026,86816	3078,58994	-0,55
359	EFHHPDPTDAPGEQAQDVASSPPEFFQK	389	2	ERP44_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T5(HexNAc)	1,506	1	3	604,97888	1812,92209	1,26
374	GAIQTPTLGPIQPTR	389	3	DAG1_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); T8(HexNAc); T15(HexNAc)	1,506	0	3	768,75464	2304,24936	0,45
308	LIPPTSASLPVTTVAQPPIPIQR	330	3	EGFLA_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); T8(HexNAc); T15(HexNAc)	1,506	0	3	768,75452	2304,24900	0,29
374	GAIQTPTLGPIQPTR	389	3	DAG1_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); T8(HexNAc); T15(HexNAc)	1,506	0	3	768,75452	2304,24900	0,29
169	SQATVTLPTWQPK	181	3	DNER_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); T8(HexNAc); T15(HexNAc)	1,506	0	3	768,75439	2304,24863	0,13
649	GLTRPQSGSLTNIK	662	6	A4_HUMAN	O00468	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T2(HexNAc); T6(HexNAc); T7(HexNAc); T12(HexNAc); S16(HexNAc)	1,503	1	4	758,87866	3032,49282	-0,52
824	IDETGTPGVEGEGEGDK	841	1	NRP1_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl); T7(HexNAc); K18(Dimethyl)	1,501	0	3	700,64337	2099,91556	0,75
824	IDETGTPGVEGEGEGDKNISR	845	1	NRP1_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	1,501	0	3	703,32660	2107,96524	0,50
649	KSSPPALSALVAK	662	3	K154L_HUMAN	P28300	N-Term(Dimethyl); S8(HexNAc); T9(HexNAc); S10(HexNAc)	1,499	0	3	659,63434	1976,88846	0,61

364	LPTTAASTPAVDK	377	4	A4_HUMAN	Q13433	N-Term(Dimethyl); S4(HexNAc); S5(HexNAc); S9(HexNAc); S12(HexNAc); K13(Dimethyl)	1,498	0	3	720,67810	2160,01975	0,93
469	MMSETLNF	476	1	CBPE_HUMAN	P27824	N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc)	1,497	0	3	667,98663	2001,94535	0,63
248	LVSTATSRPR	257	1	SDC3_HUMAN	P27824	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc)	1,497	0	3	669,32825	2005,97019	0,49
40	TPTSQAQAGPSSGSCPPTK	58	3	CD320_HUMAN	O43405	N-Term(Dimethyl); S5(HexNAc); T6(HexNAc); T11(HexNAc); K13(Dimethyl)	1,496	0	3	639,32186	1915,95103	0,77
179	TTPHPTSPLSR	190	3	PODXL_HUMAN	O43405	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S5(HexNAc); T6(HexNAc); T11(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4))	1,496	0	3	642,00482	1923,99991	0,08
39	STPTSQAQAGPSSGSCPPTK	58	3	CD320_HUMAN	O43405	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S5(HexNAc); T6(HexNAc); T11(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4))	1,496	0	3	642,00513	1924,00083	0,55
267	ATVLSQVPK	275	2	GPR64_HUMAN	Q9HD85	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S4(HexNAc); S5(HexNAc); M9(Oxidation); K12(Dimethyl:2H(4))	1,494	0	2	842,92523	1684,84319	-0,36
151	EFTTGENFKGPDR	163	2	QSOX2_HUMAN	Q6ZRP7	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); K9(Dimethyl)	1,494	1	3	653,97809	1959,91971	0,74
95	APEPGTGLTAVTPNGVR	113	2	SE6L2_HUMAN	Q6ZRP7	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); K9(Dimethyl:2H(4))	1,494	1	3	656,66125	1967,96921	0,37
824	IDETGTPGVEGEGDK	841	2	NRP1_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S4(HexNAc); S9(HexNAc)	1,494	0	3	690,67633	2070,01444	0,41
110	GGSGGNPTTIESPKSTK	127	2	PODXL_HUMAN	O00461	N-Term(Dimethyl); K2(Dimethyl); T4(HexNAc); S11(HexNAc)	1,492	1	3	640,66907	1919,99265	0,29
191	QPTSTHPVATPTSSGHDHLMK	211	2	PODXL_HUMAN	O00461	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K2(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); S11(HexNAc)	1,492	1	3	643,35303	1928,04453	1,15
462	VTTKVSITR	470	3	DAG1_HUMAN	O43493	N-Term(Dimethyl); S1(HexNAc); T7(HexNAc); K9(Dimethyl); S11(HexNAc); K14(Dimethyl)	1,492	1	4	555,28015	2218,09878	0,65
633	TAEGGHTIPGHEQDHTAVPTDQTGGR	659	3	PTPRG_HUMAN	O43493	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc); T7(HexNAc); K9(Dimethyl:2H(4)); S11(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,492	1	4	558,29901	2230,17422	0,70
303	LGLEDVGT	310	1	NID1_HUMAN	Q9P2E5	N-Term(Dimethyl); T11(HexNAc)	1,487	0	2	734,84430	1468,68132	0,73
373	DVDVYFETSADDNEHAR	389	1	ALP2_HUMAN	Q9P2E5	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T11(HexNAc)	1,487	0	2	736,85693	1472,70659	0,84
126	LQYCDETVPVTFDPHTE	142	1	FZD6_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl); T9(HexNAc)	1,487	0	2	555,27191	1109,53655	0,36
229	VMCELDIMETTTT	241	1	PARM1_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T8(HexNAc)	1,487	0	2	557,28516	1113,56304	1,60
672	DISTNYYASQK	682	1	ENPL_HUMAN	P14625	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); K11(Dimethyl)	1,486	0	2	774,87549	1548,74370	0,57
39	STPTSQAQAGPSSGSCPPTK	58	3	CD320_HUMAN	O43405	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); T8(HexNAc); T13(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))	1,484	0	3	699,36652	2096,08500	0,21
726	RVPSEAPTEVPDRDPEK	743	1	DAG1_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	1,484	0	3	703,32684	2107,96598	0,84
112	SGSEAQTAKDSTKSHPELQTPK	134	5	TGON2_HUMAN	O43493	N-Term(Dimethyl); T7(HexNAc); T8(HexNAc); K9(Dimethyl); T12(HexNAc); K14(Dimethyl); S15(HexNAc); T21(HexNAc); K23(Dimethyl)	1,483	2	5	715,14923	3571,71705	1,38
191	QPTSTHPVATPTSSGHDHLMK	211	5	PODXL_HUMAN	O43493	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc); T8(HexNAc); K9(Dimethyl:2H(4)); T12(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4)); S15(HexNAc); T21(HexNAc); K23(Dimethyl:2H(4))	1,483	2	5	718,36890	3587,81538	0,79
454	IPVAPPITAAASSVEPEDCDYCK	477	2	NET1_HUMAN	O95631	N-Term(Dimethyl); T7(HexNAc); T8(HexNAc); C19(Carbamidomethyl); C23(Carbamidomethyl); K24(Dimethyl)	1,479	0	4	772,10095	3085,38198	2,17
359	EFHGGPDPDTAPGQEQDVASSPPESSPQK	389	2	ERP44_HUMAN	O95631	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc); T8(HexNAc); C19(Carbamidomethyl); C23(Carbamidomethyl); K24(Dimethyl:2H(4))	1,479	0	4	774,11267	3093,42885	1,08
385	ATAPNKPALSNTEK	399	2	LRP11_HUMAN	Q86V24	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); K6(Dimethyl); T13(HexNAc); K15(Dimethyl)	1,479	0	3	677,02838	2029,07059	0,28
2152	TTDYSLVLTKK	2162	2	CSPG2_HUMAN	Q86V24	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); K6(Dimethyl:2H(4)); T13(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))	1,479	0	3	681,05383	2041,14695	0,79
2033	FSGTASSIDEGLGEVGTVNEIDRR	2057	1	CSPG2_HUMAN	P27824	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc)	1,477	0	2	1003,48859	2005,96990	0,35

63	GQQQETSGPPR	73	2	B4GT7_HUMAN	P14314	N-Term(Dimethyl); S1(HexNAc); S12(HexNAc); K20(Dimethyl)	1,476	0	3	837,75854	2511,26108	0,39
824	IDETGSTRPGYEGEGDKNISR	845	4	NRP1_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); S5(HexNAc); T7(HexNAc); K18(Dimethyl); S21(HexNAc)	1,475	1	4	795,60913	3179,41469	0,77
233	SQTPAPSEVVLDISK	247	4	GOLM1_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); S5(HexNAc); T7(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4)); S21(HexNAc)	1,475	1	4	797,62115	3187,46279	0,10
282	SEALPTDLPAPSAPDLTEPK	301	1	GLU2B_HUMAN	P51654	S1(HexNAc); N-Term(Dimethyl); K12(Dimethyl); K13(Dimethyl)	1,475	1	3	625,99268	1875,96347	0,43
359	SAYYPEDLFIDKK	371	1	GPC3_HUMAN	P51654	S1(HexNAc); N-Term(Dimethyl); K12(Dimethyl); K13(Dimethyl)	1,475	1	3	625,99249	1875,96292	0,13
214	AGQDVLHLPTDGVLDGR	232	1	LRP11_HUMAN	P51654	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc); K12(Dimethyl:2H(4)); K13(Dimethyl:2H(4))	1,475	1	3	630,01801	1888,03946	0,78
359	SAYYPEDLFIDKK	371	1	GPC3_HUMAN	P51654	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc); K12(Dimethyl:2H(4)); K13(Dimethyl:2H(4))	1,475	1	3	630,01776	1888,03873	0,39
219	SFPDQFSTGEPALDEVPEVR	239	1	CBPD_HUMAN	P51654	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc); K12(Dimethyl:2H(4)); K13(Dimethyl:2H(4))	1,475	1	3	630,01776	1888,03873	0,39
331	LPTTVLNATAK	341	1	YIPF3_HUMAN	Q96Q15	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc)	1,472	0	2	603,32150	1205,63571	0,54
44	SQLANTEPTK	53	2	HLPDA_HUMAN	Q9Y5L2	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); T9(HexNAc); K10(Dimethyl)	1,464	0	2	775,89343	1550,77959	-0,02
55	SSDGLGVGR	63	2	NXP4_HUMAN	Q9Y5L2	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); T9(HexNAc); K10(Dimethyl:2H(4))	1,464	0	2	779,91833	1558,82939	-0,28
2816	NCPDRTCSQGYTK	2828	1	LRP2_HUMAN	P98164	N-Term(Dimethyl); C2(Carbamidomethyl); T6(HexNAc); C7(Carbamidomethyl); K13(Dimethyl)	1,463	1	3	615,94177	1845,81076	0,08
191	QPTSTHPVATPTSSGHDHLMK	211	1	PODXL_HUMAN	P98164	N-Term(Dimethyl:2H(4)); C2(Carbamidomethyl); T6(HexNAc); C7(Carbamidomethyl); K13(Dimethyl:2H(4))	1,463	1	3	618,62512	1853,86081	-0,01
359	EPHHGPOPTDAPGEQAQVASSPPESSFOK	389	1	ERP44_HUMAN	O00461	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S3(HexNAc)	1,463	0	2	958,96260	1916,91793	0,24
403	FQSPYEEQLEQQR	415	1	GOL14_HUMAN	O00461	N-Term(Dimethyl); S3(HexNAc)	1,461	0	3	638,30267	1912,89347	0,58
196	ESVSSLQTTSQVLR	210	1	GINM1_HUMAN	O00461	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S3(HexNAc)	1,461	0	3	639,64435	1916,91849	0,53
331	LPTTVLNATAK	341	3	YIPF3_HUMAN	Q9GZM5	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T9(HexNAc); K11(Dimethyl)	1,460	0	2	897,48517	1793,96306	-0,01
70	KTCAESDFVCNNGQCVPSR	88	3	VLDLR_HUMAN	Q9GZM5	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T9(HexNAc); K11(Dimethyl:2H(4))	1,460	0	2	901,51093	1802,01457	0,72
480	IRTTTSGVPR	489	2	DAG1_HUMAN	Q9BUN1	N-Term(Dimethyl); T13(HexNAc); S19(HexNAc)	1,460	0	3	779,74457	2337,21915	0,28
193	TSTHPVATPTSSGHDHLMK	211	3	PODXL_HUMAN	O43405	N-Term(Dimethyl); S3(HexNAc); T4(HexNAc); T9(HexNAc); K11(Dimethyl)	1,460	0	3	577,62848	1730,87088	0,80
133	ATGQAVSTAHPPTGK	147	3	COCH_HUMAN	O43405	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S3(HexNAc); T4(HexNAc); T9(HexNAc); K11(Dimethyl:2H(4))	1,460	0	3	580,31152	1738,92002	0,17
39	STPTSAQAAGPSSGSCPPTK	58	3	CD320_HUMAN	O43405	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S3(HexNAc); T4(HexNAc); T9(HexNAc); K11(Dimethyl:2H(4))	1,460	0	3	580,31165	1738,92038	0,38
39	STPTSAQAAGPSSGSCPPTK	58	3	CD320_HUMAN	O43405	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S3(HexNAc); T4(HexNAc); T9(HexNAc); K11(Dimethyl:2H(4))	1,460	0	3	580,31152	1738,92002	0,17
649	GLTTRPGSLTNIKTEE	665	4	A4_HUMAN	P08174	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); S4(HexNAc); K5(Dimethyl); T9(HexNAc); K12(Dimethyl); T14(HexNAc)	1,458	1	3	793,76019	2379,26603	0,82
649	GLTTRPGSLTNIKTE	664	4	A4_HUMAN	P08174	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); S4(HexNAc); K5(Dimethyl:2H(4)); T9(HexNAc); K12(Dimethyl:2H(4)); T14(HexNAc)	1,458	1	3	797,78522	2391,34110	0,71
1565	ATEVTFGEEVEKSTSV	1580	2	CSPG2_HUMAN	O00461	N-Term(Dimethyl); S3(HexNAc); Y5(HexNAc)	1,458	0	3	705,99591	2115,97318	0,68
373	STADIEDLATEPK	385	2	PVRL3_HUMAN	O00461	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S3(HexNAc); Y5(HexNAc)	1,458	0	3	707,33826	2120,00022	1,59
824	IDETGSTRPGYEGEGDKNISR	845	4	NRP1_HUMAN	O75976	K1(Dimethyl:2H(4)); N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc); T6(HexNAc); T7(HexNAc); T8(HexNAc)	1,457	1	3	1030,49304	3089,46457	0,81

190	GSPSDVVTPIVTQHSK	205	3	K319L_HUMAN	Q81ZA0	N-Term(Dimethyl); T8(HexNAc); T12(HexNAc); S15(HexNAc); K16(Dimethyl)	1,456	0	3	773,06061	2317,16727	0,65
931	LGVTAEYSPASR	942	3	HEG1_HUMAN	Q81ZA0	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T8(HexNAc); T12(HexNAc); S15(HexNAc); K16(Dimethyl:2H(4))	1,456	0	3	775,74365	2325,21640	0,18
726	RVPSEAPPTVPEPDRD	740	5	DAG1_HUMAN	Q96DB9	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); T10(HexNAc); T14(HexNAc); K16(Dimethyl); S17(HexNAc); T18(HexNAc); K19(Dimethyl)	1,456	1	4	781,88239	3124,50771	1,08
77	QLEGTGGLVTDPEHKSTK	96	5	FXYS_HUMAN	Q96DB9	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); T10(HexNAc); T14(HexNAc); K16(Dimethyl); S17(HexNAc); T18(HexNAc); K19(Dimethyl)	1,456	1	4	781,88208	3124,50649	0,69
457	APPTTAASSVEEPEDCDSYCK	477	5	NET1_HUMAN	Q96DB9	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); T10(HexNAc); T14(HexNAc); K16(Dimethyl:2H(4)); S17(HexNAc); T18(HexNAc); K19(Dimethyl:2H(4))	1,456	1	4	784,90063	3136,58071	0,33
360	DPVKLPTTAASPD	373	5	A4_HUMAN	Q96DB9	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); T10(HexNAc); T14(HexNAc); K16(Dimethyl:2H(4)); S17(HexNAc); T18(HexNAc); K19(Dimethyl:2H(4))	1,456	1	4	784,90082	3136,58144	0,57
80	IEDLPTSESTVHAQE	94	5	PDPN_HUMAN	Q96DB9	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); T10(HexNAc); T14(HexNAc); K16(Dimethyl:2H(4)); S17(HexNAc); T18(HexNAc); K19(Dimethyl:2H(4))	1,456	1	4	784,90149	3136,58413	1,42
284	ALPTDLPAPSAPDLTEPK	301	1	GLU2B_HUMAN	P14314	N-Term(Dimethyl); T8(HexNAc); K17(Dimethyl)	1,455	0	3	674,36157	2021,07016	0,59
303	LGLEDVGTTPF	313	1	NID1_HUMAN	P14314	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); K17(Dimethyl:2H(4))	1,455	0	3	677,04553	2029,12204	1,41
191	CEQDRPSPPTAPPAPPSPSPVPK	215	4	LAMP1_HUMAN	P11279	N-Term(Dimethyl:2H(4)); C1(Carbamidomethyl); T9(HexNAc); T10(HexNAc); S19(HexNAc); S21(HexNAc); K25(Dimethyl:2H(4))	1,455	0	4	869,18066	3473,70083	1,14
2212	VTESIPAEHVVTDSPIKK	2229	3	CSPG2_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); K4(Dimethyl); T7(HexNAc); T8(HexNAc); S11(HexNAc)	1,455	1	2	982,00446	1963,00163	0,53
587	LEVLGCDWTDSPKTVETLGPVTK	609	1	NRP2_HUMAN	P27824	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc)	1,453	0	2	1003,48871	2005,97014	0,47
3021	GQDSTIAASEQQAAR	3036	2	CSPG2_HUMAN	Q9NS15	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc)	1,450	0	2	857,91236	1714,81744	0,39
649	GLTRPSSGLTNIK	662	5	A4_HUMAN	P11279	N-Term(Dimethyl); C1(Carbamidomethyl); T9(HexNAc); T10(HexNAc); S17(HexNAc); S19(HexNAc); S21(HexNAc); K25(Dimethyl)	1,449	0	4	917,93738	3668,72768	0,45
511	GVTTDSPVSEER	522	3	LTBP3_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl); T8(HexNAc); T9(HexNAc); T10(HexNAc); K15(Dimethyl)	1,445	0	3	689,99878	2067,98178	0,06
633	TAEGGHQITPGHEQDHTAVPTDQTGGR	659	3	PTPRG_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T8(HexNAc); T9(HexNAc); T10(HexNAc); T10(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))	1,445	0	3	692,68262	2076,03330	0,69
370	EERPTTAAGTSLDR	383	7	GPC6_HUMAN	Q96DB9	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T3(HexNAc); T9(HexNAc); T15(HexNAc); T19(HexNAc); K21(Dimethyl:2H(4)); S22(HexNAc); T23(HexNAc); K24(Dimethyl:2H(4))	1,444	1	5	826,60925	4129,01716	1,85
190	GSPSDVVTPIVTQHSK	205	2	K319L_HUMAN	Q81ZA0	N-Term(Dimethyl); T8(HexNAc); T12(HexNAc); K16(Dimethyl)	1,444	0	3	705,36707	2114,08664	0,12
1114	VKTDEVVTLTPR	1125	2	CSPG2_HUMAN	Q81ZA0	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T8(HexNAc); T12(HexNAc); K16(Dimethyl:2H(4))	1,444	0	3	708,05078	2122,13779	0,56
648	VVPKPVVAPT	657	3	SEM4D_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T3(HexNAc); T10(HexNAc); K13(Dimethyl)	1,443	0	3	675,03253	2023,08304	1,22
37	LQLSPTASTIR	47	3	SL9A1_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); T3(HexNAc); T10(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4))	1,443	0	3	677,71539	2031,13163	0,41
3057	STPSLAWIEGAENSR	3071	1	FREM2_HUMAN	Q08380	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S3(HexNAc)	1,443	0	2	917,40955	1833,81182	0,13
374	GAIQIPTLGPQPTR	389	4	DAG1_HUMAN	Q13530	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); T5(HexNAc); T12(HexNAc); T17(HexNAc); K23(Dimethyl:2H(4))	1,442	0	4	774,16687	3093,64565	0,88

203	TTVPSPTTPTPK	215	6	LAMP2_HUMAN	O00468	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T2(HexNAc); T6(HexNAc); T7(HexNAc); T12(HexNAc); T13(HexNAc)	1,442	1	3	898,10828	2692,31028	0,67
70	SSAEAQTPEDTPNK	83	4	TGON2_HUMAN	O00391	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc); T6(HexNAc); T10(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,440	0	2	1140,07739	2279,14751	-0,05
51	VTPGTSEDRYK	61	5	PDPN_HUMAN	P19634	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); S5(HexNAc); T6(HexNAc); S9(HexNAc); S10(HexNAc)	1,440	2	4	705,34631	2818,36342	0,27
368	LSQTEALGR	377	5	NUCB1_HUMAN	P23470	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); T8(HexNAc); T17(HexNAc); T21(HexNAc); T24(HexNAc)	1,436	0	5	768,94940	3840,71790	0,31
70	SSAEAQTPEDTPNK	83	2	TGON2_HUMAN	O43493	N-Term(Dimethyl); S1(HexNAc); S2(HexNAc); K14(Dimethyl)	1,434	0	2	968,94739	1936,88750	0,25
70	SSAEAQTPEDTPNK	83	2	TGON2_HUMAN	O43493	N-Term(Dimethyl); S1(HexNAc); S2(HexNAc); K14(Dimethyl)	1,434	0	3	646,30029	1936,88633	-0,36
200	GSLGSDGKHETVNQEEK	217	2	EFNB1_HUMAN	O43493	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc); S2(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,434	0	3	648,98462	1944,93930	1,07
3021	GQDSTIAASEQQAAR	3036	2	CSPG2_HUMAN	O43493	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S2(HexNAc); T7(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,434	0	3	648,98431	1944,93839	0,60
634	LYGSAGPPTGEEDTAEKDEL	654	2	GRP78_HUMAN	O95631	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc); T8(HexNAc); C19(Carbamidomethyl); C23(Carbamidomethyl); K24(Dimethyl:2H(4))	1,434	0	4	774,11139	3093,42373	-0,57
696	TDYTYDEIQEITK	709	2	CSPG2_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc); T13(HexNAc); K14(Dimethyl)	1,433	0	3	716,67090	2147,99814	0,71
396	LTKDHQTTGSPSR	408	2	FLRT3_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc); T13(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,433	0	3	719,35406	2156,04764	0,38
1684	VPATTIYVSEQPSAK	1699	4	CSPG2_HUMAN	Q9NPF0	S1(HexNAc); N-Term(Dimethyl:2H(4)); S4(HexNAc); S8(HexNAc); S15(HexNAc); C19(Carbamidomethyl); K23(Dimethyl:2H(4))	1,431	0	4	766,37274	3062,46914	-0,21
633	TAEGHQITPGHEQDHTAVPTDQTGGR	659	4	PTPRG_HUMAN	P23470	N-Term(Dimethyl); T8(HexNAc); T17(HexNAc); T21(HexNAc); T24(HexNAc)	1,428	0	5	728,33472	3637,64448	1,96
1676	IITESFFEVPATTIYVSEQPSAK	1699	6	CSPG2_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); S5(HexNAc); T12(HexNAc); T13(HexNAc); S18(HexNAc); S22(HexNAc); K24(Dimethyl:2H(4))	1,427	0	4	984,99359	3936,95254	0,86
180	DSVSASEVTSTVY	192	3	S39A6_HUMAN	P19634	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); T7(HexNAc); T13(HexNAc)	1,425	0	3	799,72809	2397,16971	-0,35
360	DPVKLPTTAASPTDA	374	4	A4_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); K4(Dimethyl); T7(HexNAc); T8(HexNAc); S11(HexNAc); T12(HexNAc)	1,424	1	3	761,04169	2281,11051	1,58
360	DPVKLPTTAASPT	372	4	A4_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); K4(Dimethyl); T7(HexNAc); T8(HexNAc); S11(HexNAc); T12(HexNAc)	1,424	1	3	761,04144	2281,10978	1,25
2058	STILPTAEVETGKAP	2072	4	CSPG2_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); K4(Dimethyl); T7(HexNAc); T8(HexNAc); S11(HexNAc); T12(HexNAc)	1,424	1	3	761,04089	2281,10813	0,53
2212	VTESIPAEHVVTDSPIKK	2229	4	CSPG2_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K4(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc); T8(HexNAc); S11(HexNAc); T12(HexNAc)	1,424	1	3	763,72437	2289,15854	0,62
2212	VTESIPAEHVVTDSPIKK	2229	4	CSPG2_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K4(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc); T8(HexNAc); S11(HexNAc); T12(HexNAc)	1,424	1	3	763,72394	2289,15726	0,06
222	LPTDGVLDGR	232	4	LRP11_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K4(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc); T8(HexNAc); S11(HexNAc); T12(HexNAc)	1,424	1	3	763,72418	2289,15799	0,38
478	FTASSSSGMVPK	489	2	NRX3B_HUMAN	Q9HDB5	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); S7(HexNAc); M9(Oxidation); K12(Dimethyl)	1,423	0	2	838,90051	1676,79375	0,11
649	GLTTRPGSLTNIK	662	1	A4_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl); T7(HexNAc); K18(Dimethyl)	1,423	0	2	1050,45996	2099,91265	-0,64
52	TPGTSEDRYK	61	1	PDPN_HUMAN	Q9NS64	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc)	1,421	0	3	629,29163	1885,86032	0,14

387	VTGNPGEFFIEPSTENEGFLTSLR	411	1	HEG1_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc); K12(Dimethyl:2H(4))	1,418	0	2	762,45532	1523,90337	0,96
36	VTDDGFAEGGPDER	49	1	RPRM_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl:2H(4)); Y10(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	1,417	1	3	741,34106	2222,00864	0,68
204	TVPSPTTPTPK	215	2	LAMP2_HUMAN	O43405	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T8(HexNAc); T13(HexNAc); K15(Dimethyl)	1,416	0	3	628,99023	1884,95615	0,62
649	GLTTRPGSLTN	660	2	A4_HUMAN	O43405	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T8(HexNAc); T13(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))	1,416	0	3	631,67328	1893,00528	0,05
565	DNLLDYSADQGDSEGGTLAR	586	1	QSOX2_HUMAN	P11021	N-Term(Dimethyl); T10(HexNAc); K18(Dimethyl)	1,415	1	3	812,38287	2435,13407	-0,34
282	SEALPTDLPAPSAPDLTEPK	301	1	GLU2B_HUMAN	P11021	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T10(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	1,415	1	3	815,06702	2443,18650	0,57
443	GTKPPAVSTTKIPITN	460	2	LPHN2_HUMAN	Q96MM7	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); S14(HexNAc)	1,414	0	3	747,03113	2239,07883	0,57
211	NVETTVDEDLPGK	224	2	GINM1_HUMAN	Q9NU53	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); T5(HexNAc); K14(Dimethyl)	1,414	0	3	659,99699	1977,97640	0,65
422	FHPDTDVVPAPAGDQK	439	2	NUCB1_HUMAN	Q9NU53	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); T5(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,414	0	3	662,67993	1986,02524	-0,05
78	SVEITMKPSK	87	2	MANEA_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T5(HexNAc); K14(Dimethyl)	1,413	0	3	662,99384	1986,96695	0,71
239	TQGTPLHLNVR	249	2	MA1B1_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T5(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,413	0	3	665,67700	1995,01645	0,35
649	GLTTRPGSLTNK	662	3	A4_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); T7(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4)); S21(HexNAc)	1,413	1	4	746,85114	2984,38271	-0,13
80	GTDGLVTDPEHKSTK	96	3	FXYS5_HUMAN	O43405	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S3(HexNAc); T4(HexNAc); T9(HexNAc); K11(Dimethyl:2H(4))	1,410	0	3	580,31146	1738,91983	0,07
220	TPPTTVSGK	228	4	PARM1_HUMAN	Q6UW12	T1(HexNAc); N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); T5(HexNAc); S7(HexNAc); K9(Dimethyl)	1,410	0	3	585,95990	1755,86515	0,99
191	CEQDRSPPTTAPP	203	1	LAMP1_HUMAN	Q9Y561	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); C13(Carbamidomethyl)	1,408	0	2	804,87961	1608,75194	0,41
224	VIKPTSSNTAQGR	236	2	TICN1_HUMAN	O60462	N-Term(Dimethyl:2H(4)); C6(Carbamidomethyl); K12(Dimethyl:2H(4)); T14(HexNAc); T17(HexNAc); K23(Dimethyl:2H(4))	1,406	0	3	1016,54401	3047,61747	1,29
833	EKPPSLVPLESQMTK	848	2	GNPTA_HUMAN	B0FP48	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T8(HexNAc)	1,405	0	2	993,96222	1986,91716	-0,37
360	DPVPGKPTVIR	371	1	DAG1_HUMAN	Q9HDB5	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); K12(Dimethyl)	1,405	0	2	729,36414	1457,72099	1,17
360	DPVPGKPTVIR	371	1	DAG1_HUMAN	Q9HDB5	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); K12(Dimethyl:2H(4))	1,405	0	2	733,38892	1465,77056	0,72
359	SAYYPEDLFDK	370	1	GPC3_HUMAN	P51654	N-Term(Dimethyl); S1(HexNAc); K12(Dimethyl)	1,404	0	2	860,42261	1719,83794	0,89
480	IRTTTSGVPR	489	1	DAG1_HUMAN	P51654	N-Term(Dimethyl); S1(HexNAc); K12(Dimethyl)	1,404	0	2	860,42316	1719,83904	1,53
191	QPTSTHPVATPTSSGHDLMK	211	1	PODXL_HUMAN	P51654	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc); K12(Dimethyl:2H(4))	1,404	0	2	864,44641	1727,88555	-0,62
565	DNLLDYSADQGDSEGGTLAR	586	1	QSOX2_HUMAN	P29279	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T10(HexNAc); M11(Oxidation)	1,402	0	2	871,92731	1742,84734	1,00
196	ESVSSLQTSQYLIR	210	3	GINM1_HUMAN	Q9NU53	N-Term(Dimethyl); T8(HexNAc); T9(HexNAc); S10(HexNAc)	1,402	0	3	783,72412	2349,15781	0,95
359	EFHHPDPTDTPAGEQAQDVASSPPEFFQK	389	3	ERP44_HUMAN	Q9NU53	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T8(HexNAc); T9(HexNAc); S10(HexNAc)	1,402	0	3	785,06696	2353,18631	2,40
204	TATLATLATR	213	3	CK024_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl)	1,399	0	3	694,03931	2080,10337	0,64
331	LPTVLNATAK	341	3	YIPF3_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,399	0	3	696,72284	2088,15396	0,82
538	LPTAASASK	546	3	PTPRG_HUMAN	P23470	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); S6(HexNAc); S8(HexNAc); K9(Dimethyl)	1,399	0	2	755,89075	1510,77422	0,49
78	SVEITMKPSK	87	3	MANEA_HUMAN	P23470	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); S6(HexNAc); S8(HexNAc); K9(Dimethyl:2H(4))	1,399	0	2	759,91595	1518,82463	0,62
248	LVSTATSRPR	257	3	SDC3_HUMAN	Q63HQ2	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc); T12(HexNAc); T13(HexNAc)	1,397	0	4	760,17700	3037,68618	0,13
39	KVTVTVETQN	48	1	TNR6_HUMAN	P98164	N-Term(Dimethyl); T13(HexNAc); C8(Carbamidomethyl); T13(HexNAc)	1,397	0	2	880,39435	1759,78142	0,59

137	AVSTAHPPTGK	147	1	COCH_HUMAN	P98164	N-Term(Dimethyl:2H(4)); C8(Carbamidomethyl); T13(HexNAc)	1,397	0	2	882,40656	1763,80583	0,20
633	TAEGGHQITPGHEQDHTAVPTDQTGGR	659	2	PTPRG_HUMAN	P14543	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T11(HexNAc)	1,395	0	3	610,31494	1828,93027	0,82
364	LPITTAASTPAVDK	377	2	A4_HUMAN	P14543	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T11(HexNAc)	1,395	0	3	611,65662	1832,95530	0,77
2152	TTDYSVLTTKK	2162	2	CSPG2_HUMAN	P14543	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T11(HexNAc)	1,395	0	3	611,65637	1832,95456	0,37
824	IDETGSTPGYEGEGEGDK	841	3	NRP1_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S4(HexNAc); T5(HexNAc); S9(HexNAc)	1,392	0	3	758,36993	2273,09525	1,01
1288	APHPSHTSQPVAK	1300	2	AGRIN_HUMAN	O00468	N-Term(Dimethyl); T7(HexNAc); S8(HexNAc); K13(Dimethyl)	1,391	0	4	455,48627	1818,92324	-0,02
191	QPTSTHPVATPTSSGHDHLMK	211	2	PODXL_HUMAN	O00468	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc); S8(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4))	1,391	0	4	457,49863	1826,97268	-0,44
726	RVPSEAPPTVPRDRPEK	743	3	DAG1_HUMAN	P11279	N-Term(Dimethyl:2H(4)); C1(Carbamidomethyl); T9(HexNAc); T10(HexNAc); S21(HexNAc); K25(Dimethyl:2H(4))	1,390	0	4	818,40869	3270,61294	-1,39
287	SLTSKVPPTVQKPTTV	302	2	DAF_HUMAN	P12763	N-Term(Dimethyl:2H(4)); C3(Carbamidomethyl); S26(HexNAc); S37(HexNAc)	1,390	0	5	916,04785	4576,21015	-2,75
500	DASPKTSTSLGK	511	5	SARG_HUMAN	P56975	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc); S7(HexNAc); T8(HexNAc)	1,389	0	3	762,67206	2286,00162	-0,66
649	GLTRRPGSLTNIK	662	3	A4_HUMAN	P34741	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc); K11(Dimethyl)	1,389	0	3	642,66522	1925,98111	0,49
649	GLTRRPGSLTNIK	662	3	A4_HUMAN	P34741	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc); K11(Dimethyl:2H(4))	1,389	0	3	645,34869	1934,03153	0,59
73	TQTQQLGTDGLVDPETHKSTK	96	4	FXYD5_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); S7(HexNAc); T8(HexNAc)	1,388	0	3	701,66852	2102,99100	0,43
369	HPEERPTAAGTSLDR	384	2	GPC4_HUMAN	P52799	N-Term(Dimethyl); K2(Dimethyl); T5(HexNAc); T14(HexNAc)	1,383	2	4	540,77490	2160,07778	-0,09
237	ETHEVPSSTYVPK	249	2	TNR21_HUMAN	P52799	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K2(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc); T14(HexNAc)	1,383	2	4	542,78778	2168,12929	0,51
191	CEQDRPSPTTAPPSPSPSPVPK	215	5	LAMP1_HUMAN	O00468	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); T3(HexNAc); S9(HexNAc); S10(HexNAc); T13(HexNAc)	1,382	1	3	854,76495	2562,28031	-0,61
480	IRTTTSGVPR	489	3	DAG1_HUMAN	O00468	N-Term(Dimethyl); S5(HexNAc); T7(HexNAc); S8(HexNAc); K13(Dimethyl)	1,381	0	4	506,25610	2022,00258	-0,03
2816	NCPRDTCQSGYTK	2828	3	LRP2_HUMAN	O00468	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S5(HexNAc); T7(HexNAc); S8(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4))	1,381	0	4	508,26932	2030,05544	1,27
220	TPPTTVSGK	228	3	PARM1_HUMAN	O00468	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S5(HexNAc); T7(HexNAc); S8(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4))	1,381	0	4	508,26874	2030,05312	0,13
61	KAPVPTGEVVFADSFDR	77	2	CALX_HUMAN	O60462	N-Term(Dimethyl); K2(Dimethyl); T4(HexNAc); T7(HexNAc); K13(Dimethyl)	1,380	0	3	616,34729	1847,02732	0,70
77	ILLTSAAPKIVET	88	2	SDC2_HUMAN	O60462	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K2(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); T7(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4))	1,380	0	3	620,37238	1859,10257	0,66
374	GAIITPTLGPQFTR	389	1	DAG1_HUMAN	Q08380	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S3(HexNAc)	1,379	0	2	917,40912	1833,81096	-0,34
36	VTDDGFAEGGPDER	49	1	RPRM_HUMAN	P02786	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc)	1,379	1	2	910,93964	1820,87200	1,16
126	SHPQLQPKDSTGK	139	3	TGON2_HUMAN	O43493	N-Term(Dimethyl); S1(HexNAc); T7(HexNAc); K9(Dimethyl); S11(HexNAc); K14(Dimethyl)	1,379	1	4	555,28015	2218,09878	0,65
191	QPTSTHPVATPTSSGHDHLMK	211	3	PODXL_HUMAN	O43493	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc); T7(HexNAc); K9(Dimethyl:2H(4)); S11(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,379	1	4	558,29907	2230,17445	0,80
110	ESGHSTPLPK	120	3	NPDC1_HUMAN	O43493	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc); T7(HexNAc); K9(Dimethyl:2H(4)); S11(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,379	1	4	558,29590	2230,16176	-4,89
1288	APHPSHTSQPVAK	1300	1	AGRIN_HUMAN	O94905	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T12(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))	1,378	1	2	1080,55652	2160,10576	0,51
123	QRLPEPATLGSAR	136	1	NPDC1_HUMAN	O60279	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc)	1,378	0	2	643,34082	1285,67436	1,44

824	IDETGSTRPGYEGEGDK	841	2	NRP1_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc); S9(HexNAc)	1,377	0	3	690,67657	2070,01517	0,77
359	EFHGGPDPTDTPAGEQAQDVASSPSSFFQK	389	1	ERP44_HUMAN	Q9BS26	N-Term(Dimethyl); T9(HexNAc); K31(Dimethyl)	1,377	0	4	888,90680	3522,60537	0,42
184	LEDTFGPDPTMIR	196	1	CTGF_HUMAN	Q9BS26	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T9(HexNAc); K31(Dimethyl:2H(4))	1,377	0	4	890,91901	3560,65420	0,03
282	SEALPTDLPASAPDLTEPK	301	1	GLU2B_HUMAN	Q9BS26	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T9(HexNAc); K31(Dimethyl:2H(4))	1,377	0	4	890,91949	3560,65615	0,58
273	EKPTREVQVSR	284	2	GOL14_HUMAN	O00461	N-Term(Dimethyl); K2(Dimethyl); T4(HexNAc); S11(HexNAc)	1,376	1	3	640,66888	1919,99210	0,00
162	SSHVTTDLTSTK	174	2	PODXL_HUMAN	O00461	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K2(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); S11(HexNAc)	1,376	1	3	643,35132	1928,03940	-1,51
342	DVTENLETQVVSER	355	3	CR3L4_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); T7(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4)); S21(HexNAc)	1,376	1	3	995,46625	2984,38419	0,37
125	LPEPATLGF SAR	136	4	NPDC1_HUMAN	Q9UL13	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); S5(HexNAc); S10(HexNAc); K11(Dimethyl); T12(HexNAc); K17(Dimethyl)	1,375	1	3	881,79700	2643,37644	0,50
272	EAAQTIVAPTANK	285	4	QSOX1_HUMAN	O00391	N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc); T6(HexNAc); T10(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl)	1,375	0	3	757,70477	2271,09977	1,04
2515	STDGSFQDR	2523	4	CSPG2_HUMAN	O00391	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc); T6(HexNAc); T10(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,375	0	3	760,38770	2279,14853	0,40
191	QPTSTHPVATPTSSGHDHLMK	211	6	PODXL_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); S4(HexNAc); T5(HexNAc); T10(HexNAc); S13(HexNAc); S14(HexNAc); M20(Oxidation); K21(Dimethyl)	1,375	0	5	704,72742	3519,60798	0,70
191	QPTSTHPVATPTSSGHDHLMK	211	6	PODXL_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); S4(HexNAc); T5(HexNAc); T10(HexNAc); S13(HexNAc); S14(HexNAc); M20(Oxidation); K21(Dimethyl)	1,375	0	5	704,72644	3519,60310	-0,69
274	FHTTYTSTER	283	6	NRG3_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); S4(HexNAc); T5(HexNAc); T10(HexNAc); S13(HexNAc); S14(HexNAc); M20(Oxidation); K21(Dimethyl:2H(4))	1,375	0	5	706,33734	3527,65760	0,53
83	IPITTPATTK	92	6	LAMP3_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); S4(HexNAc); T5(HexNAc); T10(HexNAc); S13(HexNAc); S14(HexNAc); M20(Oxidation); K21(Dimethyl:2H(4))	1,375	0	5	706,33771	3527,65943	1,05
273	EKPTREVQVSR	284	6	GOL14_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); S4(HexNAc); T5(HexNAc); T10(HexNAc); S13(HexNAc); S14(HexNAc); M20(Oxidation); K21(Dimethyl:2H(4))	1,375	0	5	706,33704	3527,65607	0,10
649	GLTRPGSLTNIKTEEIS	667	1	A4_HUMAN	P98164	N-Term(Dimethyl); C8(Carbamidomethyl); T13(HexNAc)	1,375	0	2	880,39441	1759,78154	0,66
136	ELVLFDPKPTR	145	1	FA69B_HUMAN	P98164	N-Term(Dimethyl:2H(4)); C8(Carbamidomethyl); T13(HexNAc)	1,375	0	2	882,40704	1763,80681	0,75
191	CEQDRPSPPTAPP	203	1	LAMP1_HUMAN	Q9NS64	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc)	1,373	0	3	627,95013	1881,83585	0,48
83	TTPESTMTSGQAR	95	1	TM248_HUMAN	Q9NS64	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc)	1,373	0	3	629,29193	1885,86124	0,63
214	AGQDVLHLPDGVLDGR	232	5	LRP11_HUMAN	Q81ZA0	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); S6(HexNAc); T9(HexNAc); T10(HexNAc); S17(HexNAc); K21(Dimethyl)	1,372	0	4	786,64935	3143,57558	1,23
1676	IITFSFFEVPATTIYVSEQPSAK	1699	5	CSPG2_HUMAN	Q81ZA0	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); S6(HexNAc); T9(HexNAc); T10(HexNAc); S17(HexNAc); K21(Dimethyl:2H(4))	1,372	0	4	788,66187	3151,62563	1,18
49	TLAPEDTLPLK	60	4	BMR1A_HUMAN	Q9NPF0	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T2(HexNAc); T8(HexNAc); S14(HexNAc)	1,371	0	3	845,08972	2533,25461	-3,20
2526	EFEDSTLKP NR	2536	1	CSPG2_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); K8(Dimethyl)	1,371	0	3	532,27081	1594,79789	1,21
654	TQDVLPTSQGV DHK	667	1	ROBO1_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); K8(Dimethyl:2H(4))	1,371	0	3	534,95319	1602,84500	-0,73

634	LYGSAGPPPTGEEDTAEKDEL	654	1	GRP78_HUMAN	P11021	N-Term(Dimethyl); T10(HexNAc); K18(Dimethyl)	1,370	1	3	812,38409	2435,13773	1,16
634	LYGSAGPPPTGEEDTAEKDEL	654	1	GRP78_HUMAN	P11021	N-Term(Dimethyl); T10(HexNAc); K18(Dimethyl)	1,370	1	3	812,38409	2435,13773	1,16
339	TASYTDVWEK	348	1	GL8D1_HUMAN	P11021	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T10(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	1,370	1	3	815,06769	2443,18851	1,39
2699	SATVPEIEGK	2710	1	CSPG2_HUMAN	P11021	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T10(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	1,370	1	3	815,06696	2443,18631	0,49
180	DSVSASEVSTVYNTVS	196	1	S39A6_HUMAN	O60353	N-Term(Dimethyl:2H(4)); C4(Carbamidomethyl); T11(HexNAc)	1,368	0	2	780,37756	1559,74785	1,98
51	VTSGWGPVK	59	2	CHST9_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl)	1,366	0	3	626,34602	1877,02350	0,44
331	LPTTVLNATAK	341	2	YIPF3_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,366	0	3	629,02954	1885,07407	0,63
200	GSLGDSGDKHETVNQEEK	217	1	EFNB1_HUMAN	P98172	N-Term(Dimethyl); S2(HexNAc); K9(Dimethyl); K18(Dimethyl)	1,366	1	4	555,01868	2217,05288	0,48
368	LSQETEALGR	377	1	NUCB1_HUMAN	P98172	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S2(HexNAc); K9(Dimethyl:2H(4)); K18(Dimethyl:2H(4))	1,366	1	4	558,03748	2229,12807	0,42
478	FTASSSSGMVPK	489	2	NRX3B_HUMAN	Q9UL13	N-Term(Dimethyl:2H(4)); M2(Oxidation); T6(HexNAc); T8(HexNAc)	1,366	0	3	648,31793	1942,93924	1,40
480	IRITTSQVP	488	7	DAG1_HUMAN	Q04900	S1(HexNAc); N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); K4(Dimethyl); T6(HexNAc); S10(HexNAc); S12(HexNAc); T13(HexNAc); S15(HexNAc); K16(Dimethyl)	1,366	0	4	781,38153	3122,50429	1,84
40	TPTSQAAGPSSGSCPPTK	58	7	CD320_HUMAN	Q04900	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc); T2(HexNAc); K4(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); S10(HexNAc); S12(HexNAc); T13(HexNAc); S15(HexNAc); K16(Dimethyl:2H(4))	1,366	0	4	784,39886	3134,57363	-0,08
135	GQAVSTAHPPTGK	147	1	COCH_HUMAN	P98164	N-Term(Dimethyl:2H(4)); C8(Carbamidomethyl); T13(HexNAc)	1,366	0	3	588,60718	1763,80698	0,85
373	TVYPAQQGWPAVPVK	387	3	FLRT3_HUMAN	O00468	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T6(HexNAc); T15(HexNAc)	1,365	0	3	725,03461	2173,08927	0,98
20	VPTDGNAGLAEQIAMFCGR	40	3	A4_HUMAN	O00468	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T6(HexNAc); T15(HexNAc)	1,365	0	3	726,37695	2177,11631	1,86
266	VLSIQEGTVPDNTSSAR	283	2	TNR21_HUMAN	O75056	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc); T8(HexNAc)	1,362	0	3	743,72314	2229,15488	0,04
35	DYSQPTAAAVQDIK	49	2	LAMP3_HUMAN	O75056	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc); T8(HexNAc)	1,362	0	3	743,72339	2229,15561	0,37
2453	QESSTTFVSDGSLKHPVPSAK	2475	2	CSPG2_HUMAN	O75056	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc); T8(HexNAc)	1,362	0	3	743,72357	2229,15616	0,62
3021	GQDSTIAASEQQVAAR	3036	2	CSPG2_HUMAN	Q02818	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S2(HexNAc); T3(HexNAc)	1,362	0	2	771,39594	1541,78459	0,17
338	VYIGNTDGSPGPFVVK	353	2	SUSD5_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); K14(Dimethyl); S19(HexNAc); K22(Dimethyl)	1,361	1	4	705,88293	2820,50991	0,34
125	LPEPATLGSAR	136	2	NPDC1_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4)); S19(HexNAc); K22(Dimethyl:2H(4))	1,361	1	4	708,90198	2832,58608	0,64
1415	HLVTTVPKDPAAEAR	1430	2	CSPG2_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); T5(HexNAc); K8(Dimethyl)	1,361	1	3	732,71948	2196,14389	2,00
824	IDETGTPGYEGEGEDKNISR	845	2	NRP1_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); T5(HexNAc); K8(Dimethyl:2H(4))	1,361	1	3	735,40271	2204,19358	1,75
428	GPMSTVAGSQEGSK	442	4	LPHN2_HUMAN	O95490	N-Term(Dimethyl); M3(Oxidation); S4(HexNAc); T5(HexNAc); S10(HexNAc); S14(HexNAc); K15(Dimethyl)	1,361	0	3	774,35297	2321,04435	0,29
140	SGAEAQTPEDSPNR	153	4	TGON2_HUMAN	O95490	N-Term(Dimethyl:2H(4)); M3(Oxidation); S4(HexNAc); T5(HexNAc); S10(HexNAc); S14(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))	1,361	0	3	777,03656	2329,09513	0,53
1684	VPATTIYVSEQPSAK	1699	3	CSPG2_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T7(HexNAc); T8(HexNAc); K9(Dimethyl:2H(4)); K10(Dimethyl:2H(4))	1,361	1	3	621,01563	1861,03232	-0,34
337	AATERPLGPPTER	349	2	NID1_HUMAN	P14543	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T11(HexNAc)	1,359	0	3	610,31458	1828,92917	0,22
217	DVSSSTPPSVTSK	229	2	S39A6_HUMAN	P14543	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc);	1,359	0	3	611,65674	1832,95566	0,97

							T11(HexNAc)								
390	LAPSEYR	396	2	ERP44_HUMAN	P14543		N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T11(HexNAc)	1,359	0	3	611,65643	1832,95475	0,47		
191	CEQDRPSPTTAPP	203	2	LAMP1_HUMAN	Q08380		N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); T12(HexNAc)	1,358	0	2	1006,97961	2012,95195	-0,28		
773	SILPNSLGVSER	784	3	GNPTA_HUMAN	P05067		N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4)); K22(Dimethyl:2H(4))	1,356	1	4	759,67236	3035,66762	1,32		
480	IRTTTSGVPR	489	2	DAG1_HUMAN	O60462		N-Term(Dimethyl); C6(Carbamidomethyl); K12(Dimethyl); T14(HexNAc); T17(HexNAc); K23(Dimethyl)	1,355	0	3	1012,51733	3035,53745	-0,25		
191	QGDVGGTCGVVDEPRPTGK	210	3	ATS1_HUMAN	P34741		N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc); K13(Dimethyl)	1,354	0	2	963,49414	1925,98100	0,43		
272	EAAQTIVAPTANK	285	4	QSOX1_HUMAN	O00391		N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc); T6(HexNAc); T10(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl)	1,353	0	3	757,70453	2271,09903	0,72		
704	GDRFSEDSR	712	4	PTPRG_HUMAN	O00391		N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc); T6(HexNAc); T10(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,353	0	3	760,38824	2279,15018	1,12		
70	SSAEAQTPEDTPNK	83	3	TGON2_HUMAN	O43493		S1(HexNAc); N-Term(Dimethyl); S2(HexNAc); T7(HexNAc); K14(Dimethyl)	1,351	0	2	1070,48608	2139,96489	-0,70		
181	LCEQDSTFDGVTD	193	1	SPON1_HUMAN	P02786		N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc)	1,351	1	3	749,35742	2246,05771	0,20		
181	LCEQDSTFDGVTD	193	1	SPON1_HUMAN	P02786		N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc)	1,351	1	3	750,69879	2250,08182	-0,24		
478	FTASSSSGMVPK	489	5	NRX3B_HUMAN	O00468		N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); T3(HexNAc); S9(HexNAc); S10(HexNAc); T13(HexNAc)	1,350	1	3	854,76483	2562,27994	-0,75		
184	LEDTFGPDPTMIR	196	1	CTGF_HUMAN	P29279		N-Term(Dimethyl); T10(HexNAc)	1,350	0	2	861,91687	1722,82646	0,52		
256	DWLPSDYDHAEAEAR	271	1	CALLU_HUMAN	P29279		N-Term(Dimethyl:2H(4)); T10(HexNAc)	1,350	0	2	863,92950	1726,85173	0,61		
3021	GQDSTIAASEQQVAAR	3036	3	CSPG2_HUMAN	P13611		N-Term(Dimethyl:2H(4)); S4(HexNAc); T5(HexNAc); S9(HexNAc)	1,350	0	3	758,36945	2273,09378	0,36		
211	NVETTVDEVDLPGKLPETPLR	231	2	GINM1_HUMAN	Q9NU53		N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); T5(HexNAc); K14(Dimethyl)	1,350	1	3	928,81818	2784,43998	-0,08		
282	SEALPTDLPASPDLTEPK	301	2	GLU2B_HUMAN	Q9NU53		N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); T5(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,350	1	3	931,50208	2792,49167	0,45		
282	SEALPTDLPASPDLTEPK	301	2	GLU2B_HUMAN	P14543		N-Term(Dimethyl); T8(HexNAc); T9(HexNAc); K14(Dimethyl)	1,349	0	3	663,67023	1988,99613	0,51		
1288	APHSHTSQPVAK	1300	2	AGRIN_HUMAN	P14543		N-Term(Dimethyl:2H(4)); T8(HexNAc); T9(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,349	0	3	666,35361	1997,04627	0,47		
63	GQGQETSGPPR	73	2	B4GT7_HUMAN	P14543		N-Term(Dimethyl:2H(4)); T8(HexNAc); T9(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,349	0	3	666,35272	1997,04361	-0,86		
649	GLTTRPGSLTNIKTEISEVK	670	3	A4_HUMAN	Q9NU53		K1(Dimethyl:2H(4)); N-Term(Dimethyl:2H(4)); T8(HexNAc); T9(HexNAc); T10(HexNAc); S11(HexNAc)	1,348	1	3	838,44916	2513,33292	0,34		
31	AGQPPTAAAAAQR	44	6	AT5S_HUMAN	Q727G0		N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); K2(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); T7(HexNAc); S8(HexNAc); T11(HexNAc); T13(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))	1,347	1	4	726,38531	2902,51943	1,32		
137	AVSTAHPPTGK	147	2	COCH_HUMAN	Q9NU53		N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); T5(HexNAc); K14(Dimethyl)	1,347	1	2	1046,03345	2091,05962	0,21		
588	GTTATLHCGATHDPR	602	4	SDK1_HUMAN	Q14118		N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc); S6(HexNAc)	1,346	1	3	644,67010	1931,99576	-0,01		
191	CEQDRPSPTTAPPAPPSPSPSPVPK	215	5	LAMP1_HUMAN	O00468		N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T3(HexNAc); S9(HexNAc); S10(HexNAc); T13(HexNAc)	1,345	1	3	853,42432	2558,25840	0,64		
39	ATTTTTAGAEAAEQGFR	57	1	CBPD_HUMAN	P13611		N-Term(Dimethyl:2H(4)); M2(Oxidation); T5(HexNAc)	1,344	0	2	807,87769	1614,74809	0,93		
1940	EYSTVSHPIAK	1950	5	CSPG2_HUMAN	O00592		N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); S4(HexNAc); T5(HexNAc); S13(HexNAc); S14(HexNAc); K23(Dimethyl:2H(4))	1,344	0	5	662,52283	3308,58503	1,08		
195	KESVSSLQTTSQYLIR	210	4	GINM1_HUMAN	Q9NU53		N-Term(Dimethyl); K1(Dimethyl); S6(HexNAc); T9(HexNAc); T10(HexNAc)	1,343	1	3	903,45996	2708,36533	1,52		

							S11(HexNAc)							
342	YSEFFTGSK	350	4	CAB45_HUMAN	Q9NU53		K1(Dimethyl:2H(4)); N-Term(Dimethyl:2H(4)); S6(HexNAc); T9(HexNAc); T10(HexNAc); S11(HexNAc)	1,343	1	3	906,14276	2716,41373	0,85	
59	AGPAARPEPTAER	72	1	F132B_HUMAN	Q4G0M1		N-Term(Dimethyl); T11(HexNAc)	1,342	0	3	550,95331	1650,84537	0,43	
1940	EYVTVSHPIAK	1950	1	CSPG2_HUMAN	Q4G0M1		N-Term(Dimethyl:2H(4)); T11(HexNAc)	1,342	0	3	552,29407	1654,86765	-1,28	
213	SSASAAPSQAEPACPPR	229	1	ORAI3_HUMAN	P19021		N-Term(Dimethyl:2H(4)); K4(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc); K12(Dimethyl:2H(4))	1,342	0	3	564,31622	1690,93412	1,15	
366	TTGPSEDAGGDSLVEK	381	1	LRP11_HUMAN	P13611		N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc)	1,341	0	3	622,98279	1866,93381	-0,21	
1684	VPATTIYVSEQPSAK	1699	3	CSPG2_HUMAN	P18433		N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T3(HexNAc); T11(HexNAc)	1,341	0	3	603,98242	1809,93271	-0,07	
726	RVPSEAPPTEVDRDPEK	743	5	DAG1_HUMAN	P11279		N-Term(Dimethyl); C1(Carbamidomethyl); T9(HexNAc); T10(HexNAc); S17(HexNAc); S19(HexNAc); S21(HexNAc); S21(HexNAc); K25(Dimethyl)	1,340	0	5	734,55164	3668,72907	0,83	
726	RVPSEAPPTEVDRDPEK	743	5	DAG1_HUMAN	P11279		N-Term(Dimethyl:2H(4)); C1(Carbamidomethyl); T9(HexNAc); T10(HexNAc); S17(HexNAc); S19(HexNAc); S21(HexNAc); K25(Dimethyl:2H(4))	1,340	0	5	736,16138	3676,77778	0,42	
726	RVPSEAPPTEVDRDPEK	743	5	DAG1_HUMAN	P11279		N-Term(Dimethyl:2H(4)); C1(Carbamidomethyl); T9(HexNAc); T10(HexNAc); S17(HexNAc); S19(HexNAc); S21(HexNAc); K25(Dimethyl:2H(4))	1,340	0	5	736,16241	3676,78297	1,83	
416	TIISTSTTSQK	427	1	LPHN2_HUMAN	P23471		N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); K4(Dimethyl:2H(4)); K9(Dimethyl:2H(4))	1,339	1	3	441,60358	1322,79618	0,46	
237	ETHEVPSSTYVFK	249	4	TNR21_HUMAN	Q96D89		N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); T10(HexNAc); K12(Dimethyl); S13(HexNAc); T14(HexNAc); K15(Dimethyl)	1,338	1	4	631,06232	2521,22744	-0,68	
1417	VTTVFKDPEAAEAR	1430	4	CSPG2_HUMAN	Q96D89		N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); T10(HexNAc); K12(Dimethyl:2H(4)); S13(HexNAc); T14(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))	1,338	1	4	634,08228	2533,30727	1,10	
97	AAHPDTTTTLSEKPSSTDV	117	4	FXDY5_HUMAN	Q96D89		N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); T10(HexNAc); K12(Dimethyl:2H(4)); S13(HexNAc); T14(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))	1,338	1	4	634,08167	2533,30483	0,14	
100	SSPWQPPPLQQR	112	1	CHSS3_HUMAN	Q8IY52		N-Term(Dimethyl); T10(HexNAc); K16(Dimethyl)	1,338	0	3	579,66510	1736,98075	0,80	
403	FQSPYEEQLQQR	415	1	GOL14_HUMAN	Q8IY52		N-Term(Dimethyl:2H(4)); T10(HexNAc); K16(Dimethyl:2H(4))	1,338	0	3	582,34851	1745,03098	0,80	
70	SSAEQTPEDTPNK	83	1	TGON2_HUMAN	O43493		N-Term(Dimethyl); K15(Dimethyl); K14(Dimethyl)	1,337	0	2	867,40894	1733,81059	1,70	
200	GSLGDSGKHETVNQEEK	217	1	EFNB1_HUMAN	O43493		N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,337	0	2	871,43292	1741,85857	0,41	
824	IDETGSTRPGVEGEGDKNISR	845	4	NRP1_HUMAN	Q96F05		N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); T3(HexNAc); T6(HexNAc); T9(HexNAc)	1,336	0	3	620,31781	1858,93888	0,49	
125	KPTVQPSPTTSK	137	4	MUC24_HUMAN	P05067		N-Term(Dimethyl:2H(4)); K4(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc); T8(HexNAc); S11(HexNAc); T12(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	1,335	2	4	938,97217	3752,86684	0,39	
2453	QESSTTFVSDGSLKHPVPSAK	2475	4	CSPG2_HUMAN	P13611		N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc); S9(HexNAc); S12(HexNAc); K15(Dimethyl); S21(HexNAc); K23(Dimethyl)	1,334	1	4	839,90582	3356,60146	0,32	
359	EFHGGPDPTDTPARGEQADVASSPPESSFKQ	389	4	ERP44_HUMAN	P13611		N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc); T6(HexNAc); S12(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4)); S21(HexNAc); K23(Dimethyl:2H(4))	1,334	1	4	842,92456	3368,67641	0,21	
176	NKDPTRRPELEAGTN	190	3	EFNB2_HUMAN	Q9NPF0		N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T4(HexNAc); S15(HexNAc); C16(Carbamidomethyl); K20(Dimethyl)	1,334	0	3	852,06213	2554,17185	0,20	
83	GPLVTDPEHKSTK	96	3	FXDY5_HUMAN	Q9NPF0		N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); T4(HexNAc); S15(HexNAc); C16(Carbamidomethyl); K20(Dimethyl:2H(4))	1,334	0	3	854,74603	2562,22354	0,78	

176	NKDPTRRPELEAGTN	190	3	EFNB2_HUMAN	Q9NPF0	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); T4(HexNAc); S15(HexNAc); C16(Carbamidomethyl); K20(Dimethyl:2H(4))	1,334	0	3	854,74713	2562,22684	2,07
647	TTELAKTTQAPHR	659	3	TARSH_HUMAN	P01130	N-Term(Dimethyl:2H(4)); C2(Carbamidomethyl); T12(HexNAc); T15(HexNAc); T17(HexNAc)	1,333	0	3	889,09003	2665,25553	0,31
110	GGSSGNPTTIESPK	124	2	PODXL_HUMAN	P98172	N-Term(Dimethyl); S6(HexNAc); K9(Dimethyl); T12(HexNAc); K18(Dimethyl)	1,333	1	4	605,78870	2420,13296	0,73
122	STAKPTVQSPSTTSK	137	2	MUC24_HUMAN	Q9NU53	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); T5(HexNAc); K14(Dimethyl)	1,332	1	3	697,69171	2091,06058	0,67
135	GQAVSTAHPTTGK	147	2	COCH_HUMAN	Q9NU53	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); T5(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,332	1	3	700,37463	2099,10935	-0,03
191	QPTSTHPVATPTSSGHDHLMK	211	6	PODXL_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); S4(HexNAc); T5(HexNAc); T10(HexNAc); S13(HexNAc); S14(HexNAc); M20(Oxidation); K21(Dimethyl)	1,331	0	4	880,65778	3519,60927	1,07
191	QPTSTHPVATPTSSGHDHLMK	211	6	PODXL_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); S4(HexNAc); T5(HexNAc); T10(HexNAc); S13(HexNAc); S14(HexNAc); M20(Oxidation); K21(Dimethyl:2H(4))	1,331	0	4	882,67041	3527,65981	1,15
282	SEALPTDLPASPDLTEPK	301	1	GLU2B_HUMAN	P14314	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); K20(Dimethyl)	1,330	0	2	1154,59448	2308,18169	0,42
428	GPMSTVAGSQEGSK	442	4	LPHN2_HUMAN	O95490	N-Term(Dimethyl); M3(Oxidation); S4(HexNAc); T5(HexNAc); S10(HexNAc); S14(HexNAc); K15(Dimethyl)	1,329	0	3	774,35297	2321,04435	0,29
110	GGSSGNPTTIESPKSTK	127	4	PODXL_HUMAN	O95490	N-Term(Dimethyl:2H(4)); M3(Oxidation); S4(HexNAc); T5(HexNAc); S10(HexNAc); S14(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))	1,329	0	3	777,03687	2329,09604	0,93
224	VIKPTSSNTAQGR	236	4	TICN1_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T12(HexNAc); T13(HexNAc); S22(HexNAc); K24(Dimethyl)	1,328	0	4	881,44086	3522,74160	0,40
1273	ATTASRLPSSAVTPR	1287	4	AGRIN_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T12(HexNAc); T13(HexNAc); S22(HexNAc); K24(Dimethyl:2H(4))	1,328	0	4	883,45349	3530,79213	0,49
205	DFSLTSSSQPTGATK	219	2	PDXL2_HUMAN	Q9BRK5	N-Term(Dimethyl); S2(HexNAc); S8(HexNAc); K9(Dimethyl)	1,327	0	2	764,35944	1527,71160	0,96
468	YQSTLPWR	475	2	SUSD5_HUMAN	Q9BRK5	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S2(HexNAc); S8(HexNAc); K9(Dimethyl:2H(4))	1,327	0	2	768,38391	1535,76055	0,13
58	QAPHQTLAAR	67	1	LAMP3_HUMAN	Q9UQV4	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc)	1,327	0	3	441,90530	1323,70136	-0,17
239	TQGTVPVHLNVR	249	2	MA1B1_HUMAN	Q9UKM7	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); T4(HexNAc)	1,327	0	3	573,95667	1719,85544	0,35
331	LPTTVLNATAK	341	2	YIPF3_HUMAN	Q9UKM7	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T4(HexNAc)	1,327	0	3	575,29865	1723,88138	0,83
485	ILSGTSSSQPIQPK	499	3	CBPD_HUMAN	P23470	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); K9(Dimethyl); T11(HexNAc); S12(HexNAc)	1,327	1	2	1022,00427	2043,00127	-0,19
485	ILSGTSSSQPIQPK	499	3	CBPD_HUMAN	P23470	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); K9(Dimethyl:2H(4)); T11(HexNAc); S12(HexNAc)	1,327	1	2	1026,03027	2051,05327	0,69
342	DVTENLETQVVEVR	355	2	CR3L4_HUMAN	Q8TEY5	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T8(HexNAc)	1,326	0	3	684,99982	2052,98490	1,42
1565	ATEVTFGEEVEK	1576	2	CSPG2_HUMAN	Q8TEY5	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T8(HexNAc)	1,326	0	3	686,34125	2057,00919	1,02
70	SSAEAQTPEDTPNK	83	3	TGON2_HUMAN	O43493	S1(HexNAc); N-Term(Dimethyl); S2(HexNAc); T7(HexNAc); K14(Dimethyl)	1,323	0	3	713,99445	2139,96878	1,12
70	SSAEAQTPEDTPNK	83	3	TGON2_HUMAN	O43493	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc); S2(HexNAc); T7(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,323	0	3	716,67737	2148,01755	0,44
282	SEALPTDLPASPDLTEPK	301	1	GLU2B_HUMAN	P14314	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); K20(Dimethyl)	1,322	0	3	770,06641	2308,18467	1,71
70	SSAEAQTPEDTPNK	83	1	TGON2_HUMAN	P14314	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); K20(Dimethyl:2H(4))	1,322	0	3	772,74872	2316,23160	0,29
26	DTTSSSSADSTIMDIQVPTR	45	2	FXDY5_HUMAN	Q9NS64	N-Term(Dimethyl:2H(4)); C1(Carbamidomethyl); C2(Carbamidomethyl); T3(HexNAc); T9(HexNAc)	1,321	0	3	903,71887	2709,14206	-0,76
249	YTHLAFSTPAEGAS	263	3	UPK3L_HUMAN	Q9NU53	N-Term(Dimethyl); S5(HexNAc); T8(HexNAc); S10(HexNAc)	1,320	0	3	783,72412	2349,15781	0,95

411	FSQFLGDPVEK	421	3	K0494_HUMAN	Q9NU53	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S5(HexNAc); T8(HexNAc); S10(HexNAc)	1,320	0	3	785,06531	2353,18137	0,29
176	NKDPTRRPELEAGTNGR	192	2	EFNB2_HUMAN	P52799	N-Term(Dimethyl); K2(Dimethyl); T5(HexNAc); T14(HexNAc)	1,320	2	4	594,05609	2373,20254	0,83
337	AATERPLGPPTER	349	2	NID1_HUMAN	P52799	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K2(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc); T14(HexNAc)	1,320	2	4	596,06866	2381,25283	0,86
62	VTEGPIPEVLK	72	2	CATD_HUMAN	Q9NU53	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); S11(HexNAc)	1,319	0	3	767,05853	2299,16104	0,34
210	GAVIEPEQGTPLSR	224	2	MA1B1_HUMAN	Q9UKM7	N-Term(Dimethyl); T10(HexNAc); S14(HexNAc)	1,319	0	3	673,00439	2016,99863	0,68
478	FTASSSSGMVPK	489	3	NRX3B_HUMAN	P19021	N-Term(Dimethyl); S3(HexNAc); T4(HexNAc); S10(HexNAc)	1,318	0	3	631,33374	1891,98667	0,38
191	CEQDRPSPTTAPPSPSPSPVPK	215	3	LAMP1_HUMAN	P19021	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S3(HexNAc); T4(HexNAc); S10(HexNAc)	1,318	0	3	632,67560	1896,01224	0,63
282	SEALPTDLPAAPSADLTEPK	301	1	GLU2B_HUMAN	P14314	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); K20(Dimethyl)	1,317	0	3	770,06635	2308,18448	1,63
282	SEALPTDLPAAPSADLTEPK	301	1	GLU2B_HUMAN	P14314	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); K20(Dimethyl)	1,317	0	3	770,06598	2308,18338	1,15
282	SEALPTDLPAAPSADLTEPK	301	1	GLU2B_HUMAN	P14314	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); K20(Dimethyl)	1,317	0	3	770,06549	2308,18192	0,52
282	SEALPTDLPAAPSADLTEPK	301	1	GLU2B_HUMAN	P14314	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); K20(Dimethyl:2H(4))	1,317	0	3	772,74829	2316,23032	-0,27
323	LSFGLDEPLETATKEN	339	1	ERLN2_HUMAN	P14314	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); K20(Dimethyl:2H(4))	1,317	0	3	772,74878	2316,23178	0,37
359	SAAYPEDLFIDK	370	1	GPC3_HUMAN	P14314	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); K20(Dimethyl:2H(4))	1,317	0	3	772,74915	2316,23288	0,84
485	ILSGTSSSYQPIQPK	499	3	CBPD_HUMAN	P23470	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); K9(Dimethyl); T11(HexNAc); S12(HexNAc)	1,314	1	3	681,67285	2043,00400	1,15
77	ILLTSAAPKVETTLN	92	3	SDC2_HUMAN	P23470	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); K9(Dimethyl:2H(4)); T11(HexNAc); S12(HexNAc)	1,314	1	3	684,35577	2051,05277	0,44
1565	ATEVTFGEEVEK	1576	1	CSPG2_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); K12(Dimethyl)	1,314	0	2	799,39624	1597,78520	0,51
649	GLTTRPGSLTNIKTEIESEVK	670	1	A4_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); K12(Dimethyl:2H(4))	1,314	0	2	803,42072	1605,83415	-0,28
587	LEVLGCDWTDKSKPTVETLGPVTK	609	4	NRP2_HUMAN	Q8I2A0	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T9(HexNAc); T10(HexNAc); S17(HexNAc); K21(Dimethyl)	1,313	0	3	980,83698	2940,49637	1,37
295	GTMSDKETIDVWK	307	1	APLP2_HUMAN	O75487;Q9Y625	N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc)	1,310	0	3	578,95496	1734,85031	-0,12
86	VETITLNIQNKIPAQTK	102	2	SDC2_HUMAN	Q9BRK5	N-Term(Dimethyl); S2(HexNAc); S8(HexNAc); K9(Dimethyl)	1,310	0	2	764,35950	1527,71172	1,04
18	VPLLATESVK	27	2	TGON2_HUMAN	Q9BRK5	N-Term(Dimethyl:2H(4)); Y1(HexNAc); T6(HexNAc); K9(Dimethyl:2H(4))	1,310	0	2	768,38434	1535,76140	0,69
18	LEVPTDGNAGLLAEPQIAMFCGR	40	4	A4_HUMAN	P25101	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); T9(HexNAc); T10(HexNAc); T14(HexNAc)	1,308	0	3	868,09851	2602,28098	0,07
342	DVTENLETQVRESR	355	2	CR3L4_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); T7(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	1,305	1	3	927,77332	2781,30539	0,60
324	ATDEEPLGLPK	334	1	RTN4R_HUMAN	Q9B2R6	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); K11(Dimethyl)	1,305	0	2	714,87767	1428,74805	0,82
191	QPTSTHPVATPTSSGHDHLMK	211	6	PODXL_HUMAN	O00468	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); T3(HexNAc); S5(HexNAc); S9(HexNAc); S10(HexNAc); T13(HexNAc)	1,305	1	3	922,45892	2765,36222	0,35
331	LPTTVLNATAK	341	3	YIPF3_HUMAN	P28300	N-Term(Dimethyl); S8(HexNAc); T9(HexNAc); S10(HexNAc)	1,304	0	3	659,63470	1976,88956	1,16
123	HWFQAGYSTSR	133	3	LYOX_HUMAN	P28300	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S8(HexNAc); T9(HexNAc); S10(HexNAc)	1,304	0	3	660,97607	1980,91367	0,66
306	ITAPTLPAGNSTAVVPTPTPPSK	328	3	SERC3_HUMAN	O95502	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S4(HexNAc); S11(HexNAc); S19(HexNAc); K20(Dimethyl:2H(4))	1,303	0	3	863,80859	2589,41123	0,08
191	QPTSTHPVATPTSSGHDHLMK	211	3	PODXL_HUMAN	P01130	N-Term(Dimethyl); K2(Dimethyl); S4(HexNAc); S5(HexNAc); T6(HexNAc)	1,301	1	3	542,63348	1625,88590	0,91
1676	IITESFFVEVATTIIVSEQPSAK	1699	2	CSPG2_HUMAN	P98164	N-Term(Dimethyl:2H(4)); C8(Carbamidomethyl); T13(HexNAc); T18(HexNAc); C21(Carbamidomethyl); C28(Carbamidomethyl); K29(Dimethyl:2H(4))	1,301	0	4	944,93707	3776,72646	1,25
282	SEALPTDLPAAPSADLTEPK	301	1	GLU2B_HUMAN	P14314	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); K20(Dimethyl)	1,300	0	3	770,06512	2308,18082	0,04

359	SAYYPEDLFDKDK	371	1	GPC2_HUMAN	P14314	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); K20(Dimethyl)	1,300	0	3	770,06573	2308,18265	0,83
359	SAYYPEDLFDKDK	371	1	GPC2_HUMAN	P14314	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); K20(Dimethyl:2H(4))	1,300	0	3	772,74872	2316,23160	0,29
214	AGQDVLHLPTDGVVLDGR	232	1	LRP11_HUMAN	P14314	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); K20(Dimethyl:2H(4))	1,300	0	3	772,74878	2316,23178	0,37
663	TEEISEVK	670	1	A4_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); K8(Dimethyl)	1,300	0	2	597,31128	1193,61528	0,42
824	IDETGSPGYEGEGEDKNISR	845	4	NRP1_HUMAN	Q96F05	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T3(HexNAc); T6(HexNAc); T8(HexNAc)	1,300	0	2	931,98578	1862,96428	0,64
191	QPTSTHPVATPTSSGHDLMK	211	4	PODXL_HUMAN	Q6UW12	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc); S7(HexNAc); K9(Dimethyl:2H(4))	1,299	0	2	882,46112	1763,91496	0,76
634	LYGSAGPPTTGEEDTAEKDEL	654	4	GRP78_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4)); T15(HexNAc); K22(Dimethyl:2H(4))	1,298	1	4	810,44165	3238,74477	0,55
211	NVETTVDEVDLPGKLPETPLR	231	1	GINM1_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); K12(Dimethyl)	1,297	0	2	758,43024	1515,85320	1,00
127	AGSIEDTSQAQELNPLSPLK	148	1	PDXL2_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); K12(Dimethyl:2H(4))	1,297	0	2	762,45526	1523,90325	0,88
70	SSAEAQTPEDTPNK	83	3	TGON2_HUMAN	O43493	S1(HexNAc); N-Term(Dimethyl); S2(HexNAc); T7(HexNAc); K14(Dimethyl)	1,296	0	3	713,99420	2139,96805	0,78
200	GSLGSDSGKHETVNQEEK	217	3	EFNB1_HUMAN	O43493	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc); S2(HexNAc); T7(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,296	0	3	716,67773	2148,01865	0,95
287	SLTSKVPPTVQKPTTV	302	4	DAF_HUMAN	P18433	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T3(HexNAc); S7(HexNAc); T11(HexNAc)	1,295	0	3	671,67615	2013,01389	0,83
123	QRLPEPATLGF SAR	136	2	NPDC1_HUMAN	Q9NQX5	N-Term(Dimethyl); T8(HexNAc); S12(HexNAc)	1,295	1	3	659,68188	1977,03110	1,15
345	SLTVSLGPKVSTEGFPK	361	2	HEG1_HUMAN	Q9NQX5	N-Term(Dimethyl); T8(HexNAc); S12(HexNAc)	1,295	1	3	659,68158	1977,03019	0,69
123	QRLPEPATLGF SAR	136	2	NPDC1_HUMAN	Q9NQX5	N-Term(Dimethyl); T8(HexNAc); S12(HexNAc)	1,295	1	3	659,68140	1977,02964	0,41
906	VIVDATTGLIPLTSVPTSAK	925	2	HEG1_HUMAN	Q9NQX5	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T8(HexNAc); S12(HexNAc)	1,295	1	3	661,02271	1981,05356	-0,19
374	GAIQITPLGPIQPTR	389	2	DAG1_HUMAN	Q9NQX5	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T8(HexNAc); S12(HexNAc)	1,295	1	3	661,02313	1981,05484	0,46
19	EVPTDGNAGLAEPAQIAMFCGR	40	4	A4_HUMAN	Q6UW12	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); S6(HexNAc); T8(HexNAc); S10(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,295	0	3	757,75726	2271,25724	0,67
110	GGSGNPTTITIEPKSTK	127	5	PODXL_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl); T8(HexNAc); T9(HexNAc); T10(HexNAc); K15(Dimethyl); S16(HexNAc); T17(HexNAc); K18(Dimethyl)	1,294	1	3	940,12097	2818,34836	0,70
2252	MVYHSPGEGEGASERIEETMSVHDIMK	2278	5	ANK3_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T8(HexNAc); T9(HexNAc); T10(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4)); S16(HexNAc); T17(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	1,294	1	3	944,14599	2830,42343	0,61
136	SGPSDGPAPYQPR	149	3	PRRT4_HUMAN	P02751	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); T7(HexNAc); T15(HexNAc)	1,294	0	3	835,73206	2505,18161	1,55
649	GLTTRPGSLTNIKTEEISEVK	670	4	A4_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl); T15(HexNAc); K22(Dimethyl)	1,292	1	3	1076,22839	3226,67063	0,91
123	QRLPEPATLGF SAR	136	1	NPDC1_HUMAN	Q9NQX5	N-Term(Dimethyl); T8(HexNAc)	1,288	1	3	591,98816	1773,94992	0,26
125	LPEPATLGF SAR	136	1	NPDC1_HUMAN	Q9NQX5	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T8(HexNAc)	1,288	1	3	593,32965	1777,97440	-0,09
211	NVETTVDEVDLPGK	224	2	GINM1_HUMAN	Q9NUS3	N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc); T5(HexNAc); K14(Dimethyl)	1,288	0	2	989,49158	1977,97588	0,38
454	IPVAPPTAASSVEEPEDCDSYCK	477	2	NET1_HUMAN	Q9NUS3	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); T5(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,288	0	2	993,51599	1986,02471	-0,31
101	LAGTESPVR	109	3	TFR1_HUMAN	P01130	N-Term(Dimethyl); K2(Dimethyl); S4(HexNAc); S5(HexNAc); T6(HexNAc)	1,288	1	3	542,63312	1625,88480	0,23
282	SEALPTDLPAPSAPDLTEPK	301	3	GLU2B_HUMAN	Q9ULL3	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S5(HexNAc); T12(HexNAc); T17(HexNAc)	1,287	0	3	932,11731	2794,33738	-1,49
1940	EYSTVSHPIAK	1950	2	CSPG2_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl); S3(HexNAc); S6(HexNAc); K11(Dimethyl)	1,286	0	2	847,43042	1693,85356	0,27

65	AQSMETLPPGK	75	2	GALT2_HUMAN	Q10471	N-Term(Dimethyl); S3(HexNAc); M4(Oxidation); T6(HexNAc); K11(Dimethyl)	1,286	0	2	818,90314	1636,79900	0,20
337	AATERPLGPPTER	349	2	NID1_HUMAN	Q10471	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S3(HexNAc); M4(Oxidation); T6(HexNAc); K11(Dimethyl:2H(4))	1,286	0	2	822,92786	1644,84844	-0,27
672	DISTNYYASQK	682	3	ENPL_HUMAN	Q96F05	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T6(HexNAc); T9(HexNAc)	1,285	0	2	830,44580	1659,88432	0,37
78	LEGTGDLVDPETHKSTK	96	1	FXYS_HUMAN	P98164	N-Term(Dimethyl:2H(4)); C8(Carbamidomethyl); T13(HexNAc)	1,285	0	2	882,40644	1763,80561	0,07
101	LAGTESPVREEGDFPAAR	120	1	TFR1_HUMAN	P02786	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc)	1,285	1	3	787,05255	2359,14310	0,75
634	LYGSAGPPPTGEEDTAEKDEL	654	1	GRP78_HUMAN	P02786	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc)	1,285	1	3	788,39349	2363,16593	-0,22
282	SEALPTDLPAAPDLTEPK	301	1	GLU2B_HUMAN	P14314	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); K20(Dimethyl)	1,284	0	3	770,06531	2308,18137	0,28
108	TCSQDEFK	115	1	LDLR_HUMAN	P01130	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); C2(Carbamidomethyl)	1,284	0	2	637,27216	1273,53703	0,38
200	GSLGSDGKHEVTNQEEK	217	1	EFNB1_HUMAN	P01130	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); C2(Carbamidomethyl)	1,284	0	2	639,28479	1277,56230	0,51
373	TVYPAQGGWPAPVK	387	4	FLRT3_HUMAN	O00468	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T6(HexNAc); S7(HexNAc); T15(HexNAc)	1,283	0	3	794,06903	2380,19254	0,39
73	TQTQLEGTGDLVDPETHKSTK	96	1	FXYS_HUMAN	P98164	N-Term(Dimethyl); C8(Carbamidomethyl); T13(HexNAc)	1,282	0	3	587,26532	1759,78141	0,58
78	LEGTGDLVDPETHKSTK	96	1	FXYS_HUMAN	P98164	N-Term(Dimethyl:2H(4)); C8(Carbamidomethyl); T13(HexNAc)	1,282	0	3	588,60681	1763,80588	0,22
824	IDETGTPGYEGEGEDKNISK	845	2	NRP1_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); T7(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	1,278	1	4	696,08240	2781,30776	1,45
587	LEVLGCDWTDKPTVETLGPVK	609	1	NRP2_HUMAN	P27824	N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc)	1,278	0	3	667,98718	2001,94699	1,45
1676	IITSEFVEVATTIYVSEQPSAK	1699	1	CSPG2_HUMAN	P27824	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc)	1,278	0	3	669,32770	2005,96854	-0,33
338	VIVGNTDGGSPGVGK	353	2	SUSD5_HUMAN	O95631	N-Term(Dimethyl); T7(HexNAc); T8(HexNAc); C19(Carbamidomethyl); C23(Carbamidomethyl); K24(Dimethyl)	1,278	0	4	772,09896	3085,37403	-0,41
282	SEALPTDLPAAPDLTEPK	301	2	GLU2B_HUMAN	O95631	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc); T8(HexNAc); C19(Carbamidomethyl); C23(Carbamidomethyl); K24(Dimethyl:2H(4))	1,278	0	4	774,11340	3093,43178	2,03
140	SGAEAQTPEDSPNR	153	2	TGON2_HUMAN	O43493	N-Term(Dimethyl); S1(HexNAc); S11(HexNAc)	1,277	0	3	631,61688	1892,83609	0,23
70	SSAEAQTPEDTPNK	83	2	TGON2_HUMAN	O43493	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc); S11(HexNAc)	1,277	0	3	632,95825	1896,86020	-0,30
713	FITVNPAAKNTSG	725	4	PTPRG_HUMAN	P18433	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T3(HexNAc); S7(HexNAc); T11(HexNAc)	1,275	0	3	671,67615	2013,01389	0,83
597	SKPTVETLGPVK	609	4	NRP2_HUMAN	P18433	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); T3(HexNAc); S7(HexNAc); T11(HexNAc)	1,275	0	3	673,01794	2017,03928	0,97
19	EVPTDGNAGLLAEPQIAMFCGR	40	5	A4_HUMAN	Q9NPF0	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T2(HexNAc); T8(HexNAc); S11(HexNAc); S14(HexNAc)	1,275	0	3	912,78479	2736,33982	-0,84
205	DFSLTSSSQTPGATK	219	2	PDXL2_HUMAN	Q9GZM5	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); T9(HexNAc); K11(Dimethyl:2H(4))	1,275	0	2	799,97150	1598,93572	1,13
127	AGSIEDTSQAQELNLPSP	145	1	PDXL2_HUMAN	O60279	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); K12(Dimethyl)	1,275	0	2	798,95898	1596,91069	0,73
125	KPTVQPSPTTSK	137	1	MUC24_HUMAN	O60279	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); K12(Dimethyl:2H(4))	1,275	0	2	802,98364	1604,96001	0,16
588	SPTNTTPHVPAEGPEASRPCK	608	4	QSOX1_HUMAN	O00391	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T5(HexNAc); T6(HexNAc); S17(HexNAc); K21(Dimethyl)	1,275	0	4	760,37317	3038,47085	0,64
588	SPTNTTPHVPAEGPEASRPCK	608	4	QSOX1_HUMAN	O00391	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T5(HexNAc); T6(HexNAc); S17(HexNAc); K21(Dimethyl)	1,275	0	4	760,37299	3038,47011	0,39
66	AHTPPGNAEVTTPNIK	81	4	LRC8D_HUMAN	O00391	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T5(HexNAc); T6(HexNAc); S17(HexNAc); K21(Dimethyl:2H(4))	1,275	0	4	762,38531	3046,51943	0,10
191	CEQDRPSPTTAPPAPSPSPVPK	215	4	LAMP1_HUMAN	O00391	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T5(HexNAc); T6(HexNAc); S17(HexNAc); K21(Dimethyl:2H(4))	1,275	0	4	762,38531	3046,51943	0,10
634	LYGSAGPPPTGEEDTAEKDEL	654	1	GRP78_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); K8(Dimethyl)	1,271	0	2	598,32684	1195,64641	0,60

442	YSSDYFQAPSDYR	454	1	LG3BP_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); K8(Dimethyl:2H(4))	1,271	0	2	602,35266	1203,69805	1,78
95	APEPTGGLTAVTPNGVR	113	4	SE6L2_HUMAN	Q6JXD5	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); T10(HexNAc); T11(HexNAc); T14(HexNAc)	1,269	0	3	893,77539	2679,31162	0,77
258	ALRPATTQEPDIPER	273	4	SDC3_HUMAN	Q6JXD5	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); T10(HexNAc); T11(HexNAc); T14(HexNAc)	1,269	0	3	895,11707	2683,33664	0,74
271	TRPTSTNLEHLGHETPR	288	1	GNPTG_HUMAN	P98164	N-Term(Dimethyl:2H(4)); C8(Carbamidomethyl); T13(HexNAc)	1,267	0	2	882,40673	1763,80619	0,40
191	MATQAPGSR	199	2	EFNB1_HUMAN	Q6ZRP7	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S14(HexNAc); S15(HexNAc)	1,266	0	3	908,41492	2723,23020	-0,53
258	ALRPATTQEPDIPER	273	3	SDC3_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); T7(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4)); S21(HexNAc)	1,266	1	4	746,85059	2984,38051	-0,86
374	GAIQTPTLGPPIQPTR	389	1	DAG1_HUMAN	P29279	N-Term(Dimethyl); T10(HexNAc); M11(Oxidation)	1,264	0	2	869,91449	1738,82170	0,70
931	LGVTAEYSPASR	942	3	HEG1_HUMAN	Q9ULI3	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); S8(HexNAc); S11(HexNAc)	1,264	0	3	631,31592	1891,93320	0,57
476	FITEESPMATLSVELT	491	1	SUSD5_HUMAN	Q9NU53	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); K11(Dimethyl)	1,263	1	3	747,07458	2239,20920	1,04
587	LEVLCGDWTDKPTVE	602	1	NRP2_HUMAN	Q9NU53	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); K11(Dimethyl:2H(4))	1,263	1	3	749,75757	2247,25815	0,47
342	AVAVTLQSH	350	3	YIPF3_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); S6(HexNAc); K18(Dimethyl); S21(HexNAc)	1,263	1	3	992,78247	2976,33286	-0,01
824	IDETGSTPGYEGEGEDKNISR	845	3	NRP1_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); T7(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4)); S21(HexNAc)	1,263	1	3	995,46649	2984,38492	0,61
342	YSEFTGSK	350	3	CAB45_HUMAN	Q9ULI3	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); T6(HexNAc); T9(HexNAc)	1,263	0	3	709,33777	2125,99875	1,36
789	VITESKSPSLVSLPTESTK	807	3	HEG1_HUMAN	Q9ULI3	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T6(HexNAc); T9(HexNAc)	1,263	0	3	710,67932	2130,02341	1,14
86	VETTLNIQNK	96	2	SDC2_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); T5(HexNAc); K14(Dimethyl)	1,262	0	3	662,99384	1986,96695	0,71
205	ASLAEIAGR	213	2	PRRT4_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T5(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,262	0	3	665,67676	1995,01572	-0,02
215	LTTSGSAEVHK	225	4	K319L_HUMAN	O00391	T1(HexNAc); N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T6(HexNAc); T7(HexNAc); K10(Dimethyl)	1,261	0	2	936,46490	1871,92253	0,29
162	SSHVITDLTSTKAHLT	179	3	PODXL_HUMAN	O43405	N-Term(Dimethyl); S5(HexNAc); T6(HexNAc); T11(HexNAc); K13(Dimethyl)	1,260	0	3	639,32178	1915,95078	0,64
1026	TTASVPRITTV	1035	3	AGRIN_HUMAN	O43405	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S5(HexNAc); T6(HexNAc); T11(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4))	1,260	0	3	642,00562	1924,00229	1,31
323	LSFGLEDEPLETATEN	339	1	ERLN2_HUMAN	O94905	N-Term(Dimethyl); T14(HexNAc); K15(Dimethyl)	1,260	1	3	718,02338	2152,05558	0,53
480	IRTTSGVPR	489	1	DAG1_HUMAN	O94905	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T14(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))	1,260	1	3	720,70685	2160,10599	0,62
328	TMHVATVFTDGGPR	341	4	HEG1_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl); T15(HexNAc); K22(Dimethyl)	1,259	1	4	807,42261	3226,66860	0,28
205	DFSLTSSSQTPGATK	219	4	PDXL2_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4)); T15(HexNAc); K22(Dimethyl:2H(4))	1,259	1	4	810,44189	3238,74575	0,85
191	CEQDRPSPTTAPPAPSPSPVPK	215	5	LAMP1_HUMAN	P11279	N-Term(Dimethyl); C1(Carbamidomethyl); T9(HexNAc); T10(HexNAc); S17(HexNAc); S19(HexNAc); S21(HexNAc); K25(Dimethyl)	1,258	0	5	734,55170	3668,72938	0,92
191	CEQDRPSPTTAPPAPSPSPVPK	215	5	LAMP1_HUMAN	P11279	N-Term(Dimethyl); C1(Carbamidomethyl); T9(HexNAc); T10(HexNAc); S17(HexNAc); S19(HexNAc); S21(HexNAc); K25(Dimethyl)	1,258	0	5	734,55182	3668,72999	1,08
191	CEQDRPSPTTAPPAPSPSPVPK	215	5	LAMP1_HUMAN	P11279	N-Term(Dimethyl); C1(Carbamidomethyl); T9(HexNAc); T10(HexNAc); S17(HexNAc); S19(HexNAc); S21(HexNAc); K25(Dimethyl)	1,258	0	5	734,55200	3668,73090	1,33

364	YTEISNIK	371	5	GL8D1_HUMAN	P11279	N-Term(Dimethyl:2H(4)); C1(Carbamidomethyl); T9(HexNAc); T10(HexNAc); S17(HexNAc); S19(HexNAc); S21(HexNAc); K25(Dimethyl:2H(4))	1,258	0	5	736,16199	3676,78083	1,25
654	TQDVLPTSQGVQVHK	667	5	ROBO1_HUMAN	P11279	N-Term(Dimethyl:2H(4)); C1(Carbamidomethyl); T9(HexNAc); T10(HexNAc); S17(HexNAc); S19(HexNAc); S21(HexNAc); K25(Dimethyl:2H(4))	1,258	0	5	736,16174	3676,77961	0,92
2058	STILPTAEVEGKAPVEK	2075	4	CSPG2_HUMAN	P13611	S1(HexNAc); N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T6(HexNAc); T12(HexNAc); K13(Dimethyl); K18(Dimethyl)	1,258	1	3	922,81396	2766,42734	-0,34
385	ATAPNKPALSNTKEK	400	5	LRP11_HUMAN	O00468	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); T3(HexNAc); S9(HexNAc); S10(HexNAc); T13(HexNAc)	1,257	1	3	854,76447	2562,27884	-1,18
1288	APHPSHTSQPVAK	1300	1	AGRIN_HUMAN	P14314	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); K20(Dimethyl)	1,256	0	3	770,06573	2308,18265	0,83
480	IRTTTSGVPR	489	1	DAG1_HUMAN	P14314	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); K20(Dimethyl:2H(4))	1,256	0	3	772,74896	2316,23233	0,60
127	AGSIEDTSQAQELPNLPSPLPK	148	2	PDXL2_HUMAN	Q9NU53	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); T5(HexNAc); K14(Dimethyl)	1,256	1	3	928,81873	2784,44162	0,51
303	LGLEDVGTTPFSYK	316	2	NID1_HUMAN	Q9NU53	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); T5(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,256	1	3	931,50232	2792,49240	0,71
829	STPGYEGEGEKNIKR	845	3	NRP1_HUMAN	O75509	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); S8(HexNAc); T8(HexNAc); K13(Dimethyl)	1,256	0	3	713,67920	2139,02304	0,13
80	GTDGPLVTDPECHK	93	3	FXD5_HUMAN	O75509	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); S8(HexNAc); T8(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4))	1,256	0	3	716,36383	2147,07694	1,85
2080	VSGTVSTNFPQTIEPAK	2096	2	CSPG2_HUMAN	O14668	N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc); T7(HexNAc); K8(Dimethyl)	1,252	0	2	762,36194	1523,71660	0,91
176	NKDPTRRPELAGTNGR	192	2	EFNB2_HUMAN	P52799	N-Term(Dimethyl); K2(Dimethyl); T5(HexNAc); T14(HexNAc)	1,251	2	4	594,05615	2373,20278	0,94
478	FTASSSSGMVPK	489	2	NRX3B_HUMAN	P52799	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K2(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc); T14(HexNAc)	1,251	2	4	596,06860	2381,25258	0,76
931	LGVTAEYSPASR	942	3	HEG1_HUMAN	Q9ULI3	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); S8(HexNAc); S11(HexNAc)	1,250	0	2	946,46960	1891,93193	-0,10
393	LPALVHVTQPK	404	2	SAP_HUMAN	O75056	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc); T8(HexNAc)	1,248	0	3	743,72339	2229,15561	0,37
231	AFTSTLEK	238	3	K2013_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); T8(HexNAc); T9(HexNAc); K10(Dimethyl:2H(4)); K11(Dimethyl:2H(4))	1,248	1	3	654,69879	1962,08182	0,61
370	EERPPTAAGTSLDR	383	1	GPC6_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); M19(Oxidation); C20(Carbamidomethyl)	1,248	0	3	866,42261	2597,25327	0,29
86	VETTLLNIQNK	96	1	SDC2_HUMAN	P24593	N-Term(Dimethyl); T7(HexNAc); M10(Oxidation); K18(Dimethyl)	1,247	0	3	790,67816	2370,01993	0,90
649	GLTRPGSGLTIK	662	1	A4_HUMAN	P24593	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); M10(Oxidation); K18(Dimethyl:2H(4))	1,247	0	3	793,36121	2378,06906	0,45
162	SSHSVTTDLTSTK	174	7	PODXL_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); S4(HexNAc); T5(HexNAc); T10(HexNAc); T12(HexNAc); S13(HexNAc); S14(HexNAc); M20(Oxidation); K21(Dimethyl)	1,247	0	5	745,34351	3722,68842	0,95
162	SSHSVTTDLTSTK	174	7	PODXL_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); S4(HexNAc); T5(HexNAc); T10(HexNAc); T12(HexNAc); S13(HexNAc); S14(HexNAc); M20(Oxidation); K21(Dimethyl:2H(4))	1,247	0	5	746,95270	3730,73438	-0,20
403	FQSPYEEQLEQQR	415	2	GOL14_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); T7(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	1,246	1	4	696,08221	2781,30703	1,19
285	LPTDLPAAPSADLTEPK	301	3	GLU2B_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K4(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc); T8(HexNAc); S11(HexNAc)	1,245	1	2	986,02972	1971,05217	0,69
101	LAGTESPVREEKGEFPAAR	120	2	TFR1_HUMAN	Q6P4E1	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S5(HexNAc); S9(HexNAc)	1,244	0	2	868,44727	1735,88725	-1,51

353	MVHTHAASPALPR	365	4	LRP11_HUMAN	P23470	N-Term(Dimethyl); T8(HexNAc); T17(HexNAc); T21(HexNAc); T24(HexNAc)	1,243	0	5	728,33325	3637,63715	-0.05
824	IDETGTPGYEGEGEDK	841	4	NRP1_HUMAN	P23470	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T8(HexNAc); T17(HexNAc); T21(HexNAc); T24(HexNAc)	1,243	0	5	729,13770	3641,65937	-0.85
252	GPPSSSQSIPVWPR	266	4	GPR64_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl); T15(HexNAc); K22(Dimethyl)	1,243	1	4	807,42212	3226,66665	-0.32
190	GSPSDVVTPIVQHSK	205	3	K319L_HUMAN	Q96F05	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T6(HexNAc); T9(HexNAc)	1,241	0	2	830,44635	1659,88542	1.03
330	TPSPVAHESNIWAK	343	1	PODXL_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); K8(Dimethyl)	1,240	0	3	532,27075	1594,79770	1.10
239	TQGTPLHLNVR	249	1	MA1B1_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); K8(Dimethyl:2H(4))	1,240	0	3	534,95367	1602,84647	0.19
2080	VSGTVSTNFPQTIEPAK	2096	3	CSPG2_HUMAN	P49257	N-Term(Dimethyl:2H(4)); M5(Oxidation); S10(HexNAc); T17(HexNAc); T18(HexNAc); K25(Dimethyl:2H(4))	1,240	0	4	841,17102	3361,66225	0.77
359	SAYPEDLFDK	370	1	GPC3_HUMAN	O75976	N-Term(Dimethyl); S7(HexNAc)	1,239	0	3	850,07513	2548,21085	0.70
480	IRTTTSGVPR	489	1	DAG1_HUMAN	O75976	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T8(HexNAc)	1,239	0	3	851,41718	2552,23697	1.09
118	EHEEPTTSEMAEETYSK	135	1	IBP5_HUMAN	Q9NS15	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc)	1,239	0	2	756,37256	1511,73784	0.30
649	GLTTRPGLSLNIK	662	3	A4_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl)	1,237	0	3	694,03961	2080,10428	1.08
272	EAAQTTVAPTANK	285	3	QSOX1_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,237	0	3	696,72278	2088,15378	0.73
44	QPWDHTTTTTNRPQTR	61	8	C99L2_HUMAN	Q8TC22	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); T7(HexNAc); T8(HexNAc); T9(HexNAc); T10(HexNAc); T11(HexNAc); T16(HexNAc); T17(HexNAc)	1,237	0	4	931,67145	3723,66396	0.66
462	VTTKVSITR	470	1	DAG1_HUMAN	Q08629	N-Term(Dimethyl); K3(Dimethyl); T5(HexNAc)	1,235	0	3	539,96533	1617,88144	0.47
478	FTASSSSGMVPK	489	1	NRX3B_HUMAN	Q08629	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K3(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc)	1,235	0	3	542,64886	1625,93204	0.70
100	SSPQQPPLPQR	112	1	CHSS3_HUMAN	O00391	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); K7(Dimethyl)	1,234	0	2	537,31598	1073,62468	0.48
634	LYGSAGPPPTGEEDTAEKDEL	654	1	GRP78_HUMAN	O00391	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); K7(Dimethyl:2H(4))	1,234	0	2	541,34106	1081,67485	0.44
303	LGLEDVGTTPFSYK	316	1	NID1_HUMAN	Q6ZRP7	N-Term(Dimethyl); T19(HexNAc)	1,234	0	3	839,38184	2516,13095	1.50
1288	APHPSHTSQVAK	1300	1	AGRIN_HUMAN	Q6ZRP7	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T19(HexNAc)	1,234	0	3	840,72198	2520,15140	-0.35
272	EAAQTTVAPTANK	285	3	QSOX1_HUMAN	Q6UW12	T1(HexNAc); N-Term(Dimethyl); T8(HexNAc); T5(HexNAc); K9(Dimethyl)	1,234	0	2	776,89606	1552,78484	0.52
140	LVDLNLAGEPTGAPVAQR	159	2	FZD3_HUMAN	P14543	N-Term(Dimethyl); T8(HexNAc); T9(HexNAc); K14(Dimethyl)	1,232	0	2	995,00195	1988,99663	0.77
257	LVGEVPSILGT	267	1	NRX3B_HUMAN	O43493	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); K10(Dimethyl:2H(4))	1,232	0	2	662,41473	1323,82219	0.01
366	TTGPSADAGGDSLVEK	381	5	LRP11_HUMAN	P11279	N-Term(Dimethyl:2H(4)); C1(Carbamidomethyl); S7(HexNAc); T9(HexNAc); S17(HexNAc); S19(HexNAc); S21(HexNAc); K25(Dimethyl:2H(4))	1,231	0	4	919,94971	3676,77700	0.21
112	SGSEAQTKDSTKSKHPQLQPK	134	6	TGON2_HUMAN	O43493	N-Term(Dimethyl); T7(HexNAc); T8(HexNAc); K9(Dimethyl); T12(HexNAc); S13(HexNAc); K14(Dimethyl); S15(HexNAc); T21(HexNAc); K23(Dimethyl)	1,230	2	5	755,76367	3774,78925	-0.59
906	VIVDATTGLPLTSPVPSAK	925	6	HEG1_HUMAN	Q9ULL3	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); T7(HexNAc); T13(HexNAc); S14(HexNAc); T17(HexNAc); S18(HexNAc); K20(Dimethyl:2H(4))	1,230	0	4	817,18732	3265,72744	0.32
577	LGNTISSLFGGGTTPDAK	594	6	HYOU1_HUMAN	Q9ULL3	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); T7(HexNAc); T13(HexNAc); S14(HexNAc); T17(HexNAc); S18(HexNAc); K20(Dimethyl:2H(4))	1,230	0	4	817,18933	3265,73549	2.79

191	CEQDRPSPTTAPPAPPSPSPSPVK	215	5	LAMP1_HUMAN	P11279	N-Term(Dimethyl); C1(Carbamidomethyl); T9(HexNAc); T10(HexNAc); S17(HexNAc); S19(HexNAc); S21(HexNAc); K25(Dimethyl)	1,230	0	4	917,93829	3668,73134	1,45
191	CEQDRPSPTTAPPAPPSPSPSPVK	215	5	LAMP1_HUMAN	P11279	N-Term(Dimethyl:2H(4)); C1(Carbamidomethyl); T9(HexNAc); T10(HexNAc); S17(HexNAc); S19(HexNAc); S21(HexNAc); K25(Dimethyl:2H(4))	1,230	0	4	919,95038	3676,77968	0,94
330	TPSPTVAHESNIAK	343	2	PODXL_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); T5(HexNAc); K14(Dimethyl)	1,230	0	2	993,98669	1986,96611	0,29
191	CEQDRPSPTTAPPAPPSPSPSPVK	215	2	LAMP1_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T5(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,230	0	2	998,01178	1995,01628	0,27
191	QPTSTHPVAPTSSGHDHLMK	211	6	PODXL_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); S4(HexNAc); T5(HexNAc); T10(HexNAc); S13(HexNAc); S14(HexNAc); K21(Dimethyl)	1,230	0	5	701,52838	3503,61280	0,63
68	TSGNQSHVDGPTPIPHNSSR	89	6	CLN3_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); S4(HexNAc); T5(HexNAc); T10(HexNAc); S13(HexNAc); S14(HexNAc); K21(Dimethyl:2H(4))	1,230	0	5	703,13831	3511,66242	0,46
471	LETASPTR	479	6	DAG1_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); S4(HexNAc); T5(HexNAc); T10(HexNAc); S13(HexNAc); S14(HexNAc); K21(Dimethyl:2H(4))	1,230	0	5	703,13831	3511,66242	0,46
272	EAAQTIVAPTTANK	285	4	QSOX1_HUMAN	O00391	N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc); T6(HexNAc); T10(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl)	1,227	0	3	757,70453	2271,09903	0,72
428	GPMSTTVAGSQEGSK	442	4	LPHN2_HUMAN	O00391	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc); T6(HexNAc); T10(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,227	0	3	760,38837	2279,15055	1,29
133	ATGQAVSTAHPPTGK	147	3	COCH_HUMAN	O43405	N-Term(Dimethyl); S5(HexNAc); T6(HexNAc); T11(HexNAc); K13(Dimethyl)	1,227	0	3	639,32220	1915,95206	1,31
133	ATGQAVSTAHPPTGK	147	3	COCH_HUMAN	O43405	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S5(HexNAc); T6(HexNAc); T11(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4))	1,227	0	3	642,00500	1924,00046	0,36
805	AATQLVNSGLAVSGK	821	4	CCD14_HUMAN	Q6NUS6	N-Term(Dimethyl); S5(HexNAc); T6(HexNAc); S9(HexNAc); S12(HexNAc)	1,225	0	3	769,03662	2305,09531	1,01
331	LPTVLNATAK	341	4	YIPF3_HUMAN	Q6NUS6	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S5(HexNAc); T6(HexNAc); S9(HexNAc); S12(HexNAc)	1,225	0	3	770,37775	2309,11869	0,26
454	IPVAPPTAASSVEEPEDCDVYCK	477	4	NET1_HUMAN	Q9NUS3	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S5(HexNAc); T8(HexNAc); T9(HexNAc); S10(HexNAc)	1,224	0	3	852,75836	2556,26053	0,19
2808	TDTLAVSTFAK	2819	1	CSPG2_HUMAN	O14763	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc)	1,224	0	2	766,91516	1532,82305	0,86
330	TPSPTVAHESNIAK	343	2	PODXL_HUMAN	P14543	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T11(HexNAc)	1,224	0	3	611,65643	1832,95475	0,47
93	AGSGSQVPTPEK	104	1	SDC4_HUMAN	P31431	N-Term(Dimethyl); T9(HexNAc); K12(Dimethyl)	1,223	0	2	708,86493	1416,72258	0,61
364	LPTTAASPDAVDK	377	1	A4_HUMAN	P31431	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T9(HexNAc); K12(Dimethyl:2H(4))	1,223	0	2	712,88983	1424,77239	0,31
196	ESVSSLQTSQYLIR	210	4	GINM1_HUMAN	Q9NUS3	N-Term(Dimethyl); S5(HexNAc); T8(HexNAc); T9(HexNAc); S10(HexNAc)	1,223	0	3	851,41736	2552,23752	1,01
303	LGLEVDGTTFPSYK	316	2	NID1_HUMAN	P14543	N-Term(Dimethyl); T8(HexNAc); T9(HexNAc); K14(Dimethyl)	1,222	0	2	995,00201	1988,99675	0,83
282	SEALPTDLPAPSADLTEPK	301	2	GLUZB_HUMAN	P14543	N-Term(Dimethyl); T8(HexNAc); T9(HexNAc); K14(Dimethyl)	1,222	0	2	995,00189	1988,99651	0,70
1288	APHPSHTSQPVAK	1300	2	AGRIN_HUMAN	P14543	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T8(HexNAc); T9(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,222	0	2	999,02716	1997,04704	0,86
191	CEQDRPSPTTAPP	203	1	LAMP1_HUMAN	P11279	N-Term(Dimethyl); C1(Carbamidomethyl); T10(HexNAc)	1,222	0	2	711,31494	1421,62261	0,88
34	TPPAEELAEPPAAGGGQK	51	1	ANFC_HUMAN	P23582	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); K18(Dimethyl)	1,221	0	3	670,67291	2010,00418	0,74
210	GAVIEPEQTELPGR	224	1	MA1B1_HUMAN	P23582	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	1,221	0	3	673,35620	2018,05405	0,57
282	SEALPTDLPAPSADLTEPK	301	5	GLUZB_HUMAN	Q9UL13	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); S14(HexNAc); T15(HexNAc)	1,221	0	4	947,18634	3785,72353	-2,39

191	QPTSTHPVATPTSSGHDHLMK	211	7	PODXL_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); S4(HexNAc); T5(HexNAc); T10(HexNAc); T12(HexNAc); S13(HexNAc); S14(HexNAc); M20(Oxidation); K21(Dimethyl:2H(4))	1,189	0	5	746,95251	3730,73347	-0,44
128	SSTQEATGQAVSTAHPPGK	147	3	COCH_HUMAN	O43405	N-Term(Dimethyl); T7(HexNAc); T13(HexNAc); T18(HexNAc); K20(Dimethyl)	1,186	0	4	655,81726	2620,24721	-0,02
352	TTQEPLARDPVK	363	3	A4_HUMAN	O43405	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc); T13(HexNAc); T18(HexNAc); K20(Dimethyl:2H(4))	1,186	0	4	657,83014	2628,29873	0,47
127	AGSIEDTSQAQELPNLPSPLK	148	3	PDXL2_HUMAN	Q37906	N-Term(Dimethyl); K2(Dimethyl); S5(HexNAc); S12(HexNAc); T15(HexNAc); K16(Dimethyl)	1,186	0	3	830,77722	2490,31711	0,94
226	AITSSPLTDLTAELSGGPK	246	3	K319L_HUMAN	Q37906	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K2(Dimethyl:2H(4)); S5(HexNAc); S12(HexNAc); T15(HexNAc); K16(Dimethyl:2H(4))	1,186	0	3	834,80261	2502,39328	1,28
205	DFSLTSSSQTPGATK	219	3	PDXL2_HUMAN	Q9N253	N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc); T10(HexNAc); T14(HexNAc); K15(Dimethyl)	1,186	0	3	731,34979	2192,03482	0,34
205	DFSLTSSSQTPGATK	219	3	PDXL2_HUMAN	Q9N253	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc); T10(HexNAc); T14(HexNAc); K15(Dimethyl)	1,186	0	3	734,03369	2200,08652	1,02
205	DFSLTSSSQTPGATK	219	4	PDXL2_HUMAN	Q9N253	N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc); S8(HexNAc); T10(HexNAc); T14(HexNAc); K15(Dimethyl)	1,186	0	3	799,04285	2395,11399	0,23
403	FQSPYEEQLQQR	415	4	GOLH_HUMAN	Q9N253	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc); S8(HexNAc); T10(HexNAc); T14(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))	1,186	0	3	801,72729	2403,16733	1,53
282	SEALPTDLPAPSDLTPK	301	1	GLU2B_HUMAN	P14314	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T8(HexNAc); K22(Dimethyl:2H(4))	1,185	1	3	879,13733	2635,39743	0,78
314	SSEPTEDVPEK	324	1	TGON2_HUMAN	O43493	N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc); K11(Dimethyl)	1,184	0	2	738,85156	1476,69585	0,42
273	EKPITREVEQVSR	284	1	GOLH_HUMAN	O43493	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc); K11(Dimethyl:2H(4))	1,184	0	2	742,87677	1484,74626	0,55
511	GVTTDSPVSEER	522	1	LTBP3_HUMAN	O43493	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc); K11(Dimethyl:2H(4))	1,184	0	2	742,87671	1484,74614	0,47
81	TGQPLVTDPEHSTK	96	2	FXYS_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T3(HexNAc); K6(Dimethyl)	1,183	1	3	649,33820	1946,00003	1,80
81	TGQPLVTDPEHSTK	96	2	FXYS_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); T3(HexNAc); K6(Dimethyl:2H(4))	1,183	1	3	652,02136	1954,04953	1,43
428	GPMSTTVAGSQEGSK	442	4	LPHN2_HUMAN	O95490	N-Term(Dimethyl); S4(HexNAc); T5(HexNAc); S10(HexNAc); S14(HexNAc); K15(Dimethyl)	1,182	0	3	769,02185	2305,05100	0,97
162	SSHVITDLTSTK	174	4	PODXL_HUMAN	O95490	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S4(HexNAc); T5(HexNAc); S10(HexNAc); S14(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))	1,182	0	3	771,70441	2313,09867	-0,13
200	GSLGSDGKHETVQEEK	217	2	EFNB1_HUMAN	P98172	N-Term(Dimethyl); S6(HexNAc); K9(Dimethyl); T12(HexNAc); K18(Dimethyl)	1,181	1	4	605,78937	2420,13564	1,84
368	LSQTEALGR	377	2	NUCB1_HUMAN	P98172	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S6(HexNAc); K9(Dimethyl:2H(4)); T12(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	1,181	1	4	608,80768	2432,20888	0,98
649	GLTTRPGSGLTNIK	662	4	A4_HUMAN	Q96F05	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T3(HexNAc); T6(HexNAc); T9(HexNAc)	1,180	0	2	931,98444	1862,96160	-0,80
649	GLTTRPGSGLTNIK	662	3	A4_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl)	1,180	0	3	694,03925	2080,10318	0,55
649	GLTTRPGSGLTNIK	662	3	A4_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl)	1,180	0	3	694,03961	2080,10428	1,08
805	AATTQLVNSGLAVSGK	821	3	CCD14_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl)	1,180	0	3	694,03925	2080,10318	0,55
649	GLTTRPGSGLTNIK	662	3	A4_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,180	0	3	696,72266	2088,15342	0,56
649	GLTTRPGSGLTNIK	662	3	A4_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,180	0	3	696,72253	2088,15305	0,38

649	GLTRRPGSLTNIK	662	3	A4_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,180	0	3	696,72253	2088,15305	0,38
338	VYNGTDGPGSPVGVK	353	3	SUSD5_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4)); K22(Dimethyl:2H(4))	1,179	1	4	759,67175	3035,66518	0,51
726	RVPSEAPPTEVPDRDPEK	743	2	DAG1_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl); S4(HexNAc); T9(HexNAc); K18(Dimethyl)	1,179	2	4	621,06445	2481,23598	0,15
726	RVPSEAPPTEVPDRDPEK	743	2	DAG1_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl); S4(HexNAc); T9(HexNAc); K18(Dimethyl)	1,179	2	4	621,06421	2481,23501	-0,25
824	IDETGSPGYEGEGEKGKNIKR	845	2	NRP1_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S4(HexNAc); T9(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	1,179	2	4	623,07721	2489,28701	0,47
726	RVPSEAPPTEVPDRDPEK	743	2	DAG1_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S4(HexNAc); T9(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	1,179	2	4	623,07678	2489,28530	-0,21
204	TATLATLATR	213	3	CK024_HUMAN	P19021	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S3(HexNAc); T4(HexNAc); S10(HexNAc)	1,179	0	3	632,67517	1896,01096	-0,05
26	TTGAPEPPLSGAPQDGIR	44	1	GINM1_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl); T8(HexNAc); K10(Dimethyl)	1,178	1	3	510,92767	1530,76847	-0,14
143	FYTVINHYNLAK	154	3	NSG1_HUMAN	Q63HQ2	N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc); T12(HexNAc); T13(HexNAc)	1,178	0	3	702,04376	2104,11673	0,37
143	FYTVINHYNLAK	154	3	NSG1_HUMAN	Q63HQ2	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc); T12(HexNAc); T13(HexNAc)	1,178	0	3	703,38574	2108,14267	0,76
338	VYNGTDGPGSPVGVK	353	1	SUSD5_HUMAN	O60279	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc)	1,176	0	2	643,34009	1285,67290	0,30
1676	IITSEFFEVAT	1687	1	CSPG2_HUMAN	P27824	N-Term(Dimethyl); K1(Dimethyl); T6(HexNAc)	1,176	1	3	720,02856	2158,07114	0,36
40	VSTHPSLSQRPGGSK	55	1	TGON2_HUMAN	P27824	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K1(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc)	1,176	1	3	722,71277	2166,12375	1,47
187	SSTSGGYIFY	196	1	CD44_HUMAN	P14314	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); K17(Dimethyl)	1,176	0	2	1011,03937	2021,07146	1,23
587	LEVLGCDWTDKPT	600	1	NRP2_HUMAN	P14314	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); K17(Dimethyl:2H(4))	1,176	0	2	1015,06622	2029,12517	2,95
648	VVPKVWAPTLS	659	1	SEM4D_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); M18(Oxidation); C20(Carbamidomethyl)	1,175	0	3	865,08112	2593,22879	0,54
309	IPPTASASLPVTVAPQPIPIQR	330	1	EGFLA_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); M18(Oxidation); C20(Carbamidomethyl)	1,175	0	3	866,42151	2597,24997	-0,98
267	ATVLSQVPK	275	3	GPR64_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl)	1,174	0	3	694,03900	2080,10245	0,20
204	TATLATLATR	213	3	CK024_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,174	0	3	696,72235	2088,15250	0,12
233	SQTPAPSSSEVVLDKSK	247	3	GOLM1_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,174	0	3	696,72296	2088,15433	0,99
1006	LASNHLTCEGDPTN	1019	3	LRP2_HUMAN	Q63HQ2	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); T11(HexNAc); T12(HexNAc)	1,174	0	4	731,90558	2924,60048	-0,42
59	GAGVAGAAHPGVSDR	74	1	GXL1_HUMAN	Q4G148	N-Term(Dimethyl); S14(HexNAc)	1,173	0	3	550,61316	1649,82492	0,40
423	EGLGASSHITTK	434	1	GFRA1_HUMAN	Q4G148	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S14(HexNAc)	1,173	0	3	551,95483	1653,84995	0,35
100	SSPWQPPPLQQR	112	2	CHSS3_HUMAN	Q70JA7	N-Term(Dimethyl); S1(HexNAc); S2(HexNAc)	1,172	0	3	661,66571	1982,98258	0,36
403	FQSPYEEQLEQQR	415	2	GOL14_HUMAN	Q70JA7	N-Term(Dimethyl); S1(HexNAc); S2(HexNAc)	1,172	0	3	661,66583	1982,98294	0,55
205	DFSLTSSSQTPGATK	219	2	PDXL2_HUMAN	Q70JA7	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc); S2(HexNAc)	1,172	0	3	663,00787	1987,00907	1,06
196	ESVSSLQTTSQYLIR	210	2	GINM1_HUMAN	Q7L1W4	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T6(HexNAc); K16(Dimethyl)	1,171	1	3	762,05015	2284,13590	0,65
37	DPVASSLSYPFGTK	50	2	MINP1_HUMAN	Q7L1W4	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); T6(HexNAc); K16(Dimethyl:2H(4))	1,171	1	3	764,73322	2292,18509	0,21
1940	EYSTVSHPIAK	1950	2	CSPG2_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl); S3(HexNAc); S6(HexNAc); K11(Dimethyl)	1,170	0	3	565,28925	1693,85318	0,05
385	ATAPNKPPALSNTK	399	2	LRP11_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S3(HexNAc); S6(HexNAc); K11(Dimethyl:2H(4))	1,170	0	3	567,97266	1701,90342	0,06
931	LGVTAEYSPASR	942	2	HEG1_HUMAN	Q86V24	N-Term(Dimethyl); S4(HexNAc); T5(HexNAc); C8(Carbamidomethyl); C12(Carbamidomethyl)	1,170	0	2	866,36414	1731,72099	0,54
271	TRPTETSNLEHLGHETPR	288	2	GNPTG_HUMAN	Q86V24	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S4(HexNAc); T5(HexNAc); C8(Carbamidomethyl); C12(Carbamidomethyl)	1,170	0	2	868,37781	1735,74834	1,82

303	LGLEDVGTTPFSYK	316	2	NID1_HUMAN	Q9NQX5	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); S10(HexNAc)	1,169	0	2	848,95044	1696,89360	-0,37
359	SAYYPEDLFIDK	370	1	GPC3_HUMAN	P51654	N-Term(Dimethyl); S1(HexNAc); K12(Dimethyl)	1,168	0	2	860,42218	1719,83708	0,40
359	SAYYPEDLFIDK	370	1	GPC3_HUMAN	P51654	N-Term(Dimethyl); S1(HexNAc); K12(Dimethyl)	1,168	0	2	860,42242	1719,83757	0,68
228	VEHEFDAPSGLSDFVHGNLLAACGFSSR	257	1	PAN2_HUMAN	P51654	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc); K12(Dimethyl:2H(4))	1,168	0	2	864,44763	1727,88799	0,79
308	LIPPTSASLPVTTVA	322	4	EGFLA_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl); T15(HexNAc)	1,168	1	3	948,14917	2842,43296	0,90
408	IYTSPTWSAFVTD	421	4	LG3BP_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4)); T15(HexNAc)	1,168	1	3	950,83282	2850,48392	1,16
374	GAIQTPTLGPQPTR	389	2	DAG1_HUMAN	Q8TEY5	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T8(HexNAc)	1,168	0	2	1029,00769	2057,00810	0,49
158	LTTITRAPTR	167	2	NRG3_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); T18(HexNAc)	1,167	1	4	765,88440	3060,51577	-0,03
267	ATVLSQVPK	275	5	GPR64_HUMAN	P11279	N-Term(Dimethyl:2H(4)); C1(Carbamidomethyl); T9(HexNAc); T10(HexNAc); S17(HexNAc); S19(HexNAc); S21(HexNAc); K25(Dimethyl:2H(4))	1,165	0	4	919,95007	3676,77846	0,61
649	GLTRPQSGLTNIK	662	5	A4_HUMAN	P11279	N-Term(Dimethyl:2H(4)); C1(Carbamidomethyl); S7(HexNAc); T9(HexNAc); S17(HexNAc); S19(HexNAc); S21(HexNAc); K25(Dimethyl:2H(4))	1,165	0	4	919,95050	3676,78017	1,07
299	AAYSTGCLTCSR	312	5	LRP11_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); S4(HexNAc); T5(HexNAc); S13(HexNAc); S14(HexNAc); M20(Oxidation); K21(Dimethyl:2H(4))	1,164	0	5	665,72137	3324,57777	0,42
175	SPLRQETQEAPGR	188	2	CGRE1_HUMAN	Q99674	N-Term(Dimethyl); T7(HexNAc)	1,164	1	3	667,33704	1999,99656	1,69
126	SHPELQTPKDSYK	139	2	TGON2_HUMAN	Q99674	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc); T7(HexNAc)	1,164	1	3	668,67822	2004,02011	0,92
219	SFPDQSTGEPALDEVEPR	239	1	CBPD_HUMAN	P51654	S1(HexNAc); N-Term(Dimethyl); K12(Dimethyl); K13(Dimethyl)	1,163	1	3	625,99249	1875,96292	0,13
224	VIXPTSSNTAQGR	236	1	TICN1_HUMAN	P51654	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc); K12(Dimethyl:2H(4)); K13(Dimethyl:2H(4))	1,163	1	3	630,01731	1888,03737	-0,33
649	GLTRPQSGLTNIKTE	664	3	A4_HUMAN	P08174	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); K7(Dimethyl); T9(HexNAc); T10(HexNAc)	1,162	0	3	649,34637	1946,02457	1,50
210	GAVIEPEQTELPGR	224	2	MA1B1_HUMAN	Q9UKM7	N-Term(Dimethyl); T10(HexNAc); S14(HexNAc)	1,162	0	3	673,00452	2016,99900	0,86
211	NVETTVDEVDLPGK	224	2	GINM1_HUMAN	Q9UKM7	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T10(HexNAc); S14(HexNAc)	1,162	0	3	674,34579	2021,02282	0,22
634	LYGSAGPPPTGEEDTAEKDEL	654	1	GRP78_HUMAN	Q8N251	N-Term(Dimethyl:2H(4)); C8(Carbamidomethyl); T10(HexNAc)	1,162	0	2	862,90924	1724,81120	0,78
191	CEQDRPSPTAPPSPSPSPVPK	215	6	LAMP1_HUMAN	P11279	N-Term(Dimethyl:2H(4)); C1(Carbamidomethyl); S7(HexNAc); T9(HexNAc); T10(HexNAc); S17(HexNAc); S19(HexNAc); S21(HexNAc); K25(Dimethyl:2H(4))	1,158	0	4	970,72241	3879,86782	3,15
1686	ATTIYPVSEQPSAK	1699	5	CSPG2_HUMAN	P13473	T1(HexNAc); N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T7(HexNAc); T8(HexNAc); T9(HexNAc); K13(Dimethyl)	1,158	0	3	800,39532	2399,17142	0,64
2153	TDYSLTK	2161	5	CSPG2_HUMAN	P13473	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T2(HexNAc); T7(HexNAc); T8(HexNAc); T9(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4))	1,158	0	3	803,07892	2407,22220	0,87
634	LYGSAGPPPTGEEDTAEKDEL	654	2	GRP78_HUMAN	P11021	N-Term(Dimethyl); S4(HexNAc); T10(HexNAc); K18(Dimethyl)	1,157	1	3	880,07697	2638,21634	0,79
390	EDAPEGRVPTD	402	2	H6ST1_HUMAN	Q9Y625	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); T7(HexNAc); T8(HexNAc); T9(HexNAc); K13(Dimethyl)	1,157	1	3	622,31964	1864,94437	0,35
34	SVVTDDGFAEGGPDER	49	1	RPRM_HUMAN	Q9NS64	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc)	1,157	0	3	565,91669	1695,73551	0,59
36	VTDDGFAEGGPDER	49	1	RPRM_HUMAN	Q9NS64	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc)	1,157	0	3	567,25867	1699,76145	1,08
3021	GQDSTIAASEQQVAAR	3036	2	CSPG2_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc); S9(HexNAc)	1,157	0	3	689,33508	2065,99070	1,07
279	TTESVEEVR	288	5	A4_HUMAN	O75976	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); T3(HexNAc); T8(HexNAc); T5(HexNAc)	1,156	0	3	978,10681	2932,30588	-1,53

						T6(HexNAc)								
478	FTASSSSGMVPK	489	2	NRX3B_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl)	1,156	0	3	626,34613	1877,02384	0,62		
51	VTSGWGPVK	59	2	CHST9_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl)	1,156	0	3	629,02954	1885,07407	0,63		
454	IPVAPPITAAASSVEEPCDCSYCK	477	1	NET1_HUMAN	Q9NZ53	N-Term(Dimethyl); T14(HexNAc); K15(Dimethyl)	1,155	0	3	595,96356	1785,87613	0,45		
303	LGLEVDGTTFFSYK	316	1	NID1_HUMAN	Q9NZ53	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); K15(Dimethyl)	1,155	0	3	598,64703	1793,92655	0,56		
191	QPTSTHPVATPTSSGHDHLMK	211	6	PODXL_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); S4(HexNAc); T5(HexNAc); T10(HexNAc); S13(HexNAc); S14(HexNAc); K21(Dimethyl)	1,154	0	5	701,52863	3503,61402	0,97		
462	VTKVSIIR	470	6	DAG1_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); S4(HexNAc); T5(HexNAc); T10(HexNAc); S13(HexNAc); S14(HexNAc); K21(Dimethyl)	1,154	0	5	703,13837	3511,66273	0,54		
299	AAYSTGGGLTCSR	312	6	LRP11_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); S4(HexNAc); T5(HexNAc); T10(HexNAc); S13(HexNAc); S14(HexNAc); K21(Dimethyl)	1,154	0	5	703,13818	3511,66181	0,28		
19	EVPTDGNAGLAEPQIAMFCGR	40	1	A4_HUMAN	P42785	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); K13(Dimethyl)	1,153	0	2	784,45050	1567,89372	-0,31		
18	LEVPTDGNAGLAEPQIAMFCGR	40	1	A4_HUMAN	P42785	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); K13(Dimethyl)	1,153	0	2	788,47626	1575,94524	0,51		
204	TATLATLATR	213	4	CK024_HUMAN	Q96F05	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); T3(HexNAc); T6(HexNAc); T9(HexNAc)	1,151	0	3	620,31781	1858,93888	0,49		
342	AVAVTLQSH	350	4	YIPF3_HUMAN	Q96F05	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); T3(HexNAc); T6(HexNAc); T9(HexNAc)	1,151	0	3	621,65936	1862,96354	0,24		
136	SGPSDGPATPYQPR	149	3	PRRT4_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl)	1,150	0	3	694,03918	2080,10300	0,46		
824	IDETGTPGYEGEGDKNISR	845	3	NRP1_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl)	1,150	0	3	696,72290	2088,15415	0,91		
220	TPPTVSGK	228	3	PARM1_HUMAN	Q6UW12	T1(HexNAc); N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); T5(HexNAc); K9(Dimethyl)	1,150	0	2	776,89618	1552,78508	0,68		
97	AAHPTDDTTLSER	110	3	FXDY5_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); T8(HexNAc); T15(HexNAc)	1,149	0	3	768,75494	2304,25028	0,84		
34	SVVTDDGFAEGGPDER	49	1	RPRM_HUMAN	Q9NS64	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc)	1,148	0	2	850,38409	1699,76091	0,77		
265	VFVPTTGLPGAGSSVPADSPGR	287	4	SUSD5_HUMAN	Q8I2P9	N-Term(Dimethyl); S5(HexNAc); S6(HexNAc); S7(HexNAc); S8(HexNAc)	1,148	0	3	799,06390	2395,17716	0,34		
53	VTTAPETCEGR	64	1	MUC24_HUMAN	P11279	N-Term(Dimethyl); C1(Carbamidomethyl); T9(HexNAc)	1,147	0	2	713,32721	1425,64714	0,48		
824	IDETGTPGYEGEGDKNISR	845	2	NRP1_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); T7(HexNAc); K18(Dimethyl)	1,146	1	3	925,08978	2773,25479	0,46		
2476	AVTADGFPTVS	2486	5	CSPG2_HUMAN	Q9NU53	N-Term(Dimethyl); S2(HexNAc); S3(HexNAc); T6(HexNAc); T7(HexNAc); S8(HexNAc)	1,146	0	3	848,42682	2543,26590	0,44		
704	GDRFSEDSR	712	1	PTPRG_HUMAN	P23470	N-Term(Dimethyl); S5(HexNAc)	1,146	1	3	433,86530	1299,58133	0,10		
511	GVTTDSPVSEER	522	1	LTBP3_HUMAN	P23470	N-Term(Dimethyl); S5(HexNAc)	1,146	1	3	435,20697	1303,60636	0,04		
663	TEEISEVK	670	1	A4_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); K8(Dimethyl)	1,145	0	2	597,31104	1193,61479	0,01		
83	TTPESTMSSGQAR	95	1	TM248_HUMAN	O14763	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc)	1,145	0	2	764,90247	1528,79766	0,68		
86	VTDPEHKSTK	96	1	FXDY5_HUMAN	O14763	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc)	1,145	0	2	766,91479	1532,82231	0,39		
59	GAGVAGPAAHPGVSDR	74	2	GXL1_HUMAN	Q6P4E1	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); K4(Dimethyl); S8(HexNAc); K12(Dimethyl)	1,143	2	4	484,27100	1934,06215	0,12		
651	TTRPGSGLTIK	662	1	A4_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); M18(Oxidation); C20(Carbamidomethyl)	1,143	0	3	866,42200	2597,25144	-0,41		
364	LPTTAASTPDAVDK	377	1	A4_HUMAN	P01130	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); C2(Carbamidomethyl)	1,142	0	2	639,28479	1277,56230	0,51		

2058	STILPTAEVEGTEK	2070	4	CSPG2_HUMAN	P13611	S1(HexNAc); N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T6(HexNAc); T12(HexNAc); K13(Dimethyl)	1,140	0	3	738,70599	2214,10343	1,05
36	VYDDGFAEGGPDER	49	7	RPRM_HUMAN	Q96DB9	T1(HexNAc); N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T9(HexNAc); T15(HexNAc); T19(HexNAc); K21(Dimethyl); S22(HexNAc); T23(HexNAc); K24(Dimethyl)	1,138	1	5	824,19501	4116,94593	2,85
342	AVAVTLQSH	350	4	YIPF3_HUMAN	Q96F05	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T3(HexNAc); T6(HexNAc); T9(HexNAc)	1,137	0	2	931,98596	1862,96465	0,84
511	GVTTDSPVSEER	522	3	LTBP3_HUMAN	Q9NS15	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); S9(HexNAc)	1,136	0	3	638,62933	1913,87345	1,26
314	SSEPTEDVEPK	324	3	TGON2_HUMAN	Q9NS15	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); S9(HexNAc)	1,136	0	3	639,97046	1917,89682	0,36
824	IDETGTPGYEGEGDKNISR	845	3	NRP1_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); T7(HexNAc); K18(Dimethyl); S21(HexNAc)	1,136	1	4	744,83978	2976,33730	1,49
824	IDETGTPGYEGEGDKNISR	845	3	NRP1_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); T7(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4)); S21(HexNAc)	1,136	1	4	746,85144	2984,38393	0,28
330	TPSPVVAHESNWAK	343	3	PODXL_HUMAN	O00592	T1(HexNAc); N-Term(Dimethyl); S3(HexNAc); S10(HexNAc); K14(Dimethyl)	1,136	0	3	730,68701	2190,04648	0,72
134	ISPESGLAK	142	3	CN037_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T5(HexNAc); S10(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,136	0	3	733,37036	2198,09653	0,64
205	DFSLTSSSQTPGATK	219	3	PDXL2_HUMAN	Q9NZ53	N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc); T10(HexNAc); T14(HexNAc); K15(Dimethyl)	1,135	0	3	731,34973	2192,03464	0,26
210	AATVGLAGQLQER	224	3	APOE_HUMAN	Q9NZ53	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc); T10(HexNAc); T14(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))	1,135	0	3	734,03326	2200,08524	0,43
101	LAGTESPVREEPGED	115	2	TFR1_HUMAN	P11279	N-Term(Dimethyl); C1(Carbamidomethyl); T9(HexNAc); T10(HexNAc)	1,134	0	3	630,61969	1889,84452	0,60
101	LAGTESPVREEPGED	115	2	TFR1_HUMAN	P11279	N-Term(Dimethyl:2H(4)); C1(Carbamidomethyl); T9(HexNAc); T10(HexNAc)	1,134	0	3	631,96088	1893,86808	-0,22
360	DPVKLPTAASTPD	373	2	A4_HUMAN	P11279	N-Term(Dimethyl:2H(4)); C1(Carbamidomethyl); T9(HexNAc); T10(HexNAc)	1,134	0	3	631,96198	1893,87137	1,52
295	GTMSDKETHDVK	307	2	APLP2_HUMAN	Q8IZA0	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); K11(Dimethyl)	1,134	0	3	531,27405	1591,80759	0,89
513	VITEAPAVDPRR	525	2	GPC6_HUMAN	Q8IZA0	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); K11(Dimethyl:2H(4))	1,134	0	3	533,95740	1599,85764	0,79
86	VTDPTHKSTK	96	1	FXYS5_HUMAN	Q9NS64	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc)	1,133	0	2	850,38477	1699,76225	1,56
649	GLTTRPGSLTNIK	662	3	A4_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl)	1,133	0	3	694,03973	2080,10465	1,25
649	GLTTRPGSLTNIK	662	3	A4_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl)	1,133	0	3	694,03931	2080,10337	0,64
649	GLTTRPGSLTNIK	662	3	A4_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl)	1,133	0	3	694,03925	2080,10318	0,55
649	GLTTRPGSLTNIK	662	3	A4_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,133	0	3	696,72290	2088,15415	0,91
649	GLTTRPGSLTNIK	662	3	A4_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,133	0	3	696,72266	2088,15342	0,56
403	FQSPYEEQLEQQR	415	3	GOLH4_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,133	0	3	696,72260	2088,15323	0,47
343	ASSPGTLPK	352	2	SDC3_HUMAN	O75056	N-Term(Dimethyl); S2(HexNAc); S3(HexNAc); K10(Dimethyl)	1,132	0	2	708,87750	1416,74773	0,61
640	TIPGHEQHTAVPTDQTGGR	659	4	PTPRG_HUMAN	O00468	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); T2(HexNAc); T8(HexNAc); T9(HexNAc)	1,132	1	2	936,96259	1872,91789	0,35
1686	ATTIYPVSEQPSAK	1699	4	CSPG2_HUMAN	O00468	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T2(HexNAc); T8(HexNAc); T9(HexNAc)	1,132	1	2	938,97473	1876,94219	-0,08
191	CEQDRPSPTTAPPAPSPSPSPVK	215	2	LAMP1_HUMAN	Q9UKM7	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); T4(HexNAc)	1,132	0	3	573,95642	1719,85471	-0,07

726	RVPSEAPPTEVPDRDPEK	743	2	DAG1_HUMAN	Q9UKM7	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T4(HexNAc)	1,132	0	3	575,29742	1723,87772	-1.29
342	DVTENLETQVVESR	355	3	CR3L4_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); T7(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4)); S21(HexNAc)	1,130	1	4	746,85156	2984,38442	0,44
649	GLTTRPGSLTNIK	662	2	A4_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); T7(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	1,129	1	3	927,77258	2781,30320	-0,19
196	ESVSSLQTTSQYLIR	210	5	GINM1_HUMAN	Q9NU53	N-Term(Dimethyl); S4(HexNAc); S5(HexNAc); T8(HexNAc); T9(HexNAc); S10(HexNAc)	1,129	0	3	919,10968	2755,31449	0,06
273	EKPTRVQEVSR	284	3	GOL14_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc)	1,127	1	3	575,63550	1724,89194	0,37
191	QPTSTHPVATPTSSGHDHLMK	211	3	PODXL_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc)	1,127	1	3	576,97717	1728,91697	0,32
1256	FITGATSGAIAAGATAR	1272	1	AGRIN_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); C20(Carbamidomethyl)	1,127	0	3	861,09064	2581,25736	-0,09
649	GLTTRPGSLTNIK	662	4	A4_HUMAN	Q96F05	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T3(HexNAc); T6(HexNAc); T9(HexNAc)	1,126	0	2	931,98572	1862,96416	0,58
565	DNLLDTYSADQGSSEGGTLAR	586	1	QSOX2_HUMAN	Q6ZRP7	N-Term(Dimethyl); T9(HexNAc)	1,125	0	3	839,38116	2516,12894	0,70
1288	APHPSHTSQPVAK	1300	1	AGRIN_HUMAN	Q6ZRP7	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T9(HexNAc)	1,125	0	3	840,72211	2520,15177	-0,20
303	LGLEDTVGTTPFSYK	316	1	NID1_HUMAN	O60279	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); K16(Dimethyl)	1,124	0	2	933,97870	1866,95012	0,90
81	TDGLPLVTDPEHKSSTK	96	2	FXYS_HUMAN	P52799	N-Term(Dimethyl); K2(Dimethyl); T5(HexNAc); T14(HexNAc)	1,124	2	4	540,77527	2160,07924	0,59
1006	LASNHLTCEGDPTN	1019	2	LRP2_HUMAN	P52799	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K2(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc); T14(HexNAc)	1,124	2	4	542,78748	2168,12807	-0,05
26	DTTSSSADSTI	37	2	FXYS_HUMAN	P11279	N-Term(Dimethyl); C1(Carbamidomethyl); T9(HexNAc); T10(HexNAc)	1,124	0	3	630,61963	1889,84433	0,50
659	NSVPVTSFPTAK	671	4	NLGN1_HUMAN	Q8N2Q7	N-Term(Dimethyl); S2(HexNAc); T6(HexNAc); S7(HexNAc); T11(HexNAc); K13(Dimethyl)	1,123	0	2	1094,04468	2187,08208	0,82
140	SGAEAQTPEDSPNR	153	3	TGON2_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); S5(HexNAc); T8(HexNAc)	1,123	0	2	806,90894	1612,81059	0,24
359	EFHHGPDPTDTPAGEQADVASSPPESSFKQ	389	3	ERP44_HUMAN	Q96DB9	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T11(HexNAc); M13(Oxidation); T19(HexNAc)	1,122	0	3	923,76025	2769,26621	0,20
176	NKDPTRRPELAGTN	190	4	EFNB2_HUMAN	Q96DB9	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); T6(HexNAc); K8(Dimethyl:2H(4)); S9(HexNAc); T10(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4))	1,122	1	4	538,53546	2151,12002	0,37
631	ITEEFLGK	638	2	CSPG2_HUMAN	Q9N253	N-Term(Dimethyl); T10(HexNAc); T14(HexNAc); K15(Dimethyl)	1,121	0	3	663,65698	1988,95639	0,85
196	ESVSSLQTTSQYLIR	210	2	GINM1_HUMAN	Q9N253	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T10(HexNAc); T14(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))	1,121	0	3	666,34009	1997,00571	0,40
374	GAIIQPTLGP1QPTR	389	1	DAG1_HUMAN	P16070	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T10(HexNAc); T14(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))	1,121	0	3	935,40961	2804,21427	-0,88
2208	ATALVTESIPEHVVTDSP1KK	2229	3	CSPG2_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl); K22(Dimethyl)	1,120	2	4	818,17438	3269,67568	6,09
330	TPSPVAHESNWAK	343	2	PODXL_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); T5(HexNAc); K14(Dimethyl)	1,120	0	3	662,99371	1986,96659	0,53
330	TPSPVAHESNWAK	343	2	PODXL_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); T5(HexNAc); K14(Dimethyl)	1,120	0	3	662,99384	1986,96695	0,71
192	DKTSTVAPTIHTVPSPTTTPTPK	215	2	LAMP2_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T5(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,120	0	3	665,67719	1995,01700	0,63
2152	TTDYSVLTTKK	2162	2	CSPG2_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T5(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,120	0	3	665,67725	1995,01719	0,72
205	DFSLTSSSQTPGATK	219	2	PDXL2_HUMAN	Q9UKM7	N-Term(Dimethyl); T10(HexNAc); S14(HexNAc)	1,118	0	3	673,00409	2016,99771	0,23
205	DFSLTSSSQTPGATK	219	2	PDXL2_HUMAN	Q9N253	N-Term(Dimethyl); T10(HexNAc); T14(HexNAc); K15(Dimethyl)	1,118	0	3	663,65686	1988,95603	0,67
359	EFHHGPDPTDTPAGEQADVASSPPESSFKQ	389	2	ERP44_HUMAN	Q9N253	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T10(HexNAc); T14(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))	1,118	0	3	666,34039	1997,00663	0,86
649	GLTTRPGSLTNIKTEISEVK	670	2	A4_HUMAN	Q9N253	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T10(HexNAc); T14(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))	1,118	0	3	666,33966	1997,00443	-0,24

200	GSLGSDSGKHETVQNQEEK	217	2	EFNB1_HUMAN	P98172	N-Term(Dimethyl); S6(HexNAc); K9(Dimethyl); T12(HexNAc); K18(Dimethyl)	1,118	1	4	605,78888	2420,13369	1,03
200	GSLGSDSGKHETVQNQEEK	217	2	EFNB1_HUMAN	P98172	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S6(HexNAc); K9(Dimethyl:2H(4)); T12(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	1,118	1	4	608,80713	2432,20669	0,07
368	LSQTEALGR	377	2	NUCB1_HUMAN	P98172	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S6(HexNAc); K9(Dimethyl:2H(4)); T12(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	1,118	1	4	608,80725	2432,20717	0,27
135	GQAVSTAHPPTGK	147	4	COCH_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); K4(Dimethyl); T7(HexNAc); T8(HexNAc); S11(HexNAc); T12(HexNAc)	1,118	1	3	761,04071	2281,10758	0,29
385	SATPATDGSATPATDGSVTPATDGSITPATDGSVTP	420	4	CAMKV_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); K4(Dimethyl); T7(HexNAc); T8(HexNAc); S11(HexNAc); T12(HexNAc)	1,118	1	3	761,04028	2281,10630	-0,27
367	LPGHMSSEESGTSISLLPALSLAAPDPGQR	396	4	ACD_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K4(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc); T8(HexNAc); S11(HexNAc); T12(HexNAc)	1,118	1	3	763,72363	2289,15635	-0,34
191	CEQDRPSPPT	200	4	LAMP1_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K4(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc); T8(HexNAc); S11(HexNAc); T12(HexNAc)	1,118	1	3	763,72449	2289,15891	0,78
65	AQSMETLPPGK	75	1	GALT2_HUMAN	P01130	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); C2(Carbamidomethyl)	1,117	0	2	639,28491	1277,56255	0,70
220	TPPTTVSGK	228	4	PARM1_HUMAN	Q6UW12	T1(HexNAc); N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); T5(HexNAc); S7(HexNAc); K9(Dimethyl)	1,117	0	2	878,43628	1755,86528	1,07
196	ESVSSLQTTTSQYLIR	210	5	GINM1_HUMAN	Q9NU53	N-Term(Dimethyl); S4(HexNAc); S5(HexNAc); T8(HexNAc); T9(HexNAc); S10(HexNAc)	1,116	0	3	919,11035	2755,31650	0,79
51	VTPGTSEDRYK	61	6	PDPN_HUMAN	P01130	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc); T6(HexNAc); T12(HexNAc); S13(HexNAc)	1,115	1	4	739,85602	2956,40224	0,58
726	RVPSEAPTEVPDRDPEK	743	2	DAG1_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl); S4(HexNAc); T9(HexNAc); K18(Dimethyl)	1,115	2	4	621,06433	2481,23549	-0,05
359	EPHHPDPTDTPAGEAQDVASSPPSPFQK	389	1	ERP44_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); K8(Dimethyl:2H(4))	1,114	0	2	602,35211	1203,69695	0,86
134	ISPESGLAK	142	4	CN037_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); S7(HexNAc); T8(HexNAc); K14(Dimethyl)	1,113	0	3	752,36926	2255,09323	0,87
191	CEQDRPSPPTTAPPAPPSPSPSPVPK	215	4	LAMP1_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); S7(HexNAc); T8(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,113	0	3	755,05231	2263,14237	0,39
2152	TTDYSVLTKK	2162	4	CSPG2_HUMAN	P13611	T1(HexNAc); N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T8(HexNAc); T9(HexNAc); K10(Dimethyl); K11(Dimethyl)	1,112	1	3	718,36627	2153,08426	-0,20
191	CEQDRPSPPTTAPPAPPSPSPSPVPK	215	4	LAMP1_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T2(HexNAc); T8(HexNAc); T9(HexNAc); K10(Dimethyl:2H(4)); K11(Dimethyl:2H(4))	1,112	1	3	722,39191	2165,16117	0,54
203	TTVPSPPTTTPPK	215	4	LAMP2_HUMAN	P13473	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T6(HexNAc); T7(HexNAc); T8(HexNAc); K12(Dimethyl:2H(4))	1,112	0	3	701,70309	2103,09470	0,79
661	ATVQLDLGFTTPK	675	5	L37A3_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T12(HexNAc); T13(HexNAc); S18(HexNAc); S22(HexNAc); K24(Dimethyl)	1,110	0	4	932,21173	3725,82509	1,49
480	IRTTTSGVPR	489	5	DAG1_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T12(HexNAc); T13(HexNAc); S18(HexNAc); S22(HexNAc); K24(Dimethyl:2H(4))	1,110	0	4	934,22296	3733,87002	0,07
553	ITTIIVLDRESPNVK	567	4	CADH2_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl); T15(HexNAc)	1,110	1	3	948,14893	2842,43222	0,64
285	LPTDLPAAPSADLTPK	301	4	GLU2B_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4)); T15(HexNAc)	1,110	1	3	950,83221	2850,48209	0,52

271	EMENGIVPTK	280	1	LYSM3_HUMAN	Q7Z3D4	N-Term(Dimethyl); M2(Oxidation); T9(HexNAc); K10(Dimethyl)	1,110	0	2	696,85095	1392,69463	1,36
366	TTGPEADAGGDSLVEK	381	1	LRP11_HUMAN	Q7Z3D4	N-Term(Dimethyl:2H(4)); M2(Oxidation); T9(HexNAc); K10(Dimethyl:2H(4))	1,110	0	2	700,87518	1400,74309	0,10
480	IRTTTSGVPR	489	4	DAG1_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc); S6(HexNAc)	1,109	1	3	643,32886	1927,97202	0,70
480	IRTTTSGVPR	489	4	DAG1_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc); S6(HexNAc)	1,109	1	3	643,32867	1927,97147	0,41
538	LPTAASASK	546	4	PTPRG_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc); S6(HexNAc)	1,109	1	3	644,67041	1931,99668	0,46
184	IDRTEFIPSTDPFQK	198	4	CC134_HUMAN	Q6ZVL6	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); S11(HexNAc); T13(HexNAc); T14(HexNAc)	1,108	0	3	865,06781	2593,18888	0,90
86	VEITTLNIQNKIPAQTK	102	3	SDC2_HUMAN	Q9ULI3	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); S8(HexNAc); S11(HexNAc)	1,108	0	2	946,47119	1891,93511	1,58
634	LYGSAGPPTGEEDTAEKDEL	654	1	GRP78_HUMAN	P11021	N-Term(Dimethyl); T10(HexNAc); K18(Dimethyl)	1,107	1	3	812,38409	2435,13773	1,16
634	LYGSAGPPTGEEDTAEKDEL	654	1	GRP78_HUMAN	P11021	N-Term(Dimethyl); T10(HexNAc); K18(Dimethyl)	1,107	1	3	812,38385	2435,13700	0,86
184	LEDTFGPDPTMIR	196	1	CTGF_HUMAN	P11021	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T10(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	1,107	1	3	815,06715	2443,18691	0,74
359	EFHGGPDPTDAPGEQAQDVASSPPESSFKK	389	1	ERP44_HUMAN	P11021	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T10(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	1,107	1	3	815,06702	2443,18650	0,57
651	TTRPGSGLTNIK	662	1	A4_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); M18(Oxidation); C20(Carbamidomethyl)	1,106	0	3	866,42334	2597,25547	1,14
1940	EYVTVSHPIAK	1950	1	CSPG2_HUMAN	P02786	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc)	1,104	0	2	580,81177	1160,61626	0,40
118	EHEEPTTSEMAEETYSFK	135	1	IBP5_HUMAN	P02786	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc)	1,104	0	2	582,82428	1164,64128	0,33
78	LEGTDGLVTDPEHKSTK	96	5	FXD5_HUMAN	P13473	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T7(HexNAc); T8(HexNAc); T9(HexNAc); K13(Dimethyl)	1,103	0	3	800,39514	2399,17087	0,41
73	TQTQLEGTDGLVTDPEHKSTK	96	5	FXD5_HUMAN	P13473	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T2(HexNAc); T7(HexNAc); T8(HexNAc); T9(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4))	1,103	0	3	803,07892	2407,22220	0,87
279	TTESVEEVVR	288	1	A4_HUMAN	Q9NS64	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc)	1,103	0	2	848,37109	1695,73491	0,24
36	VTDGFAEGGPDER	49	1	RPRM_HUMAN	Q9NS64	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc)	1,103	0	2	850,38379	1699,76030	0,41
833	EKPPSLVPLESQMTK	848	1	GNPTA_HUMAN	O75071	N-Term(Dimethyl); S2(HexNAc); K11(Dimethyl)	1,100	0	2	763,39343	1525,77959	0,70
2991	RTCSENEFTCVGLCPK	3008	1	LRP2_HUMAN	O75071	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S2(HexNAc); K11(Dimethyl:2H(4))	1,100	0	2	767,41852	1533,82976	0,67
337	VSAPDGPCTGFER	350	2	LTBP4_HUMAN	Q8NB34	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S7(HexNAc); S8(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))	1,100	0	2	1008,02905	2015,05083	-0,52
205	DFSLTSSSQTPGATK	219	1	PDXL2_HUMAN	Q9Y625	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc)	1,100	0	4	628,06348	2509,23208	0,09
263	DKVFPVTTGLPGAGSSVPADSPGSR	287	1	SUSD5_HUMAN	Q9Y625	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc)	1,100	0	4	629,07019	2513,25893	0,78
931	LGVTAEYSPASR	942	3	HEG1_HUMAN	Q9ULI3	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); S8(HexNAc); S11(HexNAc)	1,099	0	2	944,45789	1887,90849	0,79
195	KESVSSLQITTSQYLIR	210	3	GINM1_HUMAN	Q9ULI3	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); S8(HexNAc); S11(HexNAc)	1,099	0	2	946,47015	1891,93303	0,48
906	VIVDATTGLIPLTSVPTSAK	925	1	HEG1_HUMAN	Q9NQX5	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc)	1,097	0	2	747,41144	1493,81560	0,49
366	TTGPEADAGGDSLVEK	381	1	LRP11_HUMAN	Q8IZP9	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); K9(Dimethyl)	1,096	0	2	601,35583	1201,70439	0,43
649	GLTTRPGSGLTNIK	662	3	A4_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl)	1,095	0	3	694,03943	2080,10373	0,81
403	FQSPYEEQLQQR	415	3	GOL14_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,095	0	3	696,72223	2088,15213	-0,06
100	SSPWQPPPLQQR	112	2	CHSS3_HUMAN	Q9ULI3	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); S11(HexNAc)	1,094	0	2	842,91815	1684,82903	0,82
403	FQSPYEEQLQQR	415	2	GOL14_HUMAN	Q9ULI3	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); S11(HexNAc)	1,094	0	2	844,93073	1688,85417	0,85
191	CEQDRPSTTAPPAPPSPSPVPK	215	5	LAMP1_HUMAN	P11279	N-Term(Dimethyl); C1(Carbamidomethyl); T9(HexNAc); T10(HexNAc); S17(HexNAc); S19(HexNAc); S21(HexNAc); K25(Dimethyl)	1,093	0	5	734,55194	3668,73061	1,25

204	TATLATLATR	213	5	CK024_HUMAN	P11279	N-Term(Dimethyl:2H(4)); C1(Carbamidomethyl); T9(HexNAc); T10(HexNAc); S17(HexNAc); S19(HexNAc); S21(HexNAc); K25(Dimethyl:2H(4))	1,093	0	5	736,16223	3676,78205	1,58
663	GTSSSPLAVASGPAK	677	6	K154L_HUMAN	P11279	N-Term(Dimethyl:2H(4)); C1(Carbamidomethyl); S7(HexNAc); T9(HexNAc); T10(HexNAc); S17(HexNAc); S19(HexNAc); S21(HexNAc); K25(Dimethyl:2H(4))	1,093	0	4	970,72040	3879,85976	1,07
371	ERPTTAAGTSLDR	383	1	GPC6_HUMAN	P98164	N-Term(Dimethyl:2H(4)); C8(Carbamidomethyl); T13(HexNAc)	1,092	0	3	588,60712	1763,80680	0,74
263	DKVFPVPTGLPGAGSSVPADSPGSR	287	1	SUSD5_HUMAN	Q9N253	N-Term(Dimethyl); T14(HexNAc); K15(Dimethyl)	1,092	0	2	893,44257	1785,87786	1,42
416	LVSGMQHPGSGAGGVYETQHFIDIK	440	1	LMAN1_HUMAN	Q9N253	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T14(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))	1,092	0	2	897,46753	1793,92778	1,25
200	GSLGSDSGKHETVQEEK	217	2	EFNB1_HUMAN	P98172	N-Term(Dimethyl); S6(HexNAc); K9(Dimethyl); T12(HexNAc); K18(Dimethyl)	1,091	1	4	605,78839	2420,13173	0,23
296	TMSDKETHDVK	307	2	APLP2_HUMAN	Q06481	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); M3(Oxidation); K6(Dimethyl); T9(HexNAc); K13(Dimethyl)	1,090	1	3	656,32245	1966,95279	0,10
162	SSHSVTTDLTSTKAEHLT	179	2	PODXL_HUMAN	Q06481	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); M3(Oxidation); K6(Dimethyl:2H(4)); T9(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4))	1,090	1	3	660,34753	1979,02805	0,06
603	HAPYEDDESIVYETVSEGGRRVYEEIPWRRVYENVCVN	639	1	ATI2_HHV11	O14763	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc)	1,090	0	3	510,27072	1528,79761	0,65
360	DPVKLPTTAASPD	373	1	A4_HUMAN	O14763	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc)	1,090	0	3	511,61237	1532,82254	0,54
3021	GQDSTIAASEQQVAAR	3036	1	CSPG2_HUMAN	O43493	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc); K11(Dimethyl:2H(4))	1,090	0	2	742,87695	1484,74663	0,80
179	QETQEAPGR	188	1	CGRE1_HUMAN	Q99674	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc)	1,090	0	2	672,32617	1343,64507	0,94
70	SSAEAQTPEDTPNK	83	1	TGON2_HUMAN	Q99674	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc)	1,090	0	2	674,33832	1347,66936	0,33
204	TATLATLATR	213	5	CK024_HUMAN	P11279	N-Term(Dimethyl:2H(4)); C1(Carbamidomethyl); T9(HexNAc); T10(HexNAc); S17(HexNAc); S19(HexNAc); S21(HexNAc); K25(Dimethyl:2H(4))	1,089	0	4	919,95288	3676,78969	3,66
480	IRTTTSGVPR	489	3	DAG1_HUMAN	O75056	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S3(HexNAc); T4(HexNAc); S7(HexNAc)	1,089	0	3	576,97754	1728,91806	0,96
462	VTTKVSTR	470	6	DAG1_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); S4(HexNAc); T5(HexNAc); T10(HexNAc); S13(HexNAc); S14(HexNAc); M20(Oxidation); K21(Dimethyl)	1,088	0	5	704,72778	3519,60981	1,22
471	LETASPTR	479	6	DAG1_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); S4(HexNAc); T5(HexNAc); T10(HexNAc); S13(HexNAc); S14(HexNAc); M20(Oxidation); K21(Dimethyl:2H(4))	1,088	0	5	706,33740	3527,65791	0,61
649	GLTRPGSLGTLNKEIESEVK	670	5	A4_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl); T15(HexNAc); S19(HexNAc); K22(Dimethyl)	1,087	1	4	858,19232	3429,74746	0,12
649	GLTRPGSLGTLNKEIESEVK	670	5	A4_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4)); T15(HexNAc); S19(HexNAc); K22(Dimethyl:2H(4))	1,087	1	4	861,21149	3441,82412	0,51
2151	KTTDYSVLTTKK	2162	5	CSPG2_HUMAN	O43493	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); S6(HexNAc); S8(HexNAc); S14(HexNAc); T15(HexNAc); S19(HexNAc); K22(Dimethyl:2H(4))	1,087	0	4	678,33478	2710,31728	0,72
241	VPSSTYVPK	249	5	TNR21_HUMAN	O43493	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); S6(HexNAc); S8(HexNAc); S14(HexNAc); T15(HexNAc); K16(Dimethyl:2H(4))	1,087	0	4	680,34668	2718,36489	-0,24
462	VTTKVSTR	470	3	DAG1_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T3(HexNAc); K4(Dimethyl); T8(HexNAc)	1,087	1	3	557,30847	1669,91086	0,14
337	AATERPLGPPTER	349	3	NID1_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); T3(HexNAc); K4(Dimethyl:2H(4)); T8(HexNAc)	1,087	1	3	559,99225	1677,96219	0,80

80	GTDLPLVDPETHKSTK	96	1	FXD5_HUMAN	Q86YL7	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); K11(Dimethyl:2H(4))	1,087	1	2	760,40833	1519,80937	0,22
215	VAALQTVGPTAGPAPK	230	4	K2013_HUMAN	P34741	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc); K11(Dimethyl:2H(4)); T16(HexNAc); K17(Dimethyl:2H(4))	1,086	1	3	936,51959	2807,54422	1,02
649	GLTTRPGSLTNIK	662	3	A4_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl)	1,086	0	2	1040,55579	2080,10430	1,08
478	FTASSSSGMVPK	489	3	NRX3B_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl)	1,086	0	2	1040,55481	2080,10234	0,15
649	GLTTRPGSLTNIK	662	3	A4_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,086	0	2	1044,58020	2088,15312	0,42
222	FPSASPGSLK	231	3	PSI13_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,086	0	2	1044,58118	2088,15508	1,35
273	EKPTRVQEVSR	284	4	GOLI4_HUMAN	Q6UW12	T1(HexNAc); N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); T5(HexNAc); S7(HexNAc); K9(Dimethyl)	1,086	0	3	585,95963	1755,86434	0,53
263	SSYSFMDKIVSYFYTEVPLMLNPMIYSLR	292	4	OR9G9_HUMAN	Q6UW12	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc); S7(HexNAc); K9(Dimethyl:2H(4))	1,086	0	3	588,64307	1763,91465	0,58
478	FTASSSSGMVPK	489	4	NRX3B_HUMAN	Q8N2Q7	N-Term(Dimethyl); K1(Dimethyl); S3(HexNAc); T7(HexNAc); S8(HexNAc); T12(HexNAc); K14(Dimethyl)	1,084	1	3	781,74097	2343,20835	0,76
204	TATLATLATR	213	4	CK024_HUMAN	Q8N2Q7	K1(Dimethyl:2H(4)); N-Term(Dimethyl:2H(4)); S3(HexNAc); T7(HexNAc); S8(HexNAc); T12(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,084	1	3	785,76587	2355,28305	0,50
359	EFHHGPDPTDTPARQADVASSPPESSFQK	389	1	ERP44_HUMAN	P02786	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc)	1,084	1	3	788,39447	2363,16886	1,02
103	GTESPVREEPGEDFPAAR	120	2	TFR1_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl); S4(HexNAc); T9(HexNAc)	1,084	2	3	732,69397	2196,06736	0,28
360	DPVKLPTTAASTPAVDK	377	4	A4_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); K4(Dimethyl); T7(HexNAc); T8(HexNAc); S11(HexNAc); T12(HexNAc); K18(Dimethyl)	1,083	1	4	681,34698	2722,36611	0,16
2058	STILPTAEVGTGK	2070	4	CSPG2_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K4(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc); T8(HexNAc); S11(HexNAc); T12(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	1,083	1	4	684,36572	2734,44106	0,02
258	ALPRPATTQEPDIPER	273	4	SDC3_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K4(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc); T8(HexNAc); S11(HexNAc); T12(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	1,083	1	4	684,36627	2734,44326	0,83
330	TPSPVVAHESNWK	343	5	PODXL_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc); T6(HexNAc); T10(HexNAc); S11(HexNAc); S14(HexNAc)	1,082	0	4	697,84491	2788,35781	0,62
191	CEQDRPSPTTAPPSPSPSPVPK	215	6	LAMP1_HUMAN	P11279	N-Term(Dimethyl:2H(4)); C1(Carbamidomethyl); S7(HexNAc); T9(HexNAc); T10(HexNAc); S17(HexNAc); S19(HexNAc); S21(HexNAc); K25(Dimethyl:2H(4))	1,082	0	4	970,72009	3879,85854	0,76
1006	LASNHLTCEGDPTN	1019	2	LRP2_HUMAN	Q9Y625	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); T3(HexNAc)	1,081	1	3	622,31946	1864,94382	0,06
134	GTELAGVTTTGR	145	2	S22AN_HUMAN	A1A5C7	N-Term(Dimethyl); T9(HexNAc); T10(HexNAc)	1,081	0	2	798,90216	1596,79704	0,44
191	CEQDRPSPTTAPPSPSPSPVPK	215	2	LAMP1_HUMAN	A1A5C7	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T8(HexNAc); T9(HexNAc)	1,081	0	2	800,91486	1600,82244	0,61
51	VTPGTSEDRYK	61	1	PDPN_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); C20(Carbamidomethyl)	1,080	0	3	861,09100	2581,25846	0,33
478	FTASSSSGMVPK	489	4	NRX3B_HUMAN	Q9HDB5	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); S5(HexNAc); S6(HexNAc); S7(HexNAc); M9(Oxidation); K12(Dimethyl)	1,080	0	3	694,98975	2082,95469	1,14
464	LVSTLRPPESR	474	4	AMD_HUMAN	Q9HDB5	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); S5(HexNAc); S6(HexNAc); S7(HexNAc); M9(Oxidation); K12(Dimethyl:2H(4))	1,080	0	3	697,67273	2091,00364	0,53
101	LAGTESPVREEPGEDFPAAR	120	2	TFR1_HUMAN	Q9NU53	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); T5(HexNAc); K14(Dimethyl)	1,079	0	3	659,99640	1977,97464	-0,24

1676	IITESFFEVPAATTIYVSEQPSAK	1699	5	CSPG2_HUMAN	Q9ULI3	N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc); S15(HexNAc); T16(HexNAc); S21(HexNAc); T22(HexNAc)	1,079	0	4	912,96002	3648,81826	1,87
220	TPPTTVSGK	228	4	PARM1_HUMAN	Q6UW12	T1(HexNAc); N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); T5(HexNAc); S7(HexNAc); K9(Dimethyl)	1,079	0	3	585,95966	1755,86441	0,58
110	GGSSGNPTTITSPKSTK	127	4	PODXL_HUMAN	Q6UW12	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc); S7(HexNAc); K9(Dimethyl:2H(4))	1,079	0	3	588,64294	1763,91428	0,38
128	SSTQEQATQAVSTAHPPPTGK	147	2	COCH_HUMAN	Q02818	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S2(HexNAc); T5(HexNAc)	1,079	0	2	771,39642	1541,78557	0,80
276	TTVAPTANK	285	7	QSOX1_HUMAN	P18827	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); T2(HexNAc); T3(HexNAc); T5(HexNAc); T6(HexNAc); T12(HexNAc); S13(HexNAc)	1,078	0	4	814,87042	3256,45986	-0,01
380	ETPGDENEHAHFQK	393	1	A4_HUMAN	Q86YL7	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); K11(Dimethyl)	1,078	1	3	504,59134	1511,75946	0,42
1417	VTTVKDPEAEAR	1430	1	CSPG2_HUMAN	Q86YL7	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); K11(Dimethyl:2H(4))	1,078	1	3	507,27481	1519,80988	0,55
1288	APHPSHTSQPVAK	1300	4	AGRIN_HUMAN	Q7Z7G0	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T2(HexNAc); K6(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc); T8(HexNAc)	1,078	1	4	583,30640	2330,20376	-1,02
151	SHPHRDMQPHHETSTPAGSQDLHTPHTEDEGGSATER	190	1	SDCL1_HUMAN	P11279	N-Term(Dimethyl); C1(Carbamidomethyl); T10(HexNAc)	1,077	0	2	711,31439	1421,62151	0,11
58	MGFMTPASQEHPTPCRSAMAPRSLCSHVSMSVGGGPGGAS	102	1	NYAP1_HUMAN	P11279	N-Term(Dimethyl:2H(4)); C1(Carbamidomethyl); T9(HexNAc)	1,077	0	2	713,32709	1425,64690	0,31
39	STPTSAQAAGPSSGSCPPTK	58	3	CD320_HUMAN	Q9NPF0	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); T3(HexNAc); S14(HexNAc); C15(Carbamidomethyl); K19(Dimethyl)	1,075	0	3	823,05243	2467,14273	1,39
51	VTPGTSEDRYK	61	3	PDPN_HUMAN	Q9NPF0	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); T3(HexNAc); C15(Carbamidomethyl); T18(HexNAc); K19(Dimethyl)	1,075	0	3	823,05139	2467,13962	0,13
39	STPTSAQAAGPSSGSCPPTK	58	3	CD320_HUMAN	Q9NPF0	T1(HexNAc); N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); S14(HexNAc); C15(Carbamidomethyl); K19(Dimethyl:2H(4))	1,075	0	3	825,73566	2475,19242	1,17
396	LTKDHQTTGSPSR	408	3	FLRT3_HUMAN	Q9NZU0	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); K3(Dimethyl); T7(HexNAc); T8(HexNAc)	1,074	1	4	524,01202	2093,02627	0,84
1288	APHPSHTSQPVAK	1300	3	AGRIN_HUMAN	Q9NZU0	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); K3(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc); T8(HexNAc)	1,074	1	4	526,02405	2101,07436	-0,17
175	AEHLTTPHTSPLSR	190	5	PODXL_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc); T6(HexNAc); T10(HexNAc); S11(HexNAc); S14(HexNAc)	1,074	0	4	696,83832	2784,33144	0,16
276	TTTTTESVEEVR	288	2	A4_HUMAN	P11279	N-Term(Dimethyl); C1(Carbamidomethyl); S7(HexNAc); T9(HexNAc)	1,074	0	2	945,42590	1889,84453	0,61
125	KPTVQSPSTTSK	137	4	MUC24_HUMAN	Q04900	N-Term(Dimethyl); K1(Dimethyl); T3(HexNAc); S9(HexNAc); T10(HexNAc); S12(HexNAc); K13(Dimethyl)	1,073	0	3	752,05322	2254,14511	0,67
135	GQAVSTAHPPPTGK	147	4	COCH_HUMAN	Q04900	K1(Dimethyl:2H(4)); N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); S9(HexNAc); T10(HexNAc); S12(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4))	1,073	0	3	756,07806	2266,21964	0,31
366	TTGPSEDAAGDLSL	378	7	LRP11_HUMAN	Q96DB9	N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc); T8(HexNAc); T9(HexNAc); T10(HexNAc); S12(HexNAc); S16(HexNAc); S18(HexNAc)	1,073	0	4	833,87219	3332,46694	0,67
672	DISTNYYASQK	682	3	ENPL_HUMAN	Q9ULI3	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); S8(HexNAc); S11(HexNAc)	1,072	0	3	629,97424	1887,90818	0,62
100	SSPWQQPPPLQQR	112	3	CHSS3_HUMAN	Q9ULI3	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); S8(HexNAc); S11(HexNAc)	1,072	0	3	631,31610	1891,93375	0,86
478	FTASSSSGMVPK	489	3	NRX3B_HUMAN	Q86VZ4	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); K6(Dimethyl:2H(4)); S11(HexNAc); T13(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))	1,071	0	3	748,74640	2244,22464	-0,03
1006	LASNHLTCEGDPTN	1019	2	LRP2_HUMAN	P11279	N-Term(Dimethyl); C1(Carbamidomethyl); T9(HexNAc); T10(HexNAc)	1,070	0	2	945,42572	1889,84416	0,41
1006	LASNHLTCEGDPTN	1019	2	LRP2_HUMAN	P11279	N-Term(Dimethyl:2H(4)); C1(Carbamidomethyl); T9(HexNAc); T10(HexNAc)	1,070	0	2	947,43909	1893,87090	1,27

368	LSQTEALGR	377	1	NUCB1_HUMAN	Q02818	N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc)	1,070	0	2	667,84393	1334,68059	0,55
366	TTGPSEADAGDSLVEK	381	1	LRP11_HUMAN	Q02818	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc)	1,070	0	2	669,85638	1338,70549	0,40
704	GDRFSEDSR	712	1	PTPRG_HUMAN	P23470	N-Term(Dimethyl); S5(HexNAc)	1,068	1	2	650,29480	1299,58232	0,86
824	IDETGSTPGYEGEGEK	841	2	NRP1_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); T7(HexNAc); K18(Dimethyl)	1,067	0	3	768,33643	2302,99472	0,59
300	TTEADDPKDR	310	2	SMOC1_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); T7(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	1,067	0	3	771,01965	2311,04441	0,36
86	VETTLNIQNK	96	2	SDC2_HUMAN	Q723D4	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S3(HexNAc); S6(HexNAc)	1,066	0	2	1045,98230	2090,95732	1,09
71	TCAESDFVGNNGQCVPSR	88	1	VLDLR_HUMAN	P98155	T1(HexNAc); N-Term(Dimethyl); C2(Carbamidomethyl); C9(Carbamidomethyl); C14(Carbamidomethyl)	1,066	0	3	777,99335	2331,96549	0,66
337	VSAPDGPCTGFER	350	1	LTBP4_HUMAN	P98155	T1(HexNAc); N-Term(Dimethyl:2H(4)); C2(Carbamidomethyl); C9(Carbamidomethyl); C14(Carbamidomethyl)	1,066	0	3	779,33496	2335,99033	0,55
211	NVETTVDEIVLPGKL	225	2	GINM1_HUMAN	O60888	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T11(HexNAc)	1,066	0	2	849,91248	1698,81767	0,52
137	AVSTAHPTGK	147	2	COCH_HUMAN	O60888	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T12(HexNAc)	1,066	0	2	851,92529	1702,84331	0,83
125	KPTVQPSPTTSK	137	2	MUC24_HUMAN	O60353	N-Term(Dimethyl); C4(Carbamidomethyl); T11(HexNAc); T16(HexNAc)	1,065	0	3	829,03790	2485,09916	1,12
125	KPTVQPSPTTSK	137	2	MUC24_HUMAN	O60353	N-Term(Dimethyl:2H(4)); C4(Carbamidomethyl); T11(HexNAc); T16(HexNAc)	1,065	0	3	830,37988	2489,12510	1,46
191	QGDVGGTCGVDEPRPTGK	210	2	AT51_HUMAN	Q9UH18	N-Term(Dimethyl); T7(HexNAc); C8(Carbamidomethyl); T18(HexNAc); K20(Dimethyl)	1,062	0	3	836,05841	2506,16068	-0,32
191	CEQDRPSPTTAPP	203	2	LAMP1_HUMAN	P42857	N-Term(Dimethyl); Y2(HexNAc); Y8(HexNAc); K12(Dimethyl)	1,061	0	3	649,00372	1944,99662	0,65
368	NPEERPTTAAGTSLDR	383	2	GPC6_HUMAN	P42857	N-Term(Dimethyl:2H(4)); Y2(HexNAc); Y8(HexNAc); K12(Dimethyl:2H(4))	1,061	0	3	651,68683	1953,04593	0,19
726	RVPSEAPTEVPDRDPEK	743	4	DAG1_HUMAN	Q96F05	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); T3(HexNAc); T6(HexNAc); T8(HexNAc)	1,061	0	3	620,31805	1858,93961	0,88
328	TMHVATVFTDGGPR	341	4	HEG1_HUMAN	Q96F05	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T3(HexNAc); T6(HexNAc); T8(HexNAc)	1,061	0	3	621,65942	1862,96372	0,34
342	YSEFFTGSK	350	3	CAB45_HUMAN	Q9N253	N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc); S8(HexNAc); T10(HexNAc); K15(Dimethyl)	1,061	0	3	731,35046	2192,03684	1,26
342	YSEFFTGSK	350	3	CAB45_HUMAN	Q9N253	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc); S8(HexNAc); T10(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))	1,061	0	3	734,03351	2200,08597	0,77
71	TCAESDFVGNNGQCVPSR	88	4	VLDLR_HUMAN	Q96F05	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T3(HexNAc); T6(HexNAc); T8(HexNAc)	1,060	0	2	931,98615	1862,96501	1,04
662	KTEEISEVK	670	4	A4_HUMAN	Q96D89	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); T6(HexNAc); K8(Dimethyl:2H(4)); S9(HexNAc); T10(HexNAc); K11(Dimethyl:2H(4))	1,059	1	4	538,53564	2151,12075	0,71
468	YQSTLPWR	475	4	SUSDS_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc); T2(HexNAc); T6(HexNAc); T12(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4)); K18(Dimethyl:2H(4)); K22(Dimethyl:2H(4))	1,059	2	4	824,70746	3295,80800	-0,18
478	FTASSSSGMVPK	489	3	NRX3B_HUMAN	Q9BRK5	N-Term(Dimethyl); S2(HexNAc); T6(HexNAc); S8(HexNAc); K9(Dimethyl)	1,057	0	2	865,89856	1730,78984	0,20
422	FHPDIDDVPPAPAGDQK	439	2	NUCB1_HUMAN	Q9BS26	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T9(HexNAc); T11(HexNAc); K31(Dimethyl:2H(4))	1,056	0	4	941,68835	3763,73159	-0,50
203	TTVPSPITPTPK	215	2	LAMP2_HUMAN	P11279	N-Term(Dimethyl); C1(Carbamidomethyl); T9(HexNAc); T10(HexNAc)	1,056	0	2	945,42542	1889,84355	0,09
829	STPGYEGEGEGKNSIR	845	2	NRP1_HUMAN	P11279	N-Term(Dimethyl:2H(4)); C1(Carbamidomethyl); T9(HexNAc); T10(HexNAc)	1,056	0	2	947,43808	1893,86888	0,21
824	IDETGSTPGYEGEGEGKNSIR	845	2	NRP1_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); T7(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	1,056	0	3	771,01935	2311,04349	-0,03
824	IDETGSTPGYEGEGEGKNSIR	845	2	NRP1_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl); S3(HexNAc); T8(HexNAc); K17(Dimethyl)	1,055	1	3	775,71613	2325,13382	-0,29
824	IDETGSTPGYEGEGEGKNSIR	845	2	NRP1_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S3(HexNAc); T8(HexNAc); K17(Dimethyl:2H(4))	1,055	1	3	778,40045	2333,18680	0,90

514	TTEAPAVDPDRR	525	2	GPC6_HUMAN	P18827	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); T12(HexNAc)	1,055	0	3	631,62628	1892,86429	-0.82
2453	QESSTTFVDSGLSEKHPEVPSAK	2475	2	CSPG2_HUMAN	Q9ULI3	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); S1(HexNAc)	1,054	0	2	844,93188	1688,85649	2,22
126	SHPELQTPKOSTGK	139	3	TGON2_HUMAN	O43493	N-Term(Dimethyl); S1(HexNAc); T7(HexNAc); K9(Dimethyl); S11(HexNAc); K14(Dimethyl)	1,051	1	3	740,03778	2218,09879	0,65
126	SHPELQTPK	134	3	TGON2_HUMAN	O43493	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc); T7(HexNAc); K9(Dimethyl:2H(4)); S11(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,051	1	3	744,06281	2230,17386	0,54
191	QPTSTHPVATPTSSGHDHLMK	211	6	PODXL_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); S4(HexNAc); T5(HexNAc); T10(HexNAc); S13(HexNAc); S14(HexNAc); K21(Dimethyl)	1,051	0	4	876,65881	3503,61342	0,80
191	QPTSTHPVATPTSSGHDHLMK	211	7	PODXL_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); S4(HexNAc); T5(HexNAc); T10(HexNAc); T12(HexNAc); S13(HexNAc); S14(HexNAc); K21(Dimethyl)	1,050	0	5	742,14465	3706,69416	1,13
1273	ATTASRLPSSAVTPR	1287	7	AGRIN_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); S4(HexNAc); T5(HexNAc); T10(HexNAc); T12(HexNAc); S13(HexNAc); S14(HexNAc); K21(Dimethyl:2H(4))	1,050	0	5	743,75421	3714,74195	0,47
205	DFSLTSSSQTPGATK	219	2	PDXL2_HUMAN	Q9N253	N-Term(Dimethyl); T10(HexNAc); T14(HexNAc); K15(Dimethyl)	1,050	0	2	994,98120	1988,95513	0,22
205	DFSLTSSSQTPGATK	219	2	PDXL2_HUMAN	Q9N253	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T10(HexNAc); T14(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))	1,050	0	2	999,00690	1997,00652	0,80
291	TPTPETFLTTR	302	4	SDC3_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl); T15(HexNAc)	1,050	1	3	991,16319	2971,47503	0,68
337	AATERPLGPPTER	349	1	NID1_HUMAN	Q4G148	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S14(HexNAc)	1,049	0	3	551,95532	1653,85141	1,23
824	IDETGTPGYEGEGEDKNISR	845	1	NRP1_HUMAN	C9JH25	N-Term(Dimethyl); T8(HexNAc)	1,049	0	2	830,89484	1660,78240	0,62
824	IDETGTPGYEGEGEGDK	841	3	NRP1_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); S6(HexNAc); T7(HexNAc); K18(Dimethyl)	1,046	0	3	836,02948	2506,07389	0,46
366	TTGPSEDAGGDSLVEK	381	3	LRP11_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); S6(HexNAc); T7(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	1,046	0	3	838,71210	2514,12174	-0,48
368	LSQTEALGR	377	1	NUCB1_HUMAN	Q02818	N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc)	1,045	0	2	667,84387	1334,68047	0,46
118	EHEEPTTSEMAETYSYK	135	1	IBP5_HUMAN	Q02818	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc)	1,045	0	2	669,85663	1338,70598	0,76
156	DMQPGHHTSTPAGPSQADLHPHTEDGGPSATER	190	4	SDC1_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); S7(HexNAc); T8(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,045	0	3	755,05206	2263,14164	0,07
352	TTQELARDPVK	363	2	A4_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); T2(HexNAc); K12(Dimethyl)	1,043	1	3	606,32306	1816,95462	0,39
397	VSSASDYNSSELK	409	2	BMP6_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T2(HexNAc); K12(Dimethyl:2H(4))	1,043	1	3	609,00696	1825,00632	1,20
359	EFHGGPDPDTARPEQAQD	377	2	ERP44_HUMAN	P11279	N-Term(Dimethyl:2H(4)); C1(Carbamidomethyl); T9(HexNAc); T10(HexNAc)	1,043	0	3	631,96094	1893,86826	-0,12
649	GLTTRPGSLTNIK	662	1	A4_HUMAN	Q9HDB5	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); K12(Dimethyl)	1,043	0	2	729,36438	1457,72148	1,51
123	HWFQAGYSTSR	133	1	LYOX_HUMAN	Q9HDB5	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); K12(Dimethyl:2H(4))	1,043	0	2	733,38910	1465,77092	0,97
135	GQAVSTAHPTGK	147	1	COCH_HUMAN	Q9NU53	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc)	1,042	0	2	523,26563	1045,52397	0,17
778	SLGVSER	784	2	GNPTA_HUMAN	Q9ULI3	N-Term(Dimethyl); S2(HexNAc); S6(HexNAc)	1,039	0	3	674,64703	2021,92655	0,34
176	NKDPTRRPELAGTN	190	2	EFNB2_HUMAN	Q9ULI3	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S2(HexNAc); S6(HexNAc)	1,039	0	3	675,98938	2025,95359	1,29
478	FTASSSSGMVPK	489	1	NRX3B_HUMAN	Q86TY3	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S3(HexNAc); K6(Dimethyl:2H(4))	1,039	0	2	473,78867	946,57005	0,51
2058	STILPTAEVGTGKAPVEKEVK	2079	4	CSPG2_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc); T2(HexNAc); T6(HexNAc); T12(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4))	1,039	0	2	1111,57825	2222,14922	-0,94
337	VSPADGPCPTGFER	350	1	LTBP4_HUMAN	Q8N2S1	N-Term(Dimethyl); C8(Carbamidomethyl); T10(HexNAc)	1,039	0	2	860,89655	1720,78581	0,61
359	EFHGGPDPDTARPEQAQDVASSPPSSFFQK	389	1	ERP44_HUMAN	Q8N2S1	N-Term(Dimethyl:2H(4)); C8(Carbamidomethyl); T10(HexNAc)	1,039	0	2	862,90967	1724,81206	1,27

359	EFHHGPDPTDAPGEQAQDVASSPPESSFKQ	389	6	ERP44_HUMAN	Q9ULI3	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); T7(HexNAc); T13(HexNAc); S14(HexNAc); T17(HexNAc); S18(HexNAc); K20(Dimethyl)	1,036	0	4	815,17468	3257,67690	0,22
359	EFHHGPDPTDAPGEQAQDVASSPPESSFKQ	389	6	ERP44_HUMAN	Q9ULI3	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); T7(HexNAc); T13(HexNAc); S14(HexNAc); T17(HexNAc); S18(HexNAc); K20(Dimethyl:2H(4));	1,036	0	4	817,18689	3265,72573	-0,20
634	LYGSAGPPPTGEEDTAEKDEL	654	1	GRP78_HUMAN	Q9N253	N-Term(Dimethyl); T14(HexNAc); K15(Dimethyl)	1,035	0	2	893,44202	1785,87676	0,80
303	LGLEDVGTTPFSYK	316	1	NID1_HUMAN	Q9N253	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T14(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))	1,035	0	2	897,46710	1793,92693	0,77
177	TPSTTATGHPSLTALAQVK	197	2	CK024_HUMAN	Q8NB80	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S3(HexNAc); S5(HexNAc); K10(Dimethyl:2H(4))	1,034	0	2	730,90242	1460,79756	0,32
205	DFSLTSSSQTPGATK	219	5	PDXL2_HUMAN	Q9NU53	N-Term(Dimethyl); S4(HexNAc); S5(HexNAc); T8(HexNAc); T9(HexNAc); S10(HexNAc)	1,033	0	3	919,11023	2755,31614	0,66
364	LPTTAASTPDAVK	377	4	A4_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); S7(HexNAc); T8(HexNAc); K14(Dimethyl)	1,033	0	3	752,36902	2255,09250	0,55
368	LSQTEALGR	377	4	NUCB1_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); S7(HexNAc); T8(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,033	0	3	755,05225	2263,14219	0,31
649	GLTTRPGSLTNIK	662	2	A4_HUMAN	Q9HDB5	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); S7(HexNAc); K12(Dimethyl)	1,033	0	2	830,90363	1660,79997	0,79
39	STPTSAQAAGPSSGSCPPTK	58	4	CD320_HUMAN	Q9NPF0	T1(HexNAc); N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); S12(HexNAc); S14(HexNAc); C15(Carbamidomethyl); K19(Dimethyl:2H(4))	1,033	0	3	893,42828	2678,27030	0,53
303	LGLEDVGTTPFSYK	316	2	NID1_HUMAN	Q9N253	N-Term(Dimethyl); S8(HexNAc); S18(HexNAc); K22(Dimethyl)	1,032	0	4	689,35400	2754,39419	0,34
1006	LASNHLTCEGDPTNEPPTQCLGFSFCK	1034	2	LRP2_HUMAN	Q9N253	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S8(HexNAc); S18(HexNAc); K22(Dimethyl:2H(4))	1,032	0	4	691,36682	2762,44546	0,73
97	SGGASVVPHPSPPTL	111	2	KCT2_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl); T8(HexNAc); T5(HexNAc); K16(Dimethyl)	1,032	0	3	717,37646	2150,11484	1,54
407	VTPDQPILVEVK	418	2	SUSD5_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); T5(HexNAc); K16(Dimethyl:2H(4))	1,032	0	3	720,05945	2158,16379	0,95
366	TTGSEDAGGDSLVEK	381	2	LRP11_HUMAN	Q86V24	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); T2(HexNAc); K16(Dimethyl)	1,031	0	2	1012,97382	2024,94036	0,44
824	IDETGTPGYEGEGEDKNISR	845	2	NRP1_HUMAN	Q86V24	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T2(HexNAc); K16(Dimethyl:2H(4))	1,031	0	2	1016,99908	2032,99089	0,60
162	SSHVTTDLTSTK	174	4	PODXL_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); T7(HexNAc); T10(HexNAc); S11(HexNAc); K13(Dimethyl)	1,031	0	3	744,68884	2232,05198	0,84
366	TTGSEDAGGDSLVEK	381	2	LRP11_HUMAN	Q86V24	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); T2(HexNAc); K16(Dimethyl)	1,031	0	3	675,65179	2024,94083	0,67
824	IDETGTPGYEGEGEDKNISR	845	2	NRP1_HUMAN	Q86V24	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T2(HexNAc); K16(Dimethyl:2H(4))	1,031	0	3	678,33508	2032,99070	0,50
191	CEQDRPSPTTAPP	203	2	LAMP1_HUMAN	Q06481	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); M3(Oxidation); K6(Dimethyl); T9(HexNAc); K13(Dimethyl)	1,031	1	4	492,49350	1966,95217	-0,22
513	VITEAPAVDPDRR	525	2	GPC6_HUMAN	Q06481	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); M3(Oxidation); K6(Dimethyl:2H(4)); T9(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4))	1,031	1	4	495,51257	1979,02846	0,27
478	FTASSSSGMVPK	489	3	NRX3B_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); S5(HexNAc); T8(HexNAc)	1,030	0	2	806,90887	1612,81047	0,16
101	LAGTESPVREEPGEED	115	2	TFR1_HUMAN	Q9UKM7	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); S10(HexNAc)	1,029	0	3	560,94196	1680,81131	0,02
367	YNPEERPTTAAGTSLDR	383	1	GPC6_HUMAN	Q9B526	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T9(HexNAc)	1,029	0	3	762,00244	2283,99277	-0,50
285	LPTDLPASADLTEPK	301	3	GLU2B_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T9(HexNAc); S11(HexNAc)	1,028	0	2	851,40137	1701,79546	0,07
187	SSTSGGVIFY	196	3	CD44_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T9(HexNAc); S11(HexNAc)	1,028	0	2	851,40192	1701,79656	0,71
433	SLSTSIFEGGY	443	3	NRX3B_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T9(HexNAc); S11(HexNAc)	1,028	0	2	853,41425	1705,82121	0,45

536	TRLPTAASASK	546	1	PTPRG_HUMAN	Q8I2A0	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S12(HexNAc)	1,028	0	2	803,43805	1605,86882	0,97
125	KPTVQPSPTTSK	137	2	MUC24_HUMAN	Q9N253	N-Term(Dimethyl); S8(HexNAc); S18(HexNAc)	1,028	0	3	796,71539	2388,13163	0,63
125	KPTVQPSPTTSK	137	2	MUC24_HUMAN	Q9N253	N-Term(Dimethyl); S8(HexNAc); S18(HexNAc)	1,028	0	3	796,71552	2388,13199	0,78
457	APPTTAASSVEPEDCDSYCK	477	2	NET1_HUMAN	O95631	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); T5(HexNAc); C16(Carbamidomethyl); C20(Carbamidomethyl); K21(Dimethyl:2H(4))	1,026	0	3	928,74664	2784,22538	1,84
331	LPTVLNATAK	341	3	YIPF3_HUMAN	Q9GZM5	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T9(HexNAc); K11(Dimethyl)	1,026	0	3	598,65930	1793,96335	0,16
478	FTASSSSGMVVK	489	3	NRX3B_HUMAN	Q9GZM5	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T9(HexNAc); K11(Dimethyl:2H(4))	1,026	0	3	601,34314	1802,01487	0,88
310	TTPFSYK	316	1	NID1_HUMAN	O75976	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); K12(Dimethyl:2H(4))	1,025	0	2	780,42419	1559,84111	0,50
464	LVSTLRPPESR	474	2	AMD_HUMAN	Q9HDB5	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); S7(HexNAc); M9(Oxidation); K12(Dimethyl)	1,023	0	2	838,90082	1676,79436	0,47
727	VPSEAPPTVPPDRDPEK	743	2	DAG1_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl); S4(HexNAc); T9(HexNAc); K18(Dimethyl)	1,022	2	3	827,75110	2481,23874	1,26
824	IDETGSTPGYEGEGEKNSKR	845	2	NRP1_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S4(HexNAc); T9(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	1,022	2	3	830,43445	2489,28879	1,19
342	AVAVTLQSH	350	2	YIPF3_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S4(HexNAc); T9(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	1,022	2	3	830,43402	2489,28751	0,67
191	CEQDRPSPTTAPP	203	1	LAMP1_HUMAN	Q08380	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S4(HexNAc)	1,022	0	2	905,44098	1809,87468	0,85
191	CEQDRPSPTTAPPAPPSPSPVVK	215	2	LAMP1_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); T7(HexNAc); K18(Dimethyl)	1,019	0	3	768,33630	2302,99436	0,43
191	CEQDRPSPTTAPPAPPSPSPVVK	215	2	LAMP1_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); T7(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	1,019	0	3	771,01971	2311,04459	0,44
286	IAPTVMK	292	5	QSOX1_HUMAN	P34741	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); S5(HexNAc); K9(Dimethyl); T12(HexNAc); T13(HexNAc); T14(HexNAc); K20(Dimethyl)	1,018	1	3	1085,57874	3254,72165	-0,76
215	VNLSAAPAPVSAVPTGLHSK	234	5	NPTXR_HUMAN	P34741	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); S5(HexNAc); K9(Dimethyl:2H(4)); T12(HexNAc); T13(HexNAc); T14(HexNAc); K20(Dimethyl:2H(4))	1,018	1	3	1089,60449	3266,79892	-0,16
44	SQLANTEPTKGLPDHPSR	61	3	HLPPA_HUMAN	Q9YSL2	N-Term(Dimethyl); T9(HexNAc); K10(Dimethyl); S17(HexNAc)	1,017	1	4	654,07831	2613,29140	0,89
273	TQIAVPPQVAPSY	285	4	K319L_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4)); T15(HexNAc)	1,017	1	3	950,83173	2850,48062	0,01
478	FTASSSSGMVVK	489	3	NRX3B_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc)	1,017	1	3	575,63550	1724,89194	0,37
353	MVHTAASPALPR	365	3	LRP11_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc)	1,017	1	3	576,97748	1728,91788	0,85
36	VTDGFAEGGPDER	49	4	RPRM_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); S7(HexNAc); T8(HexNAc)	1,017	0	3	701,66791	2102,98917	-0,44
100	SSPWQPPPLQQR	112	2	CHSS3_HUMAN	Q701A7	N-Term(Dimethyl); S1(HexNAc); S2(HexNAc)	1,016	0	3	661,66614	1982,98386	1,01
342	YSEFFTGSK	350	2	CAB45_HUMAN	Q701A7	N-Term(Dimethyl); S1(HexNAc); S2(HexNAc)	1,016	0	3	661,66589	1982,98313	0,64
342	YSEFFTGSK	350	2	CAB45_HUMAN	Q701A7	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc); S2(HexNAc)	1,016	0	3	663,00830	1987,01035	1,70
2699	SATVPEIEGIK	2710	5	CSPG2_HUMAN	Q7L1W4	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); T2(HexNAc); T9(HexNAc); S10(HexNAc); T13(HexNAc)	1,015	0	3	1016,82288	3048,45407	0,71
403	FQSPYEEQLEQQR	415	1	GOL14_HUMAN	P23582	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	1,015	0	2	1009,52960	2018,05193	-0,49
359	EFHHGPDPTDAPGEQAQDVASSPPRESSFQK	389	2	ERP44_HUMAN	Q9B526	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T9(HexNAc); T11(HexNAc); K31(Dimethyl:2H(4))	1,014	0	4	941,68927	3763,73525	0,47
704	GDRPSEDSR	712	1	PTPRG_HUMAN	Q7L1W4	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc)	1,014	0	2	785,85071	1570,69414	-0,69
70	KTCAESDFVNCNGQCVPSR	88	1	VLDLR_HUMAN	P98155	K1(Dimethyl); N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); C3(Carbamidomethyl); C10(Carbamidomethyl); C15(Carbamidomethyl)	1,013	1	3	830,03589	2488,09311	1,16

258	ALRPATTQEPIPER	273	1	SDC2_HUMAN	P98155	K1(Dimethyl:2H(4)); N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); C3(Carbamidomethyl); C10(Carbamidomethyl); C15(Carbamidomethyl)	1,013	1	3	832,71948	2496,14389	1,39
205	DFSLTSSSQTPGATK	219	2	PDXL2_HUMAN	O60279	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S3(HexNAc); T4(HexNAc)	1,013	0	2	744,88005	1488,75283	0,63
2153	TDYSVLTK	2161	4	CSPG2_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); S8(HexNAc); S12(HexNAc); K14(Dimethyl)	1,013	0	3	787,38800	2360,14945	0,15
360	DPVKLPTTAASTPD	373	4	A4_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); T3(HexNAc); S8(HexNAc); S12(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1,013	0	3	790,07214	2368,20188	1,09
285	LPTDLPAPSADLTPK	301	2	GLU2B_HUMAN	Q9NU53	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T3(HexNAc)	1,013	0	3	803,41229	2408,22232	1,28
94	TTNDISFGTSAVTPDIPLR	112	3	LRC8D_HUMAN	Q9NZ53	N-Term(Dimethyl); T7(HexNAc); S8(HexNAc); S18(HexNAc); K22(Dimethyl)	1,012	0	4	740,12476	2957,47719	1,55
127	AGSIEDTSAQELPNLPSPLK	148	3	PDXL2_HUMAN	Q9NZ53	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc); S8(HexNAc); S18(HexNAc); K22(Dimethyl:2H(4))	1,012	0	4	742,13660	2965,52456	0,58
123	HWFQAGYSTSR	133	2	LYOX_HUMAN	Q9GZM5	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); T8(HexNAc); K11(Dimethyl)	1,012	0	2	795,94543	1590,88359	-0,07
403	FQSPYEEQLQQR	415	2	GOLM4_HUMAN	Q9GZM5	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); T9(HexNAc); K11(Dimethyl)	1,012	0	2	795,94592	1590,88457	0,55
649	KSSPALSALVAK	662	2	K154L_HUMAN	Q9GZM5	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); T9(HexNAc); K11(Dimethyl:2H(4))	1,012	0	2	799,97083	1598,93437	0,29
468	YQSTLPWR	475	2	SUSD5_HUMAN	Q9GZM5	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); T9(HexNAc); K11(Dimethyl:2H(4))	1,012	0	2	799,97107	1598,93486	0,59
191	CEQDRPSPTTAPP	203	4	LAMP1_HUMAN	P18433	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); S7(HexNAc); T11(HexNAc)	1,011	0	3	671,67682	2013,01590	1,83
149	TITTTMHSEAK	159	1	PORIM_HUMAN	Q9NS64	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc)	1,011	0	3	565,91650	1695,73496	0,27
215	LTTSGSAEVHK	225	1	K319L_HUMAN	Q9NS64	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc)	1,011	0	3	567,25824	1699,76017	0,33
162	SSHVITDLTSTK	174	3	PODXL_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); T7(HexNAc); S11(HexNAc); K13(Dimethyl)	1,010	0	3	676,99658	2028,97519	2,20
126	SHPELQTPKDSYTK	139	3	TGON2_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); T7(HexNAc); S11(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4))	1,010	0	3	679,67871	2037,02158	0,32
272	EAAQTIVAPTTANK	285	4	QSOX1_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc); S6(HexNAc)	1,010	1	3	643,32886	1927,97202	0,70
273	EKPTREVQEVSR	284	4	GOLM4_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc); S6(HexNAc)	1,010	1	3	644,67047	1931,99686	0,56
360	DPVKLPTTAASTPD	373	1	A4_HUMAN	Q9NS64	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc)	1,010	0	2	848,37146	1695,73564	0,67
490	DSTVQSGGSHALGDR	505	3	HEG1_HUMAN	Q8I2A0	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); T3(HexNAc); S6(HexNAc); K11(Dimethyl:2H(4))	1,009	0	3	601,65051	1802,93698	0,68
480	IRTTTSGVPR	489	4	DAG1_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc); S6(HexNAc)	1,009	1	3	643,32880	1927,97184	0,60
224	VIXPTSSNTAQGR	236	4	TICN1_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc); S6(HexNAc)	1,009	1	3	643,32874	1927,97165	0,51
462	VTTKVSITR	470	4	DAG1_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc); S6(HexNAc)	1,009	1	3	644,67078	1931,99778	1,03
22	ATTVAPSVGTR	33	1	PTPRA_HUMAN	O14763	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc)	1,007	0	2	766,91492	1532,82256	0,55
634	LYGSAGPPPTGEEDTAEKDEL	654	2	GRP78_HUMAN	P16070	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); S2(HexNAc)	1,007	0	3	1003,10327	3007,29526	-0,28
577	LGNTISSLGGGTTTDAK	594	2	HYOU1_HUMAN	Q3T906	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); S7(HexNAc); K9(Dimethyl)	1,007	0	2	712,40051	1423,79375	0,46
661	ATVQPLDLGFTITPK	675	2	L37A3_HUMAN	Q3T906	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); S7(HexNAc); K9(Dimethyl)	1,007	0	2	712,40045	1423,79363	0,38
100	SSPWQPPPLQQR	112	2	CHSS3_HUMAN	O60279	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S3(HexNAc); T4(HexNAc)	1,007	0	2	744,88031	1488,75334	0,98
176	NKDPTRRRPELAGTN	190	1	EFNB2_HUMAN	O75487;Q9Y625	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc)	1,006	0	3	535,94073	1605,80765	-0,17
287	NPTPEGSDGMSDKETHDVK	307	1	APLP2_HUMAN	O75487;Q9Y625	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc)	1,006	0	3	537,28290	1609,83414	0,69
649	GLTTRPGSLTNIKTEE	665	4	A4_HUMAN	P13473	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); T7(HexNAc)	1,005	0	2	1048,02515	2095,04302	0,09

						T8(HexNAc); K12(Dimethyl)							
31	AGQPPTAAAAQPR	44	1	AT55_HUMAN	Q9UNA0	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc)	1,005	0	2	769,40216	1537,79704	0,05	
478	FTASSSSGMVFK	489	2	NRX3B_HUMAN	Q9HDB5	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); S7(HexNAc); K12(Dimethyl)	1,005	0	2	830,90399	1660,80071	1,23	
205	RLEPTAPPTMARGLAQP	222	2	N2DL3_HUMAN	Q9HDB5	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S4(HexNAc); S5(HexNAc); K12(Dimethyl:2H(4))	1,005	0	2	834,92920	1668,85112	1,35	
659	NSVPVTSAFPPTAK	671	1	NLGN1_HUMAN	Q8IYS2	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); K8(Dimethyl:2H(4))	1,004	0	2	582,33582	1163,66435	-0,21	
127	AGSIEDTSQAQELPNLPSPLPK	148	2	PDXL2_HUMAN	Q9NZ53	N-Term(Dimethyl); S8(HexNAc); S18(HexNAc); K22(Dimethyl)	1,002	0	3	918,80310	2754,39475	0,55	
282	SEALPTDLPAPSADLLEPK	301	2	GLU2B_HUMAN	Q9NZ53	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S8(HexNAc); S18(HexNAc); K22(Dimethyl:2H(4))	1,002	0	3	921,48669	2762,44553	0,75	
462	VTKVSIITR	470	2	DAG1_HUMAN	O60462	N-Term(Dimethyl:2H(4)); C8(Carbamidomethyl); K12(Dimethyl:2H(4)); T14(HexNAc); T17(HexNAc); K23(Dimethyl:2H(4))	1,002	0	4	762,65985	3047,61757	1,33	
342	AVAVTLQSH	350	3	YIPF3_HUMAN	Q9HDB5	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); S6(HexNAc); S7(HexNAc); K12(Dimethyl)	1,002	0	2	932,44214	1863,87700	-0,55	
118	EHEEPTTSEMAEITYSPK	135	2	IBP5_HUMAN	Q7Z3D4	N-Term(Dimethyl); S3(HexNAc); S6(HexNAc)	1,001	0	3	696,31531	2086,93137	0,69	
1684	VPATTIYVSEQPSAK	1699	3	CSPG2_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc)	1,001	0	2	905,94995	1810,89263	0,51	
2153	TDVSVLTIKK	2162	3	CSPG2_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc)	1,001	0	2	907,96283	1814,91838	0,87	
205	DFSLTSSSQTPGATK	219	3	PDXL2_HUMAN	Q9NZ53	N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc); T10(HexNAc); T14(HexNAc); K15(Dimethyl)	1,000	0	2	1096,52124	2192,03520	0,52	
210	AATVGLSQQLQER	224	3	APOE_HUMAN	Q9NZ53	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc); T10(HexNAc); T14(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))	1,000	0	2	1100,54639	2200,08550	0,55	
125	KPTVQPSPTTSK	137	3	MUC24_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl:2H(4)); C6(Carbamidomethyl); T12(HexNAc); T16(HexNAc); T17(HexNAc)	1,000	0	3	876,74146	2628,20981	0,18	
337	AATERPLPPTTER	349	4	NID1_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T12(HexNAc); T13(HexNAc); S2(HexNAc); K24(Dimethyl:2H(4))	0,999	0	4	883,45398	3530,79409	1,05	
39	STPTSQAAGPSSGSCPPTK	58	4	CD320_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc); S6(HexNAc)	0,997	1	3	591,29498	1771,87040	0,48	
360	DPVKLPTTAASPTD	373	3	A4_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T3(HexNAc); Y5(HexNAc); K14(Dimethyl)	0,997	0	3	719,69562	2157,07230	1,20	
360	DPVKLPTTAASPTDA	374	3	A4_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); T3(HexNAc); Y5(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	0,997	0	3	722,37946	2165,12381	1,79	
3021	GDQSTIAASEQQVAAR	3036	1	CSPG2_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc)	0,996	0	3	621,64111	1862,90879	-0,17	
1273	ATTASRLPSSAVTPR	1287	3	AGRIN_HUMAN	O75056	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S3(HexNAc); T4(HexNAc); S7(HexNAc)	0,995	0	3	576,97754	1728,91806	0,96	
137	AVSTAHPPTGK	147	3	COCH_HUMAN	Q04900	N-Term(Dimethyl); K1(Dimethyl); T3(HexNAc); T10(HexNAc); T11(HexNAc); K13(Dimethyl)	0,995	0	3	684,36023	2051,06614	0,92	
40	VSTHPSLSQRPGGSK	55	3	TGON2_HUMAN	Q04900	N-Term(Dimethyl); K1(Dimethyl); T3(HexNAc); T10(HexNAc); T11(HexNAc); K13(Dimethyl)	0,995	0	3	684,35999	2051,06540	0,57	
137	AVSTAHPPTGK	147	3	COCH_HUMAN	Q04900	K1(Dimethyl:2H(4)); N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T10(HexNAc); T11(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4))	0,995	0	3	688,38727	2063,14725	3,73	
313	TMSSPTAASTHRYPK	329	3	PODXL_HUMAN	Q04900	K1(Dimethyl:2H(4)); N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T10(HexNAc); T11(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4))	0,995	0	3	688,38507	2063,14066	0,53	
299	AAVSTGGCLHTCSR	312	3	LRP11_HUMAN	Q86VZ4	N-Term(Dimethyl); S4(HexNAc); T5(HexNAc); C8(Carbamidomethyl); C12(Carbamidomethyl); S13(HexNAc)	0,994	0	3	726,64948	2177,93387	0,59	
176	NKDPTRRPELEAGTNGR	192	3	EFNB2_HUMAN	Q86VZ4	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S4(HexNAc); T5(HexNAc); C8(Carbamidomethyl); C12(Carbamidomethyl); S13(HexNAc)	0,994	0	3	727,99103	2181,95853	0,38	

295	GTMSDKETHDVK	307	2	APLP2_HUMAN	Q06481	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); M3(Oxidation); K6(Dimethyl); T9(HexNAc); K13(Dimethyl)	0,994	1	4	492,49353	1966,95229	-0,16
191	CEQDRPSPPT	200	2	LAMP1_HUMAN	Q06481	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); M3(Oxidation); K6(Dimethyl); T9(HexNAc); K13(Dimethyl)	0,994	1	4	492,49368	1966,95290	0,15
51	VTPGTSEDRYK	61	2	PDPN_HUMAN	Q06481	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); M3(Oxidation); K6(Dimethyl); T9(HexNAc); K13(Dimethyl)	0,994	1	4	495,51251	1979,02822	0,15
292	LYSQDSQSPAAQQET	306	2	LYSM3_HUMAN	Q723D4	N-Term(Dimethyl); S3(HexNAc); S6(HexNAc)	0,993	0	3	696,31543	2086,93174	0,87
2526	EFEDSTLKPNR	2536	2	CSPG2_HUMAN	Q723D4	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); S3(HexNAc); S6(HexNAc)	0,993	0	3	697,65710	2090,95676	0,83
272	EAAQTTVAPTTANK	285	4	QSOX1_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc); S6(HexNAc)	0,992	1	3	643,32880	1927,97184	0,60
70	SSAEAQTPEDTPNK	83	4	TGON2_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc); S6(HexNAc)	0,992	1	3	644,66956	1931,99411	-0,86
110	GGSGNPTTIESPKSTK	127	2	PODXL_HUMAN	P55085	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T8(HexNAc); K10(Dimethyl); K12(Dimethyl)	0,992	0	3	490,93069	1470,77753	0,09
480	IRTTSGVP	488	3	DAG1_HUMAN	P05067	T1(HexNAc); N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T3(HexNAc); K12(Dimethyl)	0,991	0	3	637,33698	1909,99637	-0,07
1940	EYSTVSHPIAK	1950	3	CSPG2_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); T2(HexNAc); T3(HexNAc); K12(Dimethyl); K13(Dimethyl)	0,991	0	3	640,02051	1918,04697	0,13
385	ATAPNKPALSNTKTR	400	4	LRP11_HUMAN	Q9HDB5	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); S5(HexNAc); S6(HexNAc); S7(HexNAc); M9(Oxidation); K12(Dimethyl)	0,991	0	2	1041,98059	2082,95391	0,76
385	ATAPNKPALSNTKTR	400	4	LRP11_HUMAN	Q9HDB5	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); S5(HexNAc); S6(HexNAc); S7(HexNAc); M9(Oxidation); K12(Dimethyl); K13(Dimethyl)	0,991	0	2	1046,00488	2091,00249	-0,02
824	IDETGTPGVEGEGDKNISR	845	2	NRP1_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); T7(HexNAc); K18(Dimethyl)	0,990	1	3	925,09039	2773,25663	1,12
726	RVPSEAPTEVPDRDPEK	743	2	DAG1_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); T7(HexNAc); K18(Dimethyl); K19(Dimethyl)	0,990	1	3	927,77338	2781,30558	0,67
191	CEQDRPSPPT	200	3	LAMP1_HUMAN	P254H5	N-Term(Dimethyl); K1(Dimethyl); T2(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc)	0,990	1	2	893,44635	1785,88542	0,13
649	GLTTRPGSLTNKTEIESEVK	670	1	A4_HUMAN	P02649	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T3(HexNAc)	0,989	0	3	578,31750	1732,93796	0,07
480	IRTTSGVPR	489	3	DAG1_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc)	0,989	1	3	575,63538	1724,89157	0,16
191	QPTSTHPVATPTSSGHDLMK	211	3	PODXL_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc)	0,989	1	3	576,97705	1728,91660	0,11
366	TTGPSEDAGGDSLVEK	381	2	LRP11_HUMAN	Q9UH18	N-Term(Dimethyl); T7(HexNAc); C8(Carbamidomethyl); T18(HexNAc); K20(Dimethyl); K21(Dimethyl)	0,989	0	4	629,30859	2514,21255	0,34
191	QGDVGGTCGVVDEPRPTGK	210	1	ATSL_HUMAN	Q9UH18	N-Term(Dimethyl); C8(Carbamidomethyl); T18(HexNAc); K20(Dimethyl)	0,989	0	3	768,36609	2303,08371	0,70
713	FITVNPAAKNTSG	725	3	PTPRG_HUMAN	Q13467	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T5(HexNAc); K14(Dimethyl); T16(HexNAc)	0,988	0	3	781,07965	2341,22440	-0,75
140	SGAEAQTPEDSPNR	153	2	TGON2_HUMAN	O43493	N-Term(Dimethyl); S1(HexNAc); S11(HexNAc)	0,987	0	2	946,92188	1892,83647	0,43
209	AALGPQPTR	217	1	PSI13_HUMAN	Q8NBRO	N-Term(Dimethyl); T8(HexNAc)	0,987	0	2	571,31445	1141,62163	0,36
366	TTGPSEDAGGDSLVEK	381	2	LRP11_HUMAN	Q86V24	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); T2(HexNAc); K16(Dimethyl)	0,986	0	3	675,65198	2024,94138	0,94
366	TTGPSEDAGGDSLVEK	381	2	LRP11_HUMAN	Q86V24	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); T2(HexNAc); K16(Dimethyl)	0,986	0	3	675,65167	2024,94046	0,49
824	IDETGTPGVEGEGDKNISR	845	2	NRP1_HUMAN	Q86V24	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); T2(HexNAc); K16(Dimethyl)	0,986	0	3	678,33521	2032,99106	0,68
824	IDETGTPGVEGEGDKNISR	845	2	NRP1_HUMAN	Q86V24	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); T2(HexNAc); K16(Dimethyl); K17(Dimethyl)	0,986	0	3	678,33643	2032,99472	2,48
258	ALRPATTQEPDIPER	273	2	SDC3_HUMAN	O75056	N-Term(Dimethyl); T7(HexNAc); T8(HexNAc)	0,985	0	3	742,38171	2225,13059	0,41
931	LGVTAEYSPASR	942	2	HEG1_HUMAN	O75056	N-Term(Dimethyl); T7(HexNAc); T8(HexNAc)	0,985	0	3	743,72284	2229,15396	-0,37

478	FTASSSSGMVPK	489	4	NRX3B_HUMAN	Q9HDB5	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); S5(HexNAc); S6(HexNAc); S7(HexNAc); M9(Oxidation); K12(Dimethyl)	0,985	0	2	1041,98022	2082,95317	0,41
505	ENLWASDSDPDVHSTPTTLMPEHRINPGCELATSEATWK	544	4	CI131_HUMAN	Q9HDB5	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); S5(HexNAc); S6(HexNAc); S7(HexNAc); M9(Oxidation); K12(Dimethyl:2H(4))	0,985	0	2	1046,00476	2091,00224	-0,14
63	GQGQETSGPPR	73	2	B4GT7_HUMAN	Q9UBV7	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); S7(HexNAc)	0,984	0	2	774,36322	1547,71916	0,48
82	MEAATNQDQGR	93	2	LRC8D_HUMAN	Q9UBV7	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); S7(HexNAc)	0,984	0	2	776,37610	1551,74492	0,89
162	SSHVTTDLTSTK	174	4	PODXL_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); T7(HexNAc); T10(HexNAc); S11(HexNAc); K13(Dimethyl)	0,984	0	3	744,68854	2232,05106	0,43
162	SSHVTTDLTSTK	174	4	PODXL_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); T7(HexNAc); T10(HexNAc); S11(HexNAc); K13(Dimethyl)	0,984	0	3	744,68903	2232,05252	1,09
175	SPLRQETQAPGR	188	4	CGRE1_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); T7(HexNAc); T10(HexNAc); S11(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4))	0,984	0	3	747,37189	2240,10111	0,36
490	DSTVQSGSHTALGDR	505	2	HEG1_HUMAN	P11279	N-Term(Dimethyl); C1(Carbamidomethyl); T9(HexNAc); T10(HexNAc)	0,983	0	3	630,62036	1889,84653	1,67
738	TQHTTTRPVPDTSRL	752	2	LDLR_HUMAN	P11279	N-Term(Dimethyl); C1(Carbamidomethyl); T9(HexNAc); T10(HexNAc)	0,983	0	3	630,61963	1889,84433	0,50
200	GSLGSDSGKHETVQEEK	217	1	EFNB1_HUMAN	P98172	N-Term(Dimethyl); K9(Dimethyl); T12(HexNAc); K18(Dimethyl)	0,983	1	4	555,01837	2217,05166	-0,07
273	EKPTRVEQVSR	284	1	GOLI4_HUMAN	P98172	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K9(Dimethyl:2H(4)); T12(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	0,983	1	4	558,03735	2229,12758	0,20
128	SSQTEATGQAVSTAHPPGK	147	2	COCH_HUMAN	O43405	N-Term(Dimethyl); T13(HexNAc); T18(HexNAc); K20(Dimethyl)	0,982	0	4	605,04797	2417,17006	0,90
191	CEQDRPSPTTAPPAPPSPSPVPK	215	2	LAMP1_HUMAN	O43405	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T13(HexNAc); T18(HexNAc); K20(Dimethyl:2H(4))	0,982	0	4	607,06073	2425,22109	1,23
267	ATVLSQVPK	275	2	GPR64_HUMAN	Q8IZP9	N-Term(Dimethyl); T13(HexNAc); S5(HexNAc); K9(Dimethyl)	0,982	0	2	702,89624	1404,78520	1,39
330	TPSPVAHESNWK	343	2	PODXL_HUMAN	Q8IZP9	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); S5(HexNAc); K9(Dimethyl:2H(4))	0,982	0	2	706,92090	1412,83452	0,75
480	IRTTTSGVPR	489	4	DAG1_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc); S6(HexNAc)	0,982	1	3	643,32886	1927,97202	0,70
464	LVSTLRPPESR	474	4	AMD_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc); S6(HexNAc)	0,982	1	3	644,67047	1931,99686	0,56
337	AATERPLGPPTER	349	3	NID1_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); S5(HexNAc); T8(HexNAc)	0,982	0	2	806,90912	1612,81096	0,47
649	GLTTRPGSLTNIKTEEIS	667	4	A4_HUMAN	P18433	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T3(HexNAc); S7(HexNAc); T11(HexNAc)	0,980	0	3	671,67596	2013,01334	0,56
198	VSSLQTTSQYLIR	210	4	GINM1_HUMAN	P18433	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); T3(HexNAc); S7(HexNAc); T11(HexNAc)	0,980	0	3	673,01782	2017,03891	0,79
1496	TALQMESYQNTVTLIDHSEEIFK	1519	3	COOA1_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc)	0,978	0	2	907,96210	1814,91692	0,06
149	VTPTSQPVK	158	2	MUC24_HUMAN	P14543	N-Term(Dimethyl); T8(HexNAc); T9(HexNAc)	0,978	0	2	791,89069	1582,77410	0,38
233	SQTPAPSEVVLDSK	247	2	GOLM1_HUMAN	Q8NB34	N-Term(Dimethyl); S1(HexNAc); S7(HexNAc); K15(Dimethyl)	0,978	0	2	1004,00446	2007,00163	-0,01
726	RVPSEAPPTEVPDRDPEK	743	2	DAG1_HUMAN	Q8NB34	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc); S7(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))	0,978	0	2	1008,03070	2015,05412	1,12
480	IRTTTSGVPR	489	4	DAG1_HUMAN	O00391	N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc); T6(HexNAc); T10(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl)	0,978	0	2	1136,05273	2271,09819	0,35
649	GLTTRPGSLTNIK	662	2	A4_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl)	0,978	0	3	626,34619	1877,02402	0,72
403	FQSPYEEQLQQR	415	2	GOLI4_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl)	0,978	0	3	626,34613	1877,02384	0,62
649	GLTTRPGSLTNIKTEEISEVK	670	2	A4_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	0,978	0	3	629,02972	1885,07462	0,92

649	GLTRPGSLTNKTEIESEVK	670	2	A4_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	0,978	0	3	629,02930	1885,07334	0,24
195	KESVSSLQTSQYLIR	210	5	GINM1_HUMAN	Q9NU53	N-Term(Dimethyl); K1(Dimethyl); S5(HexNAc); S6(HexNAc); T9(HexNAc); T10(HexNAc); S11(HexNAc)	0,976	1	3	971,15192	2911,44120	0,21
2058	STILPTAEVGTKAPVEKEVK	2079	5	CSPG2_HUMAN	Q9NU53	K1(Dimethyl:2H(4)); N-Term(Dimethyl:2H(4)); S5(HexNAc); S6(HexNAc); T9(HexNAc); T10(HexNAc); S11(HexNAc)	0,976	1	3	973,83630	2919,49436	1,22
140	SGAEAQTPEDSPNR	153	2	TGON2_HUMAN	O43493	N-Term(Dimethyl); S1(HexNAc); S11(HexNAc)	0,975	0	3	631,61737	1892,83756	1,00
200	GSLGSDSGKHETVQEEK	217	2	EFNB1_HUMAN	O43493	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc); S11(HexNAc)	0,975	0	3	632,95862	1896,86130	0,28
824	IDETGTPGVEGEGGDK	841	2	NRP1_HUMAN	P24593	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); M10(Oxidation); S16(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	0,974	0	3	861,05420	2581,14804	0,26
478	FTASSSSGMVPK	489	3	NRX3B_HUMAN	Q86V24	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); K6(Dimethyl); S11(HexNAc); T13(HexNAc); K15(Dimethyl)	0,973	1	4	597,81824	2388,25112	0,26
385	ATAPNKPPALSNTKTR	400	3	LRP11_HUMAN	Q86V24	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); K6(Dimethyl:2H(4)); S11(HexNAc); T13(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))	0,973	1	4	600,83728	2400,32729	0,61
385	ATAPNKPPALSNTKTR	400	3	LRP11_HUMAN	Q86V24	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); K6(Dimethyl:2H(4)); S11(HexNAc); T13(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))	0,973	1	4	600,83728	2400,32729	0,61
366	TTGPSDAGGDSLVEK	381	2	LRP11_HUMAN	Q86V24	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); T2(HexNAc); K16(Dimethyl)	0,972	0	2	1012,97424	2024,94121	0,86
824	IDETGTPGVEGEGGDKNISR	845	2	NRP1_HUMAN	Q86V24	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T2(HexNAc); K16(Dimethyl:2H(4))	0,972	0	2	1016,98896	2032,99065	0,48
360	DPVKLPTTAASPD	373	4	A4_HUMAN	Q9JUL3	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); Y7(HexNAc); S8(HexNAc); S11(HexNAc)	0,971	0	3	697,66840	2090,99063	2,03
386	ATFNPAQDK	394	1	PODXL_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl); T8(HexNAc); K9(Dimethyl)	0,971	0	2	625,81720	1250,62712	0,61
191	CEQDRPSPTTAPPAPPSPSPVPK	215	1	LAMP1_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); K9(Dimethyl:2H(4))	0,971	0	2	629,84247	1258,67766	0,87
462	VTRKVSITR	470	4	DAG1_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc); S6(HexNAc)	0,970	1	3	643,32880	1927,97184	0,60
204	TATLATLATR	213	4	CK024_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc); S6(HexNAc)	0,970	1	3	644,66980	1931,99485	-0,48
372	RPTTAAGTSLDR	383	7	GPC6_HUMAN	Q96D89	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T3(HexNAc); T9(HexNAc); T15(HexNAc); T19(HexNAc); K21(Dimethyl:2H(4)); S22(HexNAc); T23(HexNAc); K24(Dimethyl:2H(4))	0,970	1	4	1033,00854	4129,01235	0,69
651	TTRPGSLTNK	662	2	A4_HUMAN	Q9NZU0	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); T14(HexNAc); K15(Dimethyl)	0,970	0	3	702,36554	2105,08207	0,90
651	TTRPGSLTNK	662	2	A4_HUMAN	Q9NZU0	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T14(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))	0,970	0	3	705,04919	2113,13303	1,25
286	IAPTVMK	292	2	QSOX1_HUMAN	O60279	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S3(HexNAc); T8(HexNAc)	0,970	0	2	744,88049	1488,75371	1,23
123	TAKPTVQSPSTTSK	137	4	MUC24_HUMAN	Q04900	N-Term(Dimethyl); K1(Dimethyl); T3(HexNAc); S7(HexNAc); S9(HexNAc); S12(HexNAc); K13(Dimethyl)	0,969	0	3	752,05310	2254,14475	0,50
133	ATGQAVSTAHPPTGK	147	4	COCH_HUMAN	Q04900	N-Term(Dimethyl); K1(Dimethyl); T3(HexNAc); S7(HexNAc); S9(HexNAc); S12(HexNAc); K13(Dimethyl)	0,969	0	3	752,05304	2254,14457	0,42
124	AKPTVQSPSTTSK	137	4	MUC24_HUMAN	Q04900	K1(Dimethyl:2H(4)); N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); S9(HexNAc); T10(HexNAc); S12(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4))	0,969	0	3	756,07794	2266,21927	0,15
133	ATGQAVSTAHPPTGK	147	4	COCH_HUMAN	Q04900	K1(Dimethyl:2H(4)); N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); S7(HexNAc); S9(HexNAc); S12(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4))	0,969	0	3	756,07819	2266,22000	0,47
162	SSHVITDLTSTKAEHLT	179	2	PODXL_HUMAN	Q3T906	N-Term(Dimethyl); S1(HexNAc); S5(HexNAc)	0,968	0	2	591,29858	1181,58989	0,22
314	SSEPTEDVEPK	324	2	TGON2_HUMAN	O43493	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc);	0,968	0	2	948,93458	1896,86188	0,59

						S11(HexNAc)														
73	TQTQQLEGTDGLVTDPEHKSTK	96	4	FXYS5_HUMAN	O00468	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T2(HexNAc); T8(HexNAc); T9(HexNAc)	0,967	1	2	938,97528	1876,94328	0,50								
353	MVHTHAASPALPR	365	3	LRP11_HUMAN	Q86V24	N-Term(Dimethyl); M1(Oxidation); T3(HexNAc); T5(HexNAc); S8(HexNAc)	0,964	0	3	668,99902	2004,98252	1,51								
274	FHTTYSYTER	283	5	NRG3_HUMAN	P56975	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc); S7(HexNAc); T8(HexNAc)	0,963	0	3	762,62729	2286,00382	0,30								
191	QPTSTHPVATPTSSGHDHLMK	211	5	PODXL_HUMAN	P56975	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc); S7(HexNAc); T8(HexNAc)	0,963	0	3	764,01526	2290,03122	1,31								
101	LAGTESPVREEPGEDFPAAR	120	3	TFR1_HUMAN	Q9N253	N-Term(Dimethyl); T8(HexNAc); S8(HexNAc); T10(HexNAc); K15(Dimethyl)	0,962	0	3	731,35016	2192,03592	0,85								
241	VPSSTYVPK	249	3	TNR21_HUMAN	O43405	N-Term(Dimethyl); T8(HexNAc); T13(HexNAc); K15(Dimethyl)	0,960	0	3	696,68335	2088,03550	0,55								
204	TVPSPTTPTPK	215	3	LAMP2_HUMAN	O43405	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); T8(HexNAc); T13(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))	0,960	0	3	699,36682	2096,08591	0,64								
265	VFVPTTGLPGSSVADSPGSR	287	5	SUSD5_HUMAN	O60279	N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc); T6(HexNAc); S14(HexNAc); S19(HexNAc); S22(HexNAc)	0,960	0	4	800,63739	3199,52773	0,38								
536	TRLPTAASASK	546	2	PTPRG_HUMAN	P14543	N-Term(Dimethyl); T8(HexNAc); T9(HexNAc)	0,959	0	2	791,89075	1582,77422	0,46								
287	SLTSKVPPTVQKPT	300	2	DAF_HUMAN	P14543	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T8(HexNAc); T9(HexNAc)	0,959	0	2	793,90387	1586,80046	1,18								
1686	ATTIVPSEQPSAK	1699	4	CSPG2_HUMAN	P23470	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); T10(HexNAc); T14(HexNAc); T17(HexNAc)	0,959	0	4	740,09381	2957,35341	1,32								
136	SGPSDGPATPYQPR	149	2	PRRT4_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); T7(HexNAc); K18(Dimethyl)	0,959	1	3	925,09003	2773,25553	0,73								
204	TATLATLATR	213	2	CK024_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); T7(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	0,959	1	3	927,77417	2781,30796	1,52								
2212	VTESIPAHEVHTDSPAIK	2228	6	CSPG2_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl); S3(HexNAc); S4(HexNAc); S5(HexNAc); S6(HexNAc); T7(HexNAc); Y13(HexNAc)	0,959	0	3	839,05316	2515,14493	0,19								
166	QVTVESVSDSITV	177	1	CUTA_HUMAN	Q9HC86	N-Term(Dimethyl); C2(Carbamidomethyl); T12(HexNAc)	0,958	0	2	859,35986	1717,71245	0,86								
211	NVETTVDEVDLPGKL	225	1	GINM1_HUMAN	Q9HC86	N-Term(Dimethyl:2H(4)); C2(Carbamidomethyl); T12(HexNAc)	0,958	0	2	861,37292	1721,73857	1,45								
360	DPVKLPTTAASTPD	373	2	A4_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl); S4(HexNAc); T9(HexNAc)	0,958	2	3	700,34332	2099,01542	0,68								
726	RVPSEAPPTVDRDPE	742	2	DAG1_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S4(HexNAc); T9(HexNAc)	0,958	2	3	701,68451	2103,03897	-0,05								
303	LGLLEDVGTTPFSYK	316	2	NID1_HUMAN	Q9N253	N-Term(Dimethyl); S8(HexNAc); S18(HexNAc); K22(Dimethyl)	0,957	0	4	689,35437	2754,39565	0,88								
359	SAIYPEDLFDK	371	2	GPC3_HUMAN	Q9N253	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S8(HexNAc); S18(HexNAc); K22(Dimethyl:2H(4))	0,957	0	4	691,36700	2762,44619	0,99								
338	VVIYNTDGPSPGPFVVK	353	4	SUSD5_HUMAN	O60279	N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc); T6(HexNAc); S19(HexNAc); S22(HexNAc)	0,957	0	4	749,86829	2996,45131	1,40								
338	VVIYNTDGPSPGPFVVK	353	4	SUSD5_HUMAN	O60279	N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc); T6(HexNAc); S19(HexNAc); S22(HexNAc)	0,957	0	4	749,86780	2996,44936	0,74								
360	DPVKLPTTAASTPD	373	3	A4_HUMAN	P23470	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T10(HexNAc); T14(HexNAc)	0,957	0	4	690,32898	2758,29409	-0,42								
726	RVPSEAPPTVDRDPEK	743	2	DAG1_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl); S4(HexNAc); T9(HexNAc); K18(Dimethyl)	0,955	2	4	621,06458	2481,23647	0,34								
726	RVPSEAPPTVDRDPEK	743	2	DAG1_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl); S4(HexNAc); T9(HexNAc); K18(Dimethyl)	0,955	2	4	621,06473	2481,23710	0,60								
204	TATLATLATR	213	2	CK024_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl); S4(HexNAc); T9(HexNAc); K18(Dimethyl)	0,955	2	4	621,06471	2481,23700	0,56								
727	VVSEAPPTVDRDPEK	743	2	DAG1_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S4(HexNAc); T9(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	0,955	2	4	623,07758	2489,28847	1,06								
204	TATLATLATR	213	2	CK024_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S4(HexNAc); T9(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	0,955	2	4	623,07715	2489,28676	0,37								

203	TTVPSPTTPTPK	215	2	LAMP2_HUMAN	P52799	N-Term(Dimethyl); K2(Dimethyl); T5(HexNAc); T14(HexNAc)	0,955	2	3	720,69800	2160,07944	0,68
640	TIPGHEQDHTAVPTDQTGGR	659	2	PTPRG_HUMAN	P52799	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K2(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc); T14(HexNAc)	0,955	2	3	723,38177	2168,13077	1,19
338	VIVYNGTDGSPGPPVVK	353	1	SUSD5_HUMAN	O60279	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); K16(Dimethyl)	0,955	0	2	933,97821	1866,94914	0,37
649	GLTTRPGSGLTNIKTEIESEVK	670	1	A4_HUMAN	O60279	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); K16(Dimethyl)	0,955	0	2	933,97864	1866,95000	0,83
133	EIVLFDKPTR	142	1	FA69A_HUMAN	O60279	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); K16(Dimethyl:2H(4))	0,955	0	2	938,00470	1875,00212	1,85
906	VIVDATTGLPLTSTVPTSAK	925	1	HEG1_HUMAN	O60279	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); K16(Dimethyl:2H(4))	0,955	0	2	938,00372	1875,00017	0,81
77	ILLTSAAPKVEITTLNIQNK	96	7	SDC2_HUMAN	Q86VL7	N-Term(Dimethyl); K2(Dimethyl); S3(HexNAc); T6(HexNAc); T7(HexNAc); T11(HexNAc); S12(HexNAc); S15(HexNAc); T17(HexNAc)	0,954	1	3	1182,25769	3544,75852	-1,19
169	SQATVTLPTWQPK	181	2	DNER_HUMAN	Q92854	N-Term(Dimethyl); K4(Dimethyl); T10(HexNAc); T16(HexNAc)	0,954	0	3	842,47443	2525,40873	0,54
374	GAIITPTLGPPIQPTR	389	2	DAG1_HUMAN	Q92854	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K4(Dimethyl:2H(4)); T10(HexNAc); S19(HexNAc)	0,954	0	3	845,15778	2533,45877	0,47
598	KPTIVETLGPVK	609	5	NRP2_HUMAN	O43493	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); S6(HexNAc); S8(HexNAc); S14(HexNAc); T15(HexNAc); K16(Dimethyl:2H(4))	0,954	0	4	680,34668	2718,36489	-0,24
200	GSLGSDSGKHETVQEEK	217	4	EFNB1_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); T7(HexNAc); T10(HexNAc); S11(HexNAc); K13(Dimethyl)	0,954	0	3	744,68933	2232,05344	1,50
3021	GQDSTIAASEQQVAAR	3036	4	CSPG2_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); T7(HexNAc); T10(HexNAc); S11(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4))	0,954	0	3	747,37164	2240,10038	0,03
39	KTVITVETQNL	50	1	TNR6_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); K5(Dimethyl)	0,953	1	3	581,64410	1742,91776	0,35
2646	YIQATHDESMTYEDR	2660	1	CSPG2_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); K6(Dimethyl:2H(4))	0,953	1	3	584,32782	1750,96891	0,88
80	GTDGPLVTPETHKSTK	96	1	FXD5_HUMAN	O75487	N-Term(Dimethyl); T7(HexNAc)	0,952	0	3	656,99249	1968,96292	0,37
649	GLTTRPGSGLTN	660	1	A4_HUMAN	P16070	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc)	0,952	0	2	658,81396	1316,62065	0,91
471	LETASPPTR	479	3	DAG1_HUMAN	O75056	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S3(HexNAc); S7(HexNAc)	0,950	0	3	576,97733	1728,91745	0,60
205	DFSLSSSQTPGATK	219	3	PDXL2_HUMAN	Q9N253	N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc); S8(HexNAc); T10(HexNAc); K15(Dimethyl)	0,949	0	3	731,34961	2192,03427	0,09
205	DFSLSSSQTPGATK	219	3	PDXL2_HUMAN	Q9N253	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc); S8(HexNAc); T10(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))	0,949	0	3	734,03326	2200,08524	0,43
70	KTCAESDPVNCNGQCPSR	88	1	VLDLR_HUMAN	P98155	K1(Dimethyl); N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); C3(Carbamidomethyl); C10(Carbamidomethyl); C15(Carbamidomethyl)	0,949	1	3	830,03571	2488,09256	0,94
931	LGVTAEVSPASR	942	1	HEG1_HUMAN	P98155	K1(Dimethyl:2H(4)); N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); C3(Carbamidomethyl); C10(Carbamidomethyl); C15(Carbamidomethyl)	0,949	1	3	832,71924	2496,14316	1,09
274	FHTTYSYTER	283	5	NRG3_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); T7(HexNAc); T10(HexNAc); S11(HexNAc); T12(HexNAc); K13(Dimethyl)	0,949	0	3	812,38159	2435,13022	0,31
126	SHPELQTPKDSYTK	139	5	TGON2_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); T7(HexNAc); T10(HexNAc); S11(HexNAc); T12(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4))	0,949	0	3	815,06531	2443,18137	0,69
649	GLTTRPGSGLTNIK	662	3	A4_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc)	0,948	1	3	576,97729	1728,91733	0,53
51	VTPGTSSEDRYK	61	1	PDPN_HUMAN	Q92854	N-Term(Dimethyl); K4(Dimethyl); T10(HexNAc)	0,948	0	2	733,44775	1465,88823	0,38
368	NPEERPTTAAGTSLDR	383	1	GFC6_HUMAN	Q92854	N-Term(Dimethyl); K4(Dimethyl); T10(HexNAc)	0,948	0	2	733,44806	1465,88884	0,80
56	ITQDLAPQQR	66	1	TR10B_HUMAN	Q92854	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K4(Dimethyl:2H(4)); T10(HexNAc)	0,948	0	2	737,47296	1473,93865	0,51
651	TTRPGSGLTNIK	662	1	A4_HUMAN	Q92854	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K4(Dimethyl:2H(4)); T10(HexNAc)	0,948	0	2	737,47296	1473,93865	0,51

124	DGTSSTNPEVTHDPCNYHSHAGAR	148	3	RGBM_HUMAN	Q9NS15	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); S9(HexNAc)	0,947	0	3	638,62897	1913,87235	0,69
100	SSPWQPPPLQQR	112	1	CHSS3_HUMAN	Q70JA7	N-Term(Dimethyl); S1(HexNAc)	0,944	0	3	593,97290	1779,90415	0,93
265	VFVPTTLGLPGAGSSVPADSPGSR	287	1	SUSD5_HUMAN	Q70JA7	N-Term(Dimethyl); S1(HexNAc)	0,944	0	3	593,97278	1779,90378	0,73
306	ITAPTLAGMSTAVVPTPTPPSK	328	1	SERC3_HUMAN	Q70JA7	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc)	0,944	0	3	595,31451	1783,92899	0,78
1503	TVPFHEEFESGTAK	1516	3	CSPG2_HUMAN	Q8NC54	N-Term(Dimethyl); S3(HexNAc); S11(HexNAc); T13(HexNAc)	0,943	0	2	1020,50593	2040,00457	1,27
128	SSQTEATGQAVSTAHPPPTGK	147	3	COCH_HUMAN	O43405	N-Term(Dimethyl); T7(HexNAc); T13(HexNAc); T18(HexNAc); K20(Dimethyl)	0,941	0	4	655,81805	2620,25039	1,19
128	SSQTEATGQAVSTAHPPPTGK	147	3	COCH_HUMAN	O43405	N-Term(Dimethyl); T7(HexNAc); T13(HexNAc); T18(HexNAc); K20(Dimethyl)	0,941	0	4	655,81757	2620,24843	0,44
364	LPTTAASPDAVDK	377	3	A4_HUMAN	O43405	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc); T13(HexNAc); T18(HexNAc); K20(Dimethyl)	0,941	0	4	657,82965	2628,29677	-0,27
186	YSDEKPAVPSR	196	3	LAYN_HUMAN	O43405	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc); T13(HexNAc); T18(HexNAc); K20(Dimethyl:2H(4))	0,941	0	4	657,83008	2628,29848	0,38
217	DVSSSTPPSVTSK	229	3	S39A6_HUMAN	O43405	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc); T13(HexNAc); T18(HexNAc); K20(Dimethyl:2H(4))	0,941	0	4	657,83008	2628,29848	0,38
70	SSAEAQTPEDTPNK	83	2	TGON2_HUMAN	Q9UBV7	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); S7(HexNAc)	0,941	0	2	776,37677	1551,74626	1,76
222	LPTDGVVLDGR	232	1	LRP11_HUMAN	Q68CQ7	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc)	0,941	1	2	613,81732	1226,62737	0,84
403	FQSPYEEQLQQR	415	4	GOL14_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K4(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc); T8(HexNAc); S11(HexNAc); T12(HexNAc)	0,941	1	3	763,72449	2289,15891	0,78
328	TMHVATVFTDGGPR	341	2	HEG1_HUMAN	O60279	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S3(HexNAc); T4(HexNAc)	0,941	0	2	744,88019	1488,75310	0,82
374	GAIIQPTLGLPIQPTR	389	2	DAG1_HUMAN	Q92854	N-Term(Dimethyl); K4(Dimethyl); T10(HexNAc); T16(HexNAc)	0,941	0	4	632,10730	2525,40737	0,00
374	GAIIQPTLGLPIQPTR	389	2	DAG1_HUMAN	Q92854	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K4(Dimethyl:2H(4)); T10(HexNAc); T16(HexNAc)	0,941	0	4	634,12085	2533,46158	1,58
360	DPVPGKPTVTR	371	4	DAG1_HUMAN	P34741	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc); K11(Dimethyl); T16(HexNAc); K17(Dimethyl)	0,941	1	4	699,62195	2795,46596	-0,03
100	SSPWQPPPLQQR	112	4	CHSS3_HUMAN	P34741	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc); K11(Dimethyl:2H(4)); T16(HexNAc); K17(Dimethyl:2H(4))	0,941	1	4	702,64081	2807,54140	0,02
727	VPSEAPTEVPDRDPEK	743	2	DAG1_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl); S3(HexNAc); T8(HexNAc); K17(Dimethyl)	0,941	1	3	775,71722	2325,13712	1,13
727	VPSEAPTEVPDRDPEK	743	2	DAG1_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl); S3(HexNAc); T8(HexNAc); K17(Dimethyl)	0,941	1	3	775,71698	2325,13639	0,81
233	SQTPAPSEVVLDSK	247	2	GOLM1_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S3(HexNAc); T8(HexNAc); K17(Dimethyl:2H(4))	0,941	1	3	778,40021	2333,18607	0,58
258	ALRPATTQEPDIPER	273	3	SDC3_HUMAN	Q9Y2B1	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); K8(Dimethyl); S9(HexNAc); T10(HexNAc); K11(Dimethyl)	0,941	1	3	643,01738	1927,03760	0,33
86	VEITLTLNLIKPIPAQTK	102	3	SDC2_HUMAN	Q9Y2B1	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); K8(Dimethyl:2H(4)); S9(HexNAc); T10(HexNAc); K11(Dimethyl:2H(4))	0,941	1	3	647,04205	1939,11161	-0,35
277	TTTTSEVEEVVR	288	2	A4_HUMAN	Q86V24	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); T2(HexNAc)	0,940	0	2	820,85522	1640,70317	0,61
279	TTSEVEEVVR	288	2	A4_HUMAN	Q86V24	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T2(HexNAc)	0,940	0	2	822,86774	1644,72820	0,55
838	MENKPTSSELQK	849	3	AMD_HUMAN	Q96EE4	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); S4(HexNAc); S6(HexNAc)	0,939	0	2	737,87610	1474,74492	1,90
649	GLTRPGSSGLTNKTEISEVK	670	2	A4_HUMAN	Q9N253	N-Term(Dimethyl); T10(HexNAc); T14(HexNAc); K15(Dimethyl)	0,938	0	2	994,98181	1988,95635	0,83
364	FRPNYPERPITTAAGTSLDR	383	2	GPC6_HUMAN	Q9N253	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S7(HexNAc); S8(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))	0,938	0	2	999,00720	1997,00713	1,11
215	LTTSGSAEVHK	225	1	K319L_HUMAN	O60279	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S9(HexNAc)	0,938	0	2	899,91296	1798,81865	1,04
536	TRLPTAASASK	546	3	PTPRG_HUMAN	O43405	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S3(HexNAc); T4(HexNAc); T8(HexNAc); K11(Dimethyl:2H(4))	0,937	0	3	580,31116	1738,91892	-0,46

215	VAALQTVGTPAGPAPK	230	1	K2013_HUMAN	P98155	T1(HexNAc); N-Term(Dimethyl); C2(Carbamidomethyl); C9(Carbamidomethyl); C14(Carbamidomethyl)	0,936	0	3	777,99329	2331,96531	0,58
205	DFSLTSSSQTPGATK	219	1	PDXL2_HUMAN	P98155	T1(HexNAc); N-Term(Dimethyl:2H(4)); C2(Carbamidomethyl); C9(Carbamidomethyl); C14(Carbamidomethyl)	0,936	0	3	779,33502	2335,99051	0,62
366	TTGSPSEDAGGDSLVEK	381	1	LRP11_HUMAN	Q9UH18	N-Term(Dimethyl); C8(Carbamidomethyl); T18(HexNAc); K20(Dimethyl)	0,936	0	3	768,36664	2303,08536	1,42
342	AVAVTLQSH	350	1	YIPF3_HUMAN	Q9UH18	N-Term(Dimethyl:2H(4)); C8(Carbamidomethyl); T18(HexNAc); K20(Dimethyl:2H(4))	0,936	0	3	771,04926	2311,13321	0,39
195	KESVSSLQTSQYLIR	210	2	GINM1_HUMAN	Q9HDB5	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); T8(HexNAc)	0,936	0	3	601,98114	1803,92887	0,86
214	AGQDVLHLPTDGVLDGR	232	1	LRP11_HUMAN	Q96V24	N-Term(Dimethyl); T11(HexNAc)	0,935	0	3	731,39099	2192,15842	1,18
824	IDETGTPGYEGEGDKNISR	845	1	NRP1_HUMAN	Q9H4F8	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); K9(Dimethyl:2H(4))	0,935	1	3	521,26685	1561,78598	1,76
824	IDETGTPGYEGEGDKNISR	845	1	NRP1_HUMAN	Q9H4F8	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); K9(Dimethyl:2H(4))	0,935	1	3	521,26587	1561,78305	-0,12
144	TAQEPATSHPHR	155	4	SDCL1_HUMAN	Q8N131	T1(HexNAc); N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc); M6(Oxidation); K11(Dimethyl)	0,935	0	3	701,99670	2103,97556	0,85
40	SPTASTIRSEPPRRR	55	4	SL9A1_HUMAN	Q8N131	T1(HexNAc); N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc); M6(Oxidation); K11(Dimethyl:2H(4))	0,935	0	3	704,67954	2112,02408	0,05
239	TQGTVPVHLNYR	249	2	MA1B1_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); T5(HexNAc); K14(Dimethyl)	0,934	0	3	662,99408	1986,96769	1,08
191	CEQDRPSPTTAPPAPPSPSPVPK	215	2	LAMP1_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T5(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	0,934	0	3	665,67688	1995,01609	0,17
374	GAIITPTLGIQPTR	389	2	DAG1_HUMAN	Q9NQX5	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); S10(HexNAc)	0,934	0	2	846,93835	1692,86943	0,18
565	DNLLDTSADQGDSSSEGLLAR	586	2	QSOX2_HUMAN	Q9NZ53	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T10(HexNAc); T14(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))	0,932	0	3	666,34009	1997,00571	0,40
371	ERPTTAAGTSLDR	383	2	GPC6_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S4(HexNAc); T9(HexNAc)	0,932	2	3	701,68469	2103,03952	0,21
359	EFHHGPOPTDTPAGEQAQDVASSPPESSFOK	389	3	ERP44_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); T8(HexNAc); T15(HexNAc)	0,931	0	3	768,75446	2304,24881	0,21
233	SQTPAPSSVEWLDK	247	2	GOLM1_HUMAN	Q8NB14	N-Term(Dimethyl); S1(HexNAc); S7(HexNAc); K15(Dimethyl)	0,930	0	3	669,67267	2007,00345	0,89
824	IDETGTPGYEGEGDKNISR	845	2	NRP1_HUMAN	Q8NB14	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc); S7(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))	0,930	0	3	672,35522	2015,05112	-0,37
713	FITVPAEKNTSG	725	3	PTPRG_HUMAN	P05067	T1(HexNAc); N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T9(HexNAc); K12(Dimethyl)	0,925	0	3	637,33752	1909,99802	0,80
649	GLTTRPGSGLTNIKTEE	665	3	A4_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T2(HexNAc); T9(HexNAc); K12(Dimethyl:2H(4))	0,925	0	3	640,02069	1918,04752	0,42
364	LPTTAASPTDAVDK	377	2	A4_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); S5(HexNAc)	0,923	0	2	705,36926	1409,73125	0,29
360	DPVKLPTAASTPD	373	1	A4_HUMAN	Q86VL7	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); K11(Dimethyl)	0,922	1	3	504,59134	1511,75946	0,42
360	DPVKLPTAASTPD	373	1	A4_HUMAN	Q86VL7	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); K11(Dimethyl:2H(4))	0,922	1	3	507,27481	1519,80988	0,55
597	SKPTVETLGTVK	609	2	NRP2_HUMAN	P18827	N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc); S7(HexNAc); K10(Dimethyl)	0,922	0	2	819,41785	1637,82842	0,93
118	EHEEPTTSEMAEETYSK	135	1	IBP5_HUMAN	P24593	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); M10(Oxidation); K18(Dimethyl)	0,921	0	3	790,67786	2370,01902	0,52
118	EHEEPTTSEMAEETYSK	135	1	IBP5_HUMAN	P24593	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); M10(Oxidation); K18(Dimethyl)	0,921	0	3	790,67780	2370,01883	0,44
824	IDETGTPGYEGEGDGDK	841	1	NRP1_HUMAN	P24593	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); M10(Oxidation); K18(Dimethyl:2H(4))	0,921	0	3	793,36096	2378,06833	0,14
824	IDETGTPGYEGEGDGDK	841	1	NRP1_HUMAN	P24593	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); M10(Oxidation); K18(Dimethyl:2H(4))	0,921	0	3	793,36121	2378,06906	0,45
651	TTRPGSGLTNIKTEEISEVK	670	3	A4_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); S4(HexNAc); S14(HexNAc); K17(Dimethyl); K18(Dimethyl)	0,921	1	4	661,60315	2643,39077	1,67

2476	AVTADGFP	2484	3	CSPG2_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); S4(HexNAc); S14(HexNAc); K17(Dimethyl:2H(4)); K18(Dimethyl:2H(4))	0,921	1	4	664,62061	2655,46059	-0,40
1111	NCPPTICDLDTQFR	1124	3	SORL_HUMAN	Q3T906	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc); S6(HexNAc); S10(HexNAc)	0,921	0	2	956,99695	1912,98662	-1,76
286	IAPTVWK	292	2	QSOX1_HUMAN	Q9N253	N-Term(Dimethyl); S7(HexNAc); S8(HexNAc); K15(Dimethyl)	0,920	0	2	994,98090	1988,95452	-0,09
163	TNPEDIYSPNPTDDVSSGSSSER	186	2	CD44_HUMAN	Q9N253	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S7(HexNAc); S8(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))	0,920	0	2	999,00714	1997,00701	1,05
70	SSAEAQTPEDTPNK	83	3	TGON2_HUMAN	O75056	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S3(HexNAc); T4(HexNAc); S7(HexNAc)	0,920	0	3	576,97723	1728,91715	0,43
1415	HLVTVPKDPEAAEAR	1430	2	CSPG2_HUMAN	Q10471	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S3(HexNAc); T6(HexNAc); K11(Dimethyl:2H(4))	0,920	0	2	814,92999	1628,85271	-0,77
407	VTPDQPIVLEVK	418	2	SUSD5_HUMAN	Q9NU53	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); T2(HexNAc)	0,920	0	3	765,71729	2295,13730	0,93
403	FQSPYEEQLEQQRL	416	2	GOLI4_HUMAN	Q9NU53	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); T2(HexNAc)	0,920	0	3	765,71680	2295,13584	0,29
360	DPVKLPTTAASPDVAVDKYLETPGDN	386	2	A4_HUMAN	Q9NU53	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T2(HexNAc)	0,920	0	3	767,05743	2299,15775	-1,10
205	DFSLTSSSQTPGATK	219	3	PDXL2_HUMAN	Q9N253	N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc); S8(HexNAc); T10(HexNAc); K15(Dimethyl)	0,919	0	2	1096,52100	2192,03472	0,29
649	GLTTRPGSLTNIKTEIESEVK	670	3	A4_HUMAN	Q9N253	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc); S8(HexNAc); T10(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))	0,919	0	2	1100,54590	2200,08452	0,11
360	DPVKLPTTAASPD	373	1	A4_HUMAN	Q9B526	N-Term(Dimethyl); T9(HexNAc)	0,918	0	3	760,66138	2279,96958	0,33
	TGIPVTSPIYQHFTKTPK		1		Q9B526	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T9(HexNAc)	0,918	0	3	762,00171	2283,99057	-1,47
478	FTASSSSGMVPK	489	2	NRX3B_HUMAN	Q9HD85	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); S7(HexNAc); M9(Oxidation); K12(Dimethyl)	0,915	0	2	838,90045	1676,79363	0,03
191	CEQDRPSPTTAPPAPSPSPVVK	215	2	LAMP1_HUMAN	Q9HD85	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); S7(HexNAc); M9(Oxidation); K12(Dimethyl:2H(4))	0,915	0	2	842,92615	1684,84502	0,73
649	GLTTRPGSLTNIKTEEI	666	4	A4_HUMAN	P05067	T1(HexNAc); N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T9(HexNAc); K12(Dimethyl); T13(HexNAc); K20(Dimethyl)	0,914	1	4	764,89642	3056,56386	0,56
258	ALRPATTQEPDIPER	273	2	SDC3_HUMAN	Q02818	N-Term(Dimethyl); K5(Dimethyl); T8(HexNAc); T11(HexNAc)	0,911	1	4	724,59399	2895,35415	0,35
931	LGVTAEYSPASR	942	2	HEG1_HUMAN	Q02818	N-Term(Dimethyl); K5(Dimethyl); T8(HexNAc); T11(HexNAc)	0,911	1	4	724,59485	2895,35756	1,53
662	KTEIESEVK	670	7	A4_HUMAN	Q96D89	N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc); T8(HexNAc); T9(HexNAc); T10(HexNAc); S12(HexNAc); S16(HexNAc); S18(HexNAc)	0,911	0	4	833,87225	3332,46718	0,74
125	KPTVQSPSTTSK	137	5	MUC24_HUMAN	Q04900	N-Term(Dimethyl); K1(Dimethyl); T3(HexNAc); S7(HexNAc); S9(HexNAc); T10(HexNAc); S12(HexNAc); K13(Dimethyl)	0,910	0	3	819,74646	2457,22483	0,75
137	AVSTAHPPTGK	147	5	COCH_HUMAN	Q04900	N-Term(Dimethyl); K1(Dimethyl); T3(HexNAc); S7(HexNAc); S9(HexNAc); T10(HexNAc); S12(HexNAc); K13(Dimethyl)	0,910	0	3	819,74615	2457,22391	0,38
137	AVSTAHPPTGK	147	5	COCH_HUMAN	Q04900	K1(Dimethyl:2H(4)); N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); S7(HexNAc); S9(HexNAc); T10(HexNAc); S12(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4))	0,910	0	3	823,77216	2469,30191	1,46
125	KPTVQSPSTTSK	137	5	MUC24_HUMAN	Q04900	K1(Dimethyl:2H(4)); N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); S7(HexNAc); S9(HexNAc); T10(HexNAc); S12(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4))	0,910	0	3	823,77136	2469,29953	0,50
137	AVSTAHPPTGK	147	5	COCH_HUMAN	Q04900	K1(Dimethyl:2H(4)); N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); S7(HexNAc); S9(HexNAc); T10(HexNAc); S12(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4))	0,910	0	3	823,77167	2469,30045	0,87
726	RVSEAPPTEVPDRDPEK	743	2	DAG1_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl); S4(HexNAc); T9(HexNAc); K18(Dimethyl)	0,910	2	4	621,06500	2481,23818	1,03
214	EPEQGTGLPSR	224	2	MA1B1_HUMAN	Q9Y625	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T2(HexNAc)	0,910	1	3	589,29694	1765,87625	0,54

26	TTGAPEPPPLSGAPQDGIR	44	2	GINM1_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T12(HexNAc); K17(Dimethyl); K18(Dimethyl)	0,909	1	4	610,83264	2440,30874	0,73
1503	TVPFHEEFESGTAK	1516	2	CSPG2_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); T12(HexNAc); K17(Dimethyl:2H(4)); K18(Dimethyl:2H(4))	0,909	1	4	613,85004	2452,37832	-1,62
153	SEATTAPPRPPFAKPT	168	2	FZD5_HUMAN	P14543	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T8(HexNAc); T9(HexNAc)	0,909	0	2	918,95239	1836,89751	1,94
195	KESVSSLQTSQYLIR	210	6	GINM1_HUMAN	Q9NU53	N-Term(Dimethyl); K1(Dimethyl); S3(HexNAc); S5(HexNAc); S6(HexNAc); T9(HexNAc); T10(HexNAc); S11(HexNAc)	0,909	1	3	1038,84534	3114,52146	0,48
729	LKVSTAVR	737	3	LDLR_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc)	0,908	1	3	575,63550	1724,89194	0,37
1217	LHITTSAFKPSAATK	1231	3	CSPG2_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc)	0,908	1	3	576,97717	1728,91697	0,32
25	LTTGAPEPPPLSGAPQDGIR	44	4	GINM1_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl); T15(HexNAc)	0,906	1	3	919,13739	2755,39762	-0,27
220	TPPTTVSGK	228	4	PARM1_HUMAN	O00391	N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc); T6(HexNAc); T10(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl)	0,904	0	3	757,70447	2271,09885	0,64
273	EKPTREVQEVSR	284	4	GOLI4_HUMAN	O00391	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc); T6(HexNAc); T10(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	0,904	0	3	760,38898	2279,15238	2,09
295	GTMSDKETHDVK	307	3	APLP2_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T2(HexNAc); T9(HexNAc); K12(Dimethyl:2H(4))	0,902	0	3	640,02057	1918,04715	0,23
659	NSVPVTSFPTAK	671	4	NLGN1_HUMAN	Q8N2Q7	N-Term(Dimethyl); S2(HexNAc); T6(HexNAc); S7(HexNAc); T11(HexNAc); K13(Dimethyl)	0,902	0	3	729,69885	2187,08200	0,78
190	GSPSDVVTPIVTOHSK	205	4	K319L_HUMAN	Q8N2Q7	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S2(HexNAc); S2(HexNAc); T6(HexNAc); S7(HexNAc); T11(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4))	0,902	0	3	732,38220	2195,13205	0,70
124	DGPTSSINPEVTHDPCNYHSHAGAR	148	1	RGMB_HUMAN	Q6NW40	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); C16(Carbamidomethyl)	0,899	0	5	588,45953	2938,26856	0,96
588	SPTNTTPHVAEGPEASRPPK	608	1	QSOX1_HUMAN	Q6NW40	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); C16(Carbamidomethyl)	0,899	0	5	589,26489	2942,29536	1,53
303	LGLEDVGTTPF	313	1	NID1_HUMAN	O00461	N-Term(Dimethyl); S3(HexNAc)	0,899	1	3	675,99738	2025,97757	0,56
125	KPTVQSPSPSTSK	137	1	MJC24_HUMAN	O00461	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S3(HexNAc)	0,899	1	3	677,33911	2030,00278	0,61
66	AHTPPGNAEVTINPK	81	3	LRC8D_HUMAN	Q7L1W4	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T11(HexNAc); T12(HexNAc); K16(Dimethyl)	0,899	0	3	771,38922	2312,15311	1,15
1910	GEQHGGSSGSSSYGQHGSGRQSLGHGQHGSGGQSPSPSR	1951	3	HORN_HUMAN	Q7L1W4	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T11(HexNAc); T12(HexNAc); K16(Dimethyl:2H(4))	0,899	0	3	774,07190	2320,20114	0,21
713	FITVNPAAKNTSG	725	3	PTPRG_HUMAN	O60462	K1(Dimethyl:2H(4)); N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T6(HexNAc); T10(HexNAc); K12(Dimethyl:2H(4))	0,898	0	3	659,05603	1975,15354	2,46
838	MENKPTSSELQK	849	3	AMD_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc)	0,896	1	3	576,97723	1728,91715	0,43
738	TQHTTTRPVPDTSR	751	6	LDLR_HUMAN	P01130	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc); T6(HexNAc); T12(HexNAc); S13(HexNAc)	0,896	0	4	711,58514	2843,31875	0,81
1026	TTASVPRTTV	1035	2	AGRIN_HUMAN	Q9NPF0	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); S15(HexNAc); C16(Carbamidomethyl); K20(Dimethyl:2H(4))	0,896	0	3	787,05353	2359,14603	1,63
205	DFSLTSSSQTPGATK	219	1	PDXL2_HUMAN	Q9GZM5	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc)	0,896	0	2	580,82684	1160,64641	0,38
128	SSTQEATQAVSTAHPPTGK	147	3	COCH_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); S5(HexNAc); T8(HexNAc)	0,895	0	2	806,90912	1612,81096	0,47
123	HWFAQGYSTR	133	1	LYOX_HUMAN	Q8IYS2	N-Term(Dimethyl); T10(HexNAc); K16(Dimethyl)	0,895	0	3	579,66504	1736,98056	0,69
403	FQSPYEEQLQQR	415	1	GOLI4_HUMAN	Q8IYS2	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T10(HexNAc); K16(Dimethyl:2H(4))	0,895	0	3	582,34778	1745,02878	-0,46
59	EFWSTYTK	66	2	TMG1_HUMAN	O60279	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); S10(HexNAc); K16(Dimethyl)	0,895	0	2	1035,51892	2070,03057	1,33
649	GLTTRPGSLTNIKTEEISEVK	670	2	A4_HUMAN	O60279	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); S10(HexNAc)	0,895	0	2	1039,54358	2078,07988	0,89

588	TVVPSITR	595	3	CN037_HUMAN	Q9GZM5	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T9(HexNAc); K11(Dimethyl:2H(4))	0,884	0	2	901,51068	1802,01409	0,44
931	LGVTAEVSPASR	942	3	HEG1_HUMAN	Q9GZM5	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T9(HexNAc); K11(Dimethyl:2H(4))	0,884	0	2	901,50989	1802,01250	-0,44
343	QATKDRVSDPHK	354	2	CASC4_HUMAN	Q6P4E1	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); K4(Dimethyl); S8(HexNAc); K12(Dimethyl)	0,883	2	4	481,25201	1921,98623	-0,20
59	GAGVAGPAAHGVSODR	74	2	GXL1_HUMAN	Q6P4E1	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); K4(Dimethyl:2H(4)); S8(HexNAc); K12(Dimethyl:2H(4))	0,883	2	4	484,27084	1934,06154	-0,20
478	FTASSSSGMVPK	489	4	NRX3B_HUMAN	Q9HDB5	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); S5(HexNAc); S6(HexNAc); S7(HexNAc); M9(Oxidation); K12(Dimethyl)	0,883	0	3	694,98932	2082,95340	0,52
385	ATAPNKPALSNTK	399	4	LRP11_HUMAN	Q9HDB5	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); S5(HexNAc); S6(HexNAc); S7(HexNAc); M9(Oxidation); K12(Dimethyl:2H(4))	0,883	0	3	697,67267	2091,00345	0,44
257	LVGEVPSILGT	267	1	NRX3B_HUMAN	P14314	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); K18(Dimethyl)	0,882	0	3	698,04059	2092,10721	0,53
287	SLTSKVPPTVQKPT	300	1	DAF_HUMAN	P14314	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	0,882	0	3	700,72430	2100,15836	0,98
805	AATQLVNSGLAVSGK	821	3	CCD14_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T3(HexNAc); K4(Dimethyl); T8(HexNAc)	0,880	1	3	557,30859	1669,91123	0,36
649	GLTRPGSGLTNIK	662	3	A4_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); T3(HexNAc); K4(Dimethyl:2H(4)); T8(HexNAc)	0,880	1	3	559,99207	1677,96164	0,48
60	YKSLTTLVATSVNSVTGIR	79	3	PDPN_HUMAN	Q6ZVL6	N-Term(Dimethyl); K1(Dimethyl); S2(HexNAc); S3(HexNAc); K14(Dimethyl)	0,880	1	3	678,38068	2033,12748	0,49
62	SGLTTLVATSVNSVTGIR	79	3	PDPN_HUMAN	Q6ZVL6	K1(Dimethyl:2H(4)); N-Term(Dimethyl:2H(4)); S2(HexNAc); S3(HexNAc); S8(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	0,880	1	3	682,40594	2045,20328	0,73
71	TCAESDFVNCNQCPSR	88	2	VLDLR_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl)	0,880	0	3	626,34668	1877,02549	1,50
155	TPVCSGVDKPLSQNSGR	174	2	SMOC1_HUMAN	Q9H4F8	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); C4(Carbamidomethyl); K11(Dimethyl); S18(HexNAc)	0,880	0	3	837,07538	2509,21158	-1,14
726	RVPSEAPPTVPRDRPEK	743	2	DAG1_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl); S4(HexNAc); T9(HexNAc); K18(Dimethyl)	0,878	2	4	621,06488	2481,23769	0,84
726	RVPSEAPPTVPRDRPEK	743	2	DAG1_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl); S4(HexNAc); T9(HexNAc); K18(Dimethyl)	0,878	2	4	621,06415	2481,23476	-0,34
32	GAPNKEETPATESPDTGLYYHR	53	2	NUCB1_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S4(HexNAc); T9(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	0,878	2	4	623,07715	2489,28676	0,37
151	EFTTGENFKGPR	163	2	QSOX2_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S4(HexNAc); T9(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	0,877	2	3	830,43500	2489,29044	1,85
558	SSFTKGER	566	3	HEG1_HUMAN	O43405	S1(HexNAc); N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T7(HexNAc); K9(Dimethyl)	0,876	0	3	520,92627	1560,76426	0,19
215	LTTSGSAEVHK	225	3	K319L_HUMAN	O43405	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc); T2(HexNAc); T7(HexNAc); K9(Dimethyl:2H(4))	0,876	0	3	523,60968	1568,81449	0,20
200	GSLGSDGKHKETVQEEK	217	1	EFNB1_HUMAN	P98172	N-Term(Dimethyl); S2(HexNAc); K9(Dimethyl); K18(Dimethyl)	0,875	1	4	555,01855	2217,05239	0,26
118	EHEEPTTSEMAEETYSFK	135	1	IBP5_HUMAN	P98172	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S2(HexNAc); K9(Dimethyl:2H(4)); K18(Dimethyl:2H(4))	0,875	1	4	558,03693	2229,12588	-0,57
422	FHPDDDVPPAPAGDQK	439	1	NUCB1_HUMAN	Q02818	N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc); K18(Dimethyl)	0,875	0	3	722,35187	2165,04105	0,58
634	LYSAGPPPTGEEDTAEKDEL	654	1	GRP78_HUMAN	Q02818	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	0,875	0	3	725,03503	2173,09055	0,24
42	SIQENGELK	50	3	UXS1_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T3(HexNAc); K4(Dimethyl); T8(HexNAc)	0,875	1	3	557,30804	1669,90958	-0,63
134	ISPESGLAK	142	3	CN037_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); T3(HexNAc); K4(Dimethyl:2H(4)); T8(HexNAc)	0,875	1	3	559,99170	1677,96054	-0,18
330	TPSPVAHESNWAK	343	1	PODXL_HUMAN	Q86TY3	N-Term(Dimethyl); S2(HexNAc); K9(Dimethyl)	0,875	0	2	580,82477	1160,64226	1,13
191	QGDVGGTCGVVDEPRPTGK	210	1	ATSL_HUMAN	Q86TY3	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S2(HexNAc)	0,875	0	2	584,84973	1168,69219	0,88

59	EFWSTYTK	66	1	TMG1_HUMAN	O60279	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); K16(Dimethyl)	0,848	0	3	622,98749	1866,94791	-0,29
411	FSQFLGDPVK	421	1	K0494_HUMAN	O60279	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); K16(Dimethyl:2H(4))	0,848	0	3	625,67188	1875,00107	1,29
3057	STPLSLWEIGAENS	3071	1	FREM2_HUMAN	O60279	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); K16(Dimethyl:2H(4))	0,848	0	3	625,67108	1874,99869	0,02
359	SAYYPEDLFIDKK	371	1	GPC3_HUMAN	P16870	N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc)	0,846	0	2	602,26788	1203,52849	1,04
403	FQSPYEEQLQQR	415	1	GOL14_HUMAN	Q8IYS2	N-Term(Dimethyl); T10(HexNAc); K16(Dimethyl)	0,846	0	3	579,66522	1736,98111	1,01
1256	FITGATSGAIAAGATAR	1272	4	AGRIN_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl); T15(HexNAc)	0,846	1	3	881,44366	2642,31644	0,81
210	GAVIEPEQTELPSSR	224	1	MA181_HUMAN	P14625	N-Term(Dimethyl); S3(HexNAc); K11(Dimethyl)	0,846	0	2	774,87567	1548,74407	0,81
205	DFSLTSSSQTPGATK	219	1	PDXL2_HUMAN	P14625	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); K11(Dimethyl:2H(4))	0,846	0	2	778,90082	1556,79436	0,85
300	TTEADDPKDR	310	1	SMOC1_HUMAN	Q9H4F8	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); K9(Dimethyl)	0,845	1	3	518,58252	1553,73301	-0,01
824	IDETGTPGYEGEGDKNISR	845	1	NRP1_HUMAN	Q9H4F8	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); K9(Dimethyl:2H(4))	0,845	1	3	521,26605	1561,78360	0,23
88	LPPTTSTK	95	1	KCT2_HUMAN	O60888	N-Term(Dimethyl); T11(HexNAc)	0,844	0	2	748,37390	1495,74053	2,07
117	TTTIESPKSTK	127	1	PODXL_HUMAN	O60888	N-Term(Dimethyl); T11(HexNAc)	0,844	0	2	748,37274	1495,73821	0,52
137	AVSTAHPTGK	147	1	COCH_HUMAN	O60888	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T11(HexNAc)	0,844	0	2	750,38501	1499,76274	0,14
214	TTVDEDVLPGLPETPLR	231	1	GINM1_HUMAN	O60279	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); K12(Dimethyl)	0,844	0	2	798,95874	1596,91020	0,42
187	SSTSGGYIFY	196	1	CD44_HUMAN	O60279	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); K12(Dimethyl:2H(4))	0,844	0	2	802,98431	1604,96135	1,00
303	LGLEVDGTTPPSYK	316	2	NID1_HUMAN	Q9N253	N-Term(Dimethyl); S8(HexNAc); S18(HexNAc); K22(Dimethyl)	0,843	0	3	918,80414	2754,39786	1,68
196	ESVSSLQTTSSQLIR	210	3	GINM1_HUMAN	Q9N253	N-Term(Dimethyl); S8(HexNAc); T10(HexNAc); K15(Dimethyl)	0,842	0	3	731,34991	2192,03519	0,51
342	YSEFTGSK	350	3	CAB45_HUMAN	Q9N253	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc); S8(HexNAc); T10(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))	0,842	0	3	734,03357	2200,08615	0,85
137	AVSTAHPTGK	147	7	COCH_HUMAN	Q04900	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc); T2(HexNAc); K4(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc); S10(HexNAc); S12(HexNAc); T13(HexNAc); S15(HexNAc); K16(Dimethyl:2H(4))	0,842	0	4	784,39850	3134,57216	-0,55
80	GTDGPLVDPETHKSTK	96	3	FXDY5_HUMAN	Q06481	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T10(HexNAc); M11(Oxidation); K14(Dimethyl:2H(4)); T17(HexNAc); K21(Dimethyl:2H(4))	0,840	1	4	745,61249	2979,42812	0,55
191	CEQDRPSTTAPP	203	2	LAMP1_HUMAN	Q06481	T1(HexNAc); N-Term(Dimethyl); M2(Oxidation); K5(Dimethyl); T8(HexNAc); K12(Dimethyl)	0,840	1	4	478,23849	1909,93215	0,53
176	NKDPTRRPELEAGTN	190	2	EFNB2_HUMAN	Q06481	T1(HexNAc); N-Term(Dimethyl:2H(4)); M2(Oxidation); K5(Dimethyl:2H(4)); T8(HexNAc); K12(Dimethyl:2H(4))	0,840	1	4	481,25690	1922,00576	-0,36
824	IDETGTPGYEGEGDKNISR	845	1	NRP1_HUMAN	C9JH25	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S2(HexNAc)	0,839	0	2	561,81927	1122,63127	0,83
273	TQIAVQPVPAPSYVATPTPQ	293	3	K319L_HUMAN	P34741	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); S5(HexNAc); K9(Dimethyl:2H(4)); T12(HexNAc)	0,838	1	2	958,54462	1916,08196	0,30
52	TPGTSEDRYK	61	4	PDPN_HUMAN	Q96DB9	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T6(HexNAc); K8(Dimethyl); S9(HexNAc); T10(HexNAc); K11(Dimethyl)	0,838	1	4	535,51660	2139,04458	0,32
296	TMSDKETHDVK	307	4	APLP2_HUMAN	Q96DB9	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); T5(HexNAc); K8(Dimethyl:2H(4)); S9(HexNAc); T10(HexNAc); K11(Dimethyl:2H(4))	0,838	1	4	538,53546	2151,12002	0,37
658	KNSVPVTSAPPTAK	671	3	NLGN1_HUMAN	Q55RI9	N-Term(Dimethyl); S1(HexNAc); T5(HexNAc); K7(Dimethyl); S9(HexNAc); K10(Dimethyl)	0,837	0	3	604,98535	1812,94150	0,88
77	QLEGTGPLVDPETHKSTK	96	2	FXDY5_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); Y1(HexNAc); T11(HexNAc)	0,837	0	3	762,32684	2284,96598	-1,78
191	CEQDRPSTTAPPAPPSPPSPVPK	215	1	LAMP1_HUMAN	Q9BS26	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S4(HexNAc)	0,836	0	2	535,78717	1070,56706	0,39
649	GLTRPGSGLTKNIK	662	2	A4_HUMAN	Q86V24	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); T2(HexNAc)	0,836	0	3	675,65173	2024,94065	0,58

34	LINSSTAEPVKEEAKT	49	1	PTPRA_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); K14(Dimethyl)	0,795	0	4	475,21939	1897,85573	-0,31
57	LSQQTPTSTWK	66	4	SDC1_HUMAN	P08174	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); S4(HexNAc); K5(Dimethyl); T9(HexNAc); K12(Dimethyl); T14(HexNAc)	0,795	1	3	793,75995	2379,26529	0,51
443	GTKPPAVSTTKIPITN	460	4	LPHN2_HUMAN	P08174	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); S4(HexNAc); K5(Dimethyl:2H(4)); T9(HexNAc); K12(Dimethyl:2H(4)); T14(HexNAc)	0,795	1	3	797,78540	2391,34165	0,94
342	AVAVTLQSH	350	2	YIPF3_HUMAN	Q9GZM5	N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc); S8(HexNAc)	0,795	0	2	680,35409	1359,70091	0,49
195	KESVSSLQTTTSQYLIR	210	2	GINM1_HUMAN	Q9GZM5	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc); S8(HexNAc)	0,795	0	2	682,36658	1363,72588	0,39
478	FTASSSSGMVPK	489	3	NRX3B_HUMAN	Q86VZ4	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T5(HexNAc); S8(HexNAc)	0,794	0	3	663,66693	1988,98624	0,84
330	TPSPVAHESNWAK	343	3	PODXL_HUMAN	Q86VZ4	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T5(HexNAc); S8(HexNAc)	0,794	0	3	663,66705	1988,98661	1,02
366	AFQQTAAALSTSPR	379	3	TECT3_HUMAN	Q86VZ4	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T5(HexNAc); S8(HexNAc)	0,794	0	3	665,00867	1993,01145	0,89
139	TTTATTAQEPATSHPHR	155	4	SDC1_HUMAN	Q9ULI3	S1(HexNAc); N-Term(Dimethyl); S2(HexNAc); T3(HexNAc); T5(HexNAc); K5(Dimethyl)	0,792	1	3	627,63385	1880,88700	0,57
1676	IITESFFEVPATTIYVSEQPSAK	1699	1	CSPG2_HUMAN	Q86VZ4	N-Term(Dimethyl); T11(HexNAc)	0,791	0	3	731,39075	2192,15769	0,84
287	SLTSKVPPTVQKPT	300	4	DAF_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc); S6(HexNAc)	0,791	1	2	886,43884	1771,87041	0,48
726	RVPSEAPPTVPDRDPEK	743	2	DAG1_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl); S4(HexNAc); T9(HexNAc); K18(Dimethyl)	0,789	2	4	621,06439	2481,23574	0,05
726	RVPSEAPPTVPDRDPEK	743	2	DAG1_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl); S4(HexNAc); T9(HexNAc); K18(Dimethyl)	0,789	2	4	621,06482	2481,23745	0,74
726	RVPSEAPPTVPDRDPEK	743	2	DAG1_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl); S4(HexNAc); T9(HexNAc); K18(Dimethyl)	0,789	2	4	621,06500	2481,23818	1,03
118	EHEEPTTSEMAEETYSFK	135	2	IBPS_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S4(HexNAc); T9(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	0,789	2	4	623,07745	2489,28798	0,87
34	TPPAEELAEPAQAGGGQK	51	2	ANFC_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S4(HexNAc); T9(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	0,789	2	4	623,07709	2489,28652	0,28
366	AFQQTAAALSTSPR	379	4	TECT3_HUMAN	Q9HD85	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); S5(HexNAc); S6(HexNAc); S7(HexNAc); K12(Dimethyl)	0,787	0	3	689,65771	2066,95859	0,57
204	TATLATLATR	213	4	CK024_HUMAN	Q9HD85	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); S5(HexNAc); S6(HexNAc); S7(HexNAc); K12(Dimethyl:2H(4))	0,787	0	3	692,34143	2075,00974	1,02
154	TPSYFVTR	161	2	HS356_HUMAN	Q9B2M4	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc); T9(HexNAc); M10(Oxidation); K18(Dimethyl:2H(4))	0,787	1	3	787,76642	2361,28470	1,03
1503	TVPHEEFESGTAK	1516	2	CSPG2_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T12(HexNAc); K17(Dimethyl)	0,784	0	3	762,06555	2284,18210	0,61
649	GLTRPGSLGSLNIKTEEIS	667	4	A4_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl); T15(HexNAc)	0,783	1	3	881,44336	2642,31552	0,47
1503	TVPHEEFESGTAK	1516	4	CSPG2_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4)); T15(HexNAc)	0,783	1	3	884,12695	2650,36631	0,68
161	LSPASELPK	169	2	CSPG5_HUMAN	O95196	N-Term(Dimethyl); S2(HexNAc); S5(HexNAc); K9(Dimethyl)	0,783	0	2	702,38007	1403,75286	0,88
70	KTCAESDFVNCNGQCVPSPR	88	2	VLDLR_HUMAN	O95196	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S2(HexNAc); S5(HexNAc); K9(Dimethyl:2H(4))	0,783	0	2	706,40570	1411,80412	1,62
411	FSQFLGDPVEK	421	3	K0494_HUMAN	Q3T906	N-Term(Dimethyl); K2(Dimethyl); S5(HexNAc); S12(HexNAc); M14(Oxidation); T15(HexNAc); K16(Dimethyl)	0,782	0	3	836,10858	2506,31119	0,60
292	VPPTVQKPTTVN	303	1	DAF_HUMAN	O60462	N-Term(Dimethyl); C6(Carbamidomethyl); K12(Dimethyl); T14(HexNAc)	0,778	0	2	1054,51062	2108,01396	1,66
525	LLQTHFQSGQGQSQN	540	1	H6ST2_HUMAN	O60462	N-Term(Dimethyl:2H(4)); C6(Carbamidomethyl); K12(Dimethyl:2H(4)); T14(HexNAc)	0,778	0	2	1058,53503	2116,06279	1,00
22	ATTVAPSVGTR	33	3	PTPRA_HUMAN	Q8N2Q7	T1(HexNAc); N-Term(Dimethyl); S2(HexNAc); T6(HexNAc); K8(Dimethyl)	0,778	0	2	744,37256	1487,73784	1,00

191	CEQDRPSPTTAPPAPPSPSPSPVK	215	1	LAMP1_HUMAN	Q86TY3	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S2(HexNAc); K9(Dimethyl:2H(4))	0,777	0	2	584,84875	1168,69023	-0,79
2212	VTESIPAEHVVTDSPIKK	2229	4	CSPG2_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); K4(Dimethyl); T7(HexNAc); T8(HexNAc); S11(HexNAc); T12(HexNAc)	0,776	1	3	784,71960	2352,14426	0,10
363	RYTEISNI	370	4	GLB1_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); K4(Dimethyl); T7(HexNAc); T8(HexNAc); S11(HexNAc); T12(HexNAc)	0,776	1	3	784,72009	2352,14573	0,72
26	TTGAPEPPPLSGAPQDGIR	44	4	GINM1_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K4(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc); T8(HexNAc); S11(HexNAc); T12(HexNAc)	0,776	1	3	787,40363	2360,19632	0,88
1217	LHITSAFKPSSAITK	1231	3	CSPG2_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T3(HexNAc); K4(Dimethyl); T8(HexNAc)	0,775	1	3	557,30847	1669,91086	0,14
385	ATAPNKPALSINTEKR	400	3	LRP11_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); T3(HexNAc); K4(Dimethyl:2H(4)); T8(HexNAc)	0,775	1	3	559,99176	1677,96073	-0,07
191	QPTSTHPVATPTSSGHDHLMK	211	7	PODXL_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); S4(HexNAc); T5(HexNAc); T10(HexNAc); T12(HexNAc); S13(HexNAc); S14(HexNAc); M20(Oxidation); K21(Dimethyl)	0,773	0	5	745,34326	3722,68720	0,62
634	LYGSAGPPPTGEEDTAEKDEL	654	1	GRP78_HUMAN	P11021	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); K18(Dimethyl)	0,772	1	3	812,38391	2435,13718	0,94
359	EFHHPDPTDAPGEQADVASSPSSFFQK	389	1	ERP44_HUMAN	P11021	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T10(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	0,772	1	3	815,06708	2443,18668	0,64
478	FTASSSSGMVPK	489	4	NRX3B_HUMAN	Q8N2Q7	N-Term(Dimethyl); S2(HexNAc); T6(HexNAc); S7(HexNAc); T11(HexNAc); K13(Dimethyl)	0,771	0	3	729,69849	2187,08091	0,28
429	VSTPKPATPSTD	440	2	DAG1_HUMAN	Q9Y625	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); T3(HexNAc)	0,771	1	3	622,31958	1864,94419	0,25
353	MVHTAAASPALPR	365	3	LRP11_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T3(HexNAc); K4(Dimethyl); T8(HexNAc)	0,769	1	3	557,30847	1669,91086	0,14
191	CEQDRPSPTTAPPAPPSPSPSPVK	215	3	LAMP1_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); T3(HexNAc); K4(Dimethyl:2H(4)); T8(HexNAc)	0,769	1	3	559,99207	1677,96164	0,48
210	GAVIEPEQTELPSPR	224	2	MA1B1_HUMAN	Q9UKM7	N-Term(Dimethyl); T10(HexNAc); S14(HexNAc)	0,769	0	3	673,00439	2016,99863	0,68
282	SEALPTDLPAAPSADLTPK	301	2	GLU2B_HUMAN	Q9UKM7	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T10(HexNAc); S14(HexNAc)	0,769	0	3	674,34631	2021,02439	1,00
368	LSQTEALGR	377	1	NUCB1_HUMAN	Q8NBZ7	N-Term(Dimethyl); S1(HexNAc); K9(Dimethyl)	0,767	0	2	638,83539	1276,66350	0,29
97	AAHPTDOTTTLSEKPPSPS	114	2	FXYD5_HUMAN	Q9BS26	N-Term(Dimethyl); T9(HexNAc); T11(HexNAc); K31(Dimethyl)	0,766	0	4	939,67664	3755,68471	0,39
295	GTMSDKETHDVK	307	2	APLP2_HUMAN	Q9BS26	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T9(HexNAc); T11(HexNAc); K31(Dimethyl:2H(4))	0,766	0	4	941,68927	3763,73525	0,47
393	AFGSVATR	400	3	GLTL1_HUMAN	Q86V24	N-Term(Dimethyl); M1(Oxidation); T3(HexNAc); T5(HexNAc); S8(HexNAc)	0,765	0	3	668,99768	2004,97849	-0,50
136	SGPDSGPTAPYQPR	149	2	PRRT4_HUMAN	C9JH25	N-Term(Dimethyl); S4(HexNAc); T8(HexNAc)	0,765	0	2	932,43475	1863,86223	0,80
726	RVPSEAPPTEVPDRDPEK	743	2	DAG1_HUMAN	C9JH25	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S4(HexNAc); T8(HexNAc)	0,765	0	2	934,44611	1867,88494	-0,49
215	VAALQTVGTPAGPAPK	230	2	K2013_HUMAN	Q8NBRO	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S3(HexNAc); S5(HexNAc); K10(Dimethyl:2H(4))	0,765	0	2	730,90338	1460,79949	1,65
2476	AVTADGFPTVS	2486	2	CSPG2_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); T12(HexNAc); K14(Dimethyl)	0,764	0	3	680,99316	2040,96494	0,03
552	AFTVPIIDVTENA	564	2	LRC4B_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T12(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	0,764	0	3	683,67767	2049,01847	1,65
368	LSQTEALGR	377	1	NUCB1_HUMAN	Q02818	N-Term(Dimethyl); S5(HexNAc)	0,763	0	2	667,84381	1334,68035	0,37
86	VETITLNIQNK	96	1	SDC2_HUMAN	Q02818	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc)	0,763	0	2	669,85657	1338,70586	0,67
220	TPPTTVSGK	228	2	PARM1_HUMAN	Q9UBV7	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); S7(HexNAc)	0,763	0	2	774,36340	1547,71953	0,71
220	TPPTTVSGK	228	2	PARM1_HUMAN	Q9UBV7	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); S7(HexNAc)	0,763	0	2	776,37567	1551,74407	0,34
56	ITQQDLAPQQR	66	4	TR10B_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc); S6(HexNAc)	0,761	1	2	886,43896	1771,87065	0,62
1273	ATTASRLPSSAVTPR	1287	3	AGRIN_HUMAN	O60309	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T11(HexNAc); T13(HexNAc); K15(Dimethyl)	0,761	0	3	756,07092	2266,19822	1,30

204	TATLATLATR	213	3	CK024_HUMAN	O60309	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); T11(HexNAc); T13(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))	0,761	0	3	758,75348	2274,24588	0,17
215	VAALQTVGPTAGPAPK	230	2	K2013_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl); K6(Dimethyl); T8(HexNAc); T10(HexNAc)	0,761	0	3	581,32477	1741,95975	0,85
205	DFSLTSSSQTPGATK	219	2	PDXL2_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K6(Dimethyl:2H(4)); T8(HexNAc); T10(HexNAc)	0,761	0	3	584,00781	1750,00888	0,22
649	GLTRRPGSLTNKTEEIS	667	1	A4_HUMAN	Q92854	N-Term(Dimethyl); K4(Dimethyl); T10(HexNAc)	0,758	0	2	633,38959	1265,77190	0,26
142	VQTVSENLNDGGIQLSK	158	1	ST18_HUMAN	Q92854	N-Term(Dimethyl); K4(Dimethyl); T10(HexNAc)	0,758	0	2	633,38983	1265,77239	0,64
34	LPTNPTSLPAVAK	46	1	PCP_HUMAN	Q92854	N-Term(Dimethyl); K4(Dimethyl); T10(HexNAc)	0,758	0	2	633,38971	1265,77214	0,45
1033	TTVWPVLT	1040	1	AGRIN_HUMAN	Q92854	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K4(Dimethyl:2H(4)); T10(HexNAc)	0,758	0	2	637,41486	1273,82244	0,51
86	VTDPTHKSTK	96	3	FXYS5_HUMAN	P18827	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); T7(HexNAc); S8(HexNAc)	0,757	0	4	492,98425	1968,91518	0,32
295	GTMSDKKEITHDVK	307	3	APLP2_HUMAN	P18827	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T7(HexNAc); S8(HexNAc)	0,757	0	4	493,99039	1972,93972	0,03
278	TTTESVEEVR	288	3	A4_HUMAN	P21802	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); T3(HexNAc); T11(HexNAc); K12(Dimethyl:2H(4))	0,756	0	3	677,34027	2030,00626	1,16
134	ISPEGLAK	142	1	CN037_HUMAN	Q86TY3	N-Term(Dimethyl); S2(HexNAc); K9(Dimethyl)	0,755	0	2	580,82422	1160,64116	0,19
191	CEQDRPSPTTAPPSPSPSPVPK	215	1	LAMP1_HUMAN	Q86TY3	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S2(HexNAc); K9(Dimethyl:2H(4))	0,755	0	2	584,84949	1168,69170	0,46
176	NKDPTRRPELAGTN	190	5	EFNB2_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T2(HexNAc); T6(HexNAc); S7(HexNAc); S10(HexNAc)	0,754	0	3	780,04919	2338,13303	-0,16
788	LTFPAVSVK	796	4	GNPTA_HUMAN	Q8NF8	S1(HexNAc); N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); T6(HexNAc); T9(HexNAc); K13(Dimethyl)	0,754	0	3	775,72516	2325,16092	0,57
704	GDRFSEDSR	712	4	PTPRG_HUMAN	Q8NF8	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc); T4(HexNAc); T6(HexNAc); T9(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4))	0,754	0	3	778,40837	2333,21056	0,32
661	ATVQLDLGGTTTPK	675	2	L37A3_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); T8(HexNAc)	0,753	0	3	701,06128	2101,16928	0,15
663	VTSAFPYAK	671	2	NLGN1_HUMAN	O75509	N-Term(Dimethyl); S4(HexNAc); T5(HexNAc); K9(Dimethyl)	0,752	0	2	720,37885	1439,75041	-0,82
170	LTSTKAEHLTTPHTSPLSR	190	2	PODXL_HUMAN	O75509	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S4(HexNAc); T5(HexNAc); K9(Dimethyl:2H(4))	0,752	0	2	724,40485	1447,80242	0,42
587	LEVLGCDWTDKPTVE	602	3	NRP2_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T9(HexNAc); S11(HexNAc)	0,741	0	2	900,93665	1800,86601	1,25
49	TLAPEDTLPLK	60	3	BMR1A_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T9(HexNAc); S11(HexNAc)	0,741	0	2	900,93622	1800,86516	0,78
258	ALPRPATTQEPDIPER	273	2	SDC3_HUMAN	Q86TY3	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); T7(HexNAc)	0,740	0	2	653,85913	1306,71099	0,69
215	VAALQTVGPTAGPAPK	230	2	K2013_HUMAN	Q86TY3	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T7(HexNAc)	0,740	0	2	655,87201	1310,73674	1,19
366	TTGPSEDAGGDSLVEK	381	2	LRP11_HUMAN	Q86V24	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); T2(HexNAc); K16(Dimethyl)	0,739	0	3	675,65198	2024,94138	0,94
726	RVPSEAPTEVPDRDPEK	743	2	DAG1_HUMAN	Q86V24	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); K16(Dimethyl:2H(4))	0,739	0	3	678,33484	2032,98996	0,14
70	SSAEAQTPEDTPNK	83	3	TGON2_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); T8(HexNAc); T15(HexNAc)	0,738	0	3	768,75446	2304,24881	0,21
788	LTFPAVSVK	796	3	GNPTA_HUMAN	Q8NF8	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); T6(HexNAc); T9(HexNAc); K13(Dimethyl)	0,737	0	3	708,03204	2122,08158	0,63
164	VGQDPNAVTPQLTTSRPSK	183	4	EFNB1_HUMAN	P98172	N-Term(Dimethyl); T9(HexNAc); T14(HexNAc); T15(HexNAc); S19(HexNAc); K20(Dimethyl)	0,735	0	4	749,12329	2993,47133	0,92
161	LSPASELPK	169	4	CSPG5_HUMAN	P98172	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T9(HexNAc); T14(HexNAc); T15(HexNAc); S19(HexNAc); K20(Dimethyl:2H(4))	0,735	0	4	751,13568	3001,52089	0,70
805	AATTQLVNSGLAVSGK	821	4	CCD14_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T4(HexNAc); S8(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl)	0,734	0	3	761,73199	2283,18143	0,01

204	TATLATLATR	213	4	CK024_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); S8(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	0,734	0	3	764,41656	2291,23514	1,53
663	TEEISEVK	670	2	A4_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); S5(HexNAc); K8(Dimethyl)	0,733	0	2	698,85101	1396,69475	0,42
360	DPVKLPTTAASTPD	373	1	A4_HUMAN	O75487;Q9Y625	N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc)	0,732	0	3	578,95496	1734,85031	-0,12
485	ILSGTSSSQPIQPK	499	1	CBPD_HUMAN	O75487;Q9Y625	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc)	0,732	0	3	580,29651	1738,87497	-0,38
838	MENKPTSSELQK	849	1	AMD_HUMAN	P19021	N-Term(Dimethyl); K4(Dimethyl); T6(HexNAc); K12(Dimethyl)	0,731	0	3	560,29053	1678,85703	0,11
126	SHPELQTPKOSTGK	139	1	TGON2_HUMAN	P19021	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K4(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); K12(Dimethyl:2H(4))	0,731	0	3	564,31580	1690,93283	0,40
127	AGSIEDTSAQELPNLPSPLPK	148	4	PDXL2_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); K4(Dimethyl); T7(HexNAc); T8(HexNAc); S11(HexNAc); T12(HexNAc); K18(Dimethyl); K34(Dimethyl)	0,730	2	6	775,21332	4646,24352	0,57
211	NVETTVDEVDLPGKLPETPLR	231	4	GINM1_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K4(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc); T8(HexNAc); S11(HexNAc); T12(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4)); K34(Dimethyl:2H(4))	0,730	2	6	777,89587	4662,33886	-0,52
97	SGGASVVPHPSPTP	110	1	KCT2_HUMAN	P23470	N-Term(Dimethyl); T8(HexNAc)	0,725	0	2	579,33008	1157,65288	0,32
726	RVPSEAPPTVEPDRDPEK	743	2	DAG1_HUMAN	C9JH25	N-Term(Dimethyl); S4(HexNAc); T8(HexNAc)	0,725	0	2	932,43341	1863,85954	-0,64
824	IDETGSTPGYEGEGDKNISR	845	2	NRP1_HUMAN	C9JH25	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S4(HexNAc); T8(HexNAc)	0,725	0	2	934,44739	1867,88750	0,89
81	TGGLPLVTDPEHKSTK	96	4	FXYS_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc); S8(HexNAc)	0,724	1	2	886,43848	1771,86968	0,07
407	VTPDQPLVLEVK	418	3	SUSD5_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T6(HexNAc); T16(HexNAc); K21(Dimethyl); K22(Dimethyl)	0,724	1	4	750,65393	2999,59389	0,52
552	AFTVPTDVTENA	564	3	LRC4B_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); T6(HexNAc); T16(HexNAc); K21(Dimethyl:2H(4)); K22(Dimethyl:2H(4))	0,724	1	4	753,67133	3011,66347	-1,39
162	SSHVTTDLTSTK	174	5	PODXL_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl); S4(HexNAc); T6(HexNAc); T7(HexNAc); T10(HexNAc); S11(HexNAc); K13(Dimethyl)	0,723	0	3	812,38275	2435,13370	1,74
248	LVSTATSRPR	257	3	SDC3_HUMAN	O60309	N-Term(Dimethyl); T11(HexNAc); T13(HexNAc); K15(Dimethyl)	0,721	0	3	756,07031	2266,19638	0,49
272	EAAQTVPATTANK	285	3	QSOX1_HUMAN	O60309	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); T11(HexNAc); T13(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))	0,721	0	3	758,75403	2274,24753	0,90
469	TRLETASPPTR	479	1	DAG1_HUMAN	Q86YL7	N-Term(Dimethyl); T8(HexNAc); K11(Dimethyl)	0,718	1	3	504,59119	1511,75901	0,12
56	ITQQDLAQQR	66	1	TR10B_HUMAN	Q86YL7	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); K11(Dimethyl:2H(4))	0,718	1	3	507,27515	1519,81089	1,22
303	LGLEDVGTTFP	313	3	NID1_HUMAN	P16070	N-Term(Dimethyl); S1(HexNAc); S2(HexNAc); S4(HexNAc)	0,714	0	2	859,88089	1718,75449	0,81
2151	KTTDYSVLTTKK	2162	8	CSPG2_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); S3(HexNAc); S4(HexNAc); S5(HexNAc); T7(HexNAc); S10(HexNAc); T11(HexNAc); T12(HexNAc); K17(Dimethyl:2H(4))	0,713	1	4	878,66199	3511,62612	0,87
572	TFIPVTSK	580	1	CD44_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl); K6(Dimethyl); T8(HexNAc)	0,711	0	3	513,63116	1538,87894	0,02
215	VAALQTVGPTAGPAPK	230	1	K2013_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K6(Dimethyl:2H(4)); T8(HexNAc)	0,711	0	3	516,31494	1546,93027	0,75
176	NKDPTRRPELEAGTN	190	6	EFNB2_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); T7(HexNAc); T10(HexNAc); S11(HexNAc); T12(HexNAc); K13(Dimethyl); T18(HexNAc)	0,710	1	4	798,12543	3189,47988	0,21
80	GTDGPLVTDPEHKSTK	96	6	FXYS_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); T7(HexNAc); T10(HexNAc); S11(HexNAc); T12(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4)); T18(HexNAc)	0,710	1	4	800,13806	3197,53042	0,31
215	LTTSGSAEVHK	225	5	K319L_HUMAN	O00592	T1(HexNAc); N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T3(HexNAc); K8(Dimethyl); S8(HexNAc); T10(HexNAc); K11(Dimethyl)	0,710	1	3	764,71649	2292,13492	0,94

40	TPTSQAQAAGPSSGSCPPTK	58	5	CD320_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T2(HexNAc); T3(HexNAc); K8(Dimethyl:2H(4)); S8(HexNAc); T10(HexNAc); K11(Dimethyl:2H(4))	0,710	1	3	768,74115	2304,20890	0,35
78	LEGTGDLVDPETHKSTK	96	3	FXDY5_HUMAN	P25445	N-Term(Dimethyl); K1(Dimethyl); T2(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc)	0,707	1	3	676,67560	2028,01224	0,18
78	LEGTGDLVDPETHKSTK	96	3	FXDY5_HUMAN	P25445	K1(Dimethyl:2H(4)); N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc)	0,707	1	3	679,35883	2036,06192	-0,08
471	LETASPPTR	479	4	DAG1_HUMAN	Q9BRQ5	S1(HexNAc); N-Term(Dimethyl:2H(4)); S2(HexNAc); S4(HexNAc); S8(HexNAc); C14(Carbamidomethyl)	0,704	0	3	843,38849	2528,15091	0,56
78	SVEITMKPSK	87	3	MANEA_HUMAN	Q5SR19	N-Term(Dimethyl); S1(HexNAc); T5(HexNAc); M6(Oxidation); K7(Dimethyl); S9(HexNAc); K10(Dimethyl)	0,701	0	3	610,31689	1828,93613	0,72
191	QPTSTHPVATPTSSGHDHLMK	211	3	PODXL_HUMAN	Q5SR19	S1(HexNAc); N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc); M6(Oxidation); K7(Dimethyl:2H(4)); S9(HexNAc); K10(Dimethyl:2H(4))	0,701	0	3	614,34180	1841,01084	0,38
191	QPTSTHPVATPTSSGHDHLMK	211	6	PODXL_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); S4(HexNAc); T5(HexNAc); T10(HexNAc); S13(HexNAc); S14(HexNAc); M20(Oxidation); K21(Dimethyl)	0,699	0	5	704,72717	3519,60676	0,35
78	SVEITMKPSK	87	6	MANEA_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); S4(HexNAc); T5(HexNAc); T10(HexNAc); S13(HexNAc); S14(HexNAc); M20(Oxidation); K21(Dimethyl:2H(4))	0,699	0	5	706,33722	3527,65699	0,35
729	LKVSSTAVR	737	6	LDLR_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); S4(HexNAc); T5(HexNAc); T10(HexNAc); S13(HexNAc); S14(HexNAc); M20(Oxidation); K21(Dimethyl:2H(4))	0,699	0	5	706,33728	3527,65729	0,44
295	GTMSDKETHDVK	307	1	APLP2_HUMAN	Q86VL7	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); K10(Dimethyl)	0,697	1	3	471,56818	1412,68998	-0,30
51	VTPGTSDBRYK	61	1	PDPN_HUMAN	Q86VL7	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); K10(Dimethyl:2H(4))	0,697	1	3	474,25146	1420,73984	-0,55
81	TDGRLVDPETHKSTK	96	7	FXDY5_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S2(HexNAc); S4(HexNAc); T6(HexNAc); T7(HexNAc); T10(HexNAc); S11(HexNAc); T12(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4))	0,696	1	4	825,64575	3299,56118	0,02
534	NVPTANPTGIR	546	2	NRX3B_HUMAN	Q9GZM5	N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc); S8(HexNAc)	0,694	0	2	680,35443	1359,70159	0,99
403	FQSPYEEQLQQR	415	2	GOL14_HUMAN	Q9GZM5	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc); S8(HexNAc)	0,694	0	2	682,36639	1363,72551	0,12
648	VWPKVWAPTLS	659	4	SEM4D_HUMAN	O75056	N-Term(Dimethyl); S10(HexNAc); T11(HexNAc); T12(HexNAc); T18(HexNAc)	0,690	0	3	876,10944	2626,31375	0,60
829	STPGYEGEGEDKNISR	845	6	NRP1_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); T7(HexNAc); T10(HexNAc); S11(HexNAc); T12(HexNAc); K13(Dimethyl); T18(HexNAc)	0,688	1	4	798,12537	3189,47963	0,13
342	YSEFFTGSK	350	3	CAB45_HUMAN	P16070	T1(HexNAc); N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); S7(HexNAc); K9(Dimethyl)	0,687	0	2	814,93036	1628,85344	1,06
205	DFSLTSSSQTPGATK	219	5	PDXL2_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); S8(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4)); S19(HexNAc); K22(Dimethyl:2H(4))	0,686	1	4	861,21198	3441,82607	1,07
2476	AVTADGFPTVSVMLPHSEQNK	2497	2	CSPG2_HUMAN	Q86V78	N-Term(Dimethyl); T9(HexNAc); T10(HexNAc); K17(Dimethyl)	0,685	0	3	790,07111	2368,19876	1,20
880	QLSLTHPEILVQISTEGGISTER	903	2	HEG1_HUMAN	Q86V78	N-Term(Dimethyl); T9(HexNAc); T10(HexNAc); K17(Dimethyl)	0,685	0	3	790,07104	2368,19858	1,12
649	GLTTRPGSLTNIKTEE	665	4	A4_HUMAN	P23471	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T4(HexNAc); T9(HexNAc); S12(HexNAc)	0,685	0	3	758,69849	2274,08091	-0,03
649	GLTTRPGSLTNIK	662	1	A4_HUMAN	Q9HD85	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); M9(Oxidation); K12(Dimethyl)	0,684	0	2	737,36115	1473,71501	0,55

204	TATLATLATR	213	1	CK024_HUMAN	Q9HD85	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); M9(Oxidation); K12(Dimethyl:2H(4))	0,684	0	2	741,38556	1481,76384	-0,39
83	TSQLDKSTK	93	2	TMEM5_HUMAN	Q86TY3	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); T7(HexNAc)	0,683	0	2	653,85919	1306,71111	0,79
360	DPVPGKPTVIR	371	2	DAG1_HUMAN	Q86TY3	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T7(HexNAc)	0,683	0	2	655,87164	1310,73601	0,63
205	DFSLTSSSQTPGATK	219	1	PDXL2_HUMAN	P02649	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc)	0,682	0	2	866,97327	1732,93926	0,82
124	DGPTSSINPEVTHDPCNVYHSAGAR	148	2	RGMB_HUMAN	Q9Y625	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc); T8(HexNAc)	0,679	0	2	737,35504	1473,70281	1,50
366	TTGPSEDAGGDSLVEK	381	2	LRP11_HUMAN	Q86V24	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); T2(HexNAc); K16(Dimethyl)	0,679	0	2	1012,97406	2024,94084	0,68
824	IDETGTPGYEGEGEEDKNISR	845	2	NRP1_HUMAN	Q86V24	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T2(HexNAc); K16(Dimethyl:2H(4))	0,679	0	2	1016,99847	2032,98967	0,00
649	GLTTRPGSGLTNIK	662	2	A4_HUMAN	Q9GZM5	N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc); S8(HexNAc)	0,675	0	2	680,35345	1359,69963	-0,44
536	TRLPTAASASK	546	4	PTPRG_HUMAN	O60279	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); S6(HexNAc); T10(HexNAc); S12(HexNAc)	0,674	0	3	891,41144	2672,21976	1,45
60	QTPSTWK	66	2	SDC1_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K2(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T8(HexNAc)	0,673	1	3	542,98535	1626,94150	0,89
1676	IITSEFFEVAT	1687	1	CSPG2_HUMAN	P14314	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); K18(Dimethyl)	0,669	0	3	698,04041	2092,10666	0,27
40	VSTHPSLSQRPGGSK	55	1	TGON2_HUMAN	P14314	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	0,669	0	3	700,72384	2100,15698	0,32
360	DPVKLPTAASTPDA	374	5	A4_HUMAN	P13611	T1(HexNAc); N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); S8(HexNAc); T9(HexNAc); K12(Dimethyl)	0,667	0	3	776,04468	2326,11948	1,01
2058	STILPTAEVEGKAP	2072	5	CSPG2_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T3(HexNAc); T4(HexNAc); S8(HexNAc); T9(HexNAc); K12(Dimethyl:2H(4))	0,667	0	3	778,72723	2334,16715	-0,08
36	SPLSTPSAQAAGPSSGSCPPTK	58	4	CD320_HUMAN	Q9B2M6	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); K4(Dimethyl:2H(4)); S7(HexNAc); T12(HexNAc); T13(HexNAc); K16(Dimethyl:2H(4))	0,667	0	3	848,45905	2543,36258	0,38
1663	NTDTLTLDTSR	1675	4	CSPG2_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T3(HexNAc); T5(HexNAc); S12(HexNAc)	0,665	0	3	764,36896	2291,09232	2,22
204	TATLATLATR	213	3	CK024_HUMAN	Q86V24	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T5(HexNAc); S8(HexNAc)	0,663	0	3	663,66663	1988,98532	0,38
649	GLTTRPGSGLTNIK	662	3	A4_HUMAN	Q86V24	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T5(HexNAc); S8(HexNAc)	0,663	0	3	665,00903	1993,01255	1,44
648	VVPKPVVAPTLS	659	1	SEM4D_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); M17(Oxidation); C19(Carbamidomethyl)	0,662	0	3	823,40875	2468,21170	0,73
31	AGQPPPTAAAAAQR	44	1	AT55_HUMAN	Q9UNAO	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc)	0,661	0	2	769,40234	1537,79741	0,28
191	QPTSTHPVATPTSSGHDHLMK	211	1	PODXL_HUMAN	Q9UNAO	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc)	0,661	0	2	771,41473	1541,82219	0,07
81	TGGLVLPDPEHKSTK	96	4	FXYS_HUMAN	O75509	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); S7(HexNAc); S8(HexNAc); T9(HexNAc); K13(Dimethyl)	0,660	0	3	781,37299	2342,10440	0,97
79	EGTDGLVDPETHKSTK	96	4	FXYS_HUMAN	O75509	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); S7(HexNAc); S8(HexNAc); T9(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4))	0,660	0	3	784,05591	2350,15317	0,35
547	TSSDHTDHTYLSSTFTKGER	566	8	HEG1_HUMAN	Q9ULI3	T1(HexNAc); N-Term(Dimethyl); S2(HexNAc); S3(HexNAc); T6(HexNAc); T9(HexNAc); S12(HexNAc); S13(HexNAc); T14(HexNAc); K17(Dimethyl)	0,660	1	5	790,95215	3950,73164	0,51
157	TLSPGTGAQPSWGVDPK	173	4	EMIL2_HUMAN	O60279	N-Term(Dimethyl); K2(Dimethyl); T7(HexNAc); T8(HexNAc); S21(HexNAc); S24(HexNAc)	0,658	1	4	817,65607	3267,60244	0,64
2080	VSGTVSTNFPQTIEPAK	2096	4	CSPG2_HUMAN	O60279	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K2(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc); T8(HexNAc); S21(HexNAc); S24(HexNAc)	0,658	1	4	819,66821	3275,65102	0,14
139	STAHPTGK	147	1	COCH_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc)	0,656	0	2	692,36121	1383,71514	-0,04
480	IRTTTSVGP	488	1	DAG1_HUMAN	O60462	N-Term(Dimethyl); C6(Carbamidomethyl); K12(Dimethyl); T14(HexNAc)	0,656	0	2	940,45459	1879,90190	1,31

287	SLTSKVPPTVQKPT	300	1	DAF_HUMAN	O60462	N-Term(Dimethyl:2H(4)); C6(Carbamidomethyl); K12(Dimethyl:2H(4)); T14(HexNAc)	0,656	0	2	944,47949	1887,95171	1,08
633	TAEGGHQTIPGHEQDHTAVPTDQTGGR	659	2	PTPRG_HUMAN	Q6NW40	N-Term(Dimethyl); T7(HexNAc); T12(HexNAc); C16(Carbamidomethyl)	0,656	0	5	629,07507	3141,34626	0,37
271	EMENGVPTK	280	1	LYSM3_HUMAN	Q723D4	N-Term(Dimethyl); T9(HexNAc); K10(Dimethyl)	0,656	0	2	688,85254	1376,69780	-0,02
32	GAPNKEETPATESPDTGLYHR	53	2	NUCB1_HUMAN	Q9GZM5	N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc); S8(HexNAc)	0,650	0	2	680,35413	1359,70098	0,54
534	INVPTIANPTEPGIR	546	2	NRX3B_HUMAN	Q9GZM5	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc); S8(HexNAc)	0,650	0	2	682,36725	1363,72722	1,38
46	KPSAGDDFDLG	56	4	CD99_HUMAN	Q86VL7	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc); T9(HexNAc)	0,648	0	2	853,93549	1706,86370	1,02
235	TPAPSEVVLDSK	247	4	GOLM1_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); S7(HexNAc); T8(HexNAc)	0,644	0	3	700,32703	2098,96653	0,73
22	ATTVAPSVGTR	33	1	PTPRA_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc)	0,642	0	2	646,34857	1291,68987	0,44
1676	IITESFFEVAT	1687	3	CSPG2_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); S5(HexNAc); T5(HexNAc); T12(HexNAc)	0,642	0	2	995,98541	1990,96355	0,21
360	DPVKLPTTAASTPD	373	2	A4_HUMAN	Q8NBJ4	N-Term(Dimethyl); S5(HexNAc); S8(HexNAc); K13(Dimethyl)	0,641	0	2	896,46002	1791,91277	0,96
287	SLTSKVPPTVQKPT	300	1	DAF_HUMAN	O60462	N-Term(Dimethyl); C6(Carbamidomethyl); K12(Dimethyl); T14(HexNAc)	0,639	0	2	1054,51025	2108,01323	1,31
1676	IITESFFEVAT	1687	1	CSPG2_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); M7(Oxidation); C19(Carbamidomethyl)	0,636	0	3	822,06622	2464,18412	-0,28
577	LGNTISLFGGGTTPDAK	594	2	HYOU1_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); T8(HexNAc)	0,628	0	3	701,06183	2101,17093	0,94
651	TTRPGSLTNIK	662	4	A4_HUMAN	P23470	T3(HexNAc); N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc); S8(HexNAc); S10(HexNAc); K11(Dimethyl)	0,626	1	3	657,67242	1971,00272	0,55
22	ATTVAPSVGTR	33	4	PTPRA_HUMAN	P23470	T1(HexNAc); N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc); S8(HexNAc); S10(HexNAc); K11(Dimethyl)	0,626	1	3	657,67273	1971,00364	1,01
22	ATTVAPSVGTR	33	4	PTPRA_HUMAN	P23470	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T5(HexNAc); S8(HexNAc); S10(HexNAc); K11(Dimethyl:2H(4))	0,626	1	3	660,35626	1979,05423	1,20
664	TSAFPYAK	671	4	NLGN1_HUMAN	P23470	T1(HexNAc); N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc); S8(HexNAc); S10(HexNAc); K11(Dimethyl)	0,624	1	3	657,67316	1971,00492	1,66
354	VHTAASPALPR	365	4	LRP11_HUMAN	P23470	T1(HexNAc); N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc); S8(HexNAc); S10(HexNAc); K11(Dimethyl)	0,624	1	3	657,67261	1971,00327	0,82
411	VEPTAVATPPTTTTKPR	428	4	DAG1_HUMAN	P23470	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T5(HexNAc); S8(HexNAc); S10(HexNAc); K11(Dimethyl:2H(4))	0,624	1	3	660,35583	1979,05295	0,55
206	DPTKPPSLAPGTQPK	221	4	N2DL1_HUMAN	P23470	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T5(HexNAc); S8(HexNAc); S10(HexNAc); K11(Dimethyl:2H(4))	0,624	1	3	660,35608	1979,05368	0,92
123	QRLPEPATLGSAR	136	1	NPDC1_HUMAN	O60279	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); K16(Dimethyl)	0,623	0	2	933,97766	1866,94805	-0,21
123	QRLPEPATLGSAR	136	1	NPDC1_HUMAN	O60279	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); K16(Dimethyl:2H(4))	0,623	0	2	938,00293	1874,99858	-0,04
696	TDYTYDEIQQEITK	709	1	CSPG2_HUMAN	Q9BS26	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T9(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4))	0,619	0	4	890,91864	3560,65273	-0,38
136	SGPSDGPAPYQPR	149	2	PRRT4_HUMAN	C9JH25	N-Term(Dimethyl); S4(HexNAc); T8(HexNAc)	0,618	0	3	621,95898	1863,86240	0,89
360	DPVKLPTTAASTP	372	4	A4_HUMAN	Q9NPF0	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc); T7(HexNAc); S16(HexNAc); S18(HexNAc); C19(Carbamidomethyl); K23(Dimethyl:2H(4))	0,615	0	4	766,37341	3062,47182	0,66
287	SLTSKVPPTVQKPT	300	3	DAF_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); S5(HexNAc); T12(HexNAc)	0,611	0	2	995,98663	1990,96599	1,43
659	NSVPVTSAFPYAK	671	1	NLGN1_HUMAN	Q9GZM5	N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc)	0,610	0	2	578,81445	1156,62163	0,66
222	FPSASPGSLK	231	1	PSI13_HUMAN	Q9GZM5	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc)	0,610	0	2	580,82684	1160,64641	0,38
39	STPTSAQAAGPSSGSCPPTK	58	6	CD320_HUMAN	O00592	T1(HexNAc); N-Term(Dimethyl); S2(HexNAc); T2(HexNAc); T8(HexNAc); S11(HexNAc); S12(HexNAc); M18(Oxidation); K19(Dimethyl)	0,610	0	5	659,70502	3294,49598	0,55

22	ATTVAPSVGTR	33	4	PTPRA_HUMAN	P08174	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); S4(HexNAc); K5(Dimethyl); T9(HexNAc); K12(Dimethyl); T14(HexNAc)	0,609	1	3	793,76007	2379,26566	0,67
650	LTRPGSGLTNIK	662	4	A4_HUMAN	P08174	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); S4(HexNAc); K5(Dimethyl); T9(HexNAc); K12(Dimethyl); T14(HexNAc)	0,609	1	3	793,76007	2379,26566	0,67
365	ILDMATLTGAQGIATGK	381	4	PEPL1_HUMAN	P08174	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); S4(HexNAc); K5(Dimethyl); T9(HexNAc); K12(Dimethyl); T14(HexNAc)	0,609	1	3	793,76050	2379,26694	1,21
1256	FITGATSGAIAAGATAR	1272	4	AGRIN_HUMAN	P08174	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); S4(HexNAc); K5(Dimethyl); T9(HexNAc); K12(Dimethyl); T14(HexNAc)	0,609	1	3	797,78522	2391,34110	0,71
649	GLTRPGSGLTNIKTEE	665	5	A4_HUMAN	P08174	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); S4(HexNAc); K5(Dimethyl); T9(HexNAc); K12(Dimethyl); T14(HexNAc); T15(HexNAc)	0,604	1	3	966,17236	2896,50254	0,02
587	LEVLGCDWTDKPTVE	602	2	NRP2_HUMAN	P16070	N-Term(Dimethyl); S2(HexNAc); S4(HexNAc)	0,603	0	2	758,34094	1515,67461	0,58
83	IPTTTPATTK	92	5	LAMP3_HUMAN	Q9UQV4	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc); T8(HexNAc); T9(HexNAc); K10(Dimethyl)	0,603	0	3	701,35034	2102,03647	-0,44
101	LAGTESPVR	109	5	TFR1_HUMAN	Q9UQV4	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc); T8(HexNAc); T9(HexNAc); K10(Dimethyl); T11(HexNAc); N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T6(HexNAc); M7(Oxidation); T8(HexNAc); S9(HexNAc)	0,603	0	3	704,03400	2110,08744	-0,09
480	IRTTTSVGP	488	5	DAG1_HUMAN	Q9NWD8	T1(HexNAc); N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T6(HexNAc); M7(Oxidation); T8(HexNAc); S9(HexNAc)	0,602	0	3	809,35602	2426,05350	1,50
295	GTMSDKETHDVK	307	5	APLP2_HUMAN	Q9NWD8	T1(HexNAc); N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T6(HexNAc); M7(Oxidation); T8(HexNAc); S9(HexNAc)	0,601	0	3	810,69696	2430,07633	0,56
447	GTNRISYAVQGAH	459	1	EMAL1_HUMAN	O75487;Q9Y625	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc)	0,600	0	3	492,92651	1476,76499	-0,23
215	VAALQTVGPTAGPAPK	230	3	K2013_HUMAN	P16070	T1(HexNAc); N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc); S7(HexNAc); K9(Dimethyl)	0,597	0	2	814,93054	1628,85381	1,28
331	LPTTVLNATAK	341	3	YIPF3_HUMAN	P16070	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); T5(HexNAc); S7(HexNAc); K9(Dimethyl); T2(HexNAc)	0,597	0	2	818,95532	1636,90337	0,88
829	STPGYEGEGGDKNISR	845	6	NRP1_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T3(HexNAc); S7(HexNAc); S8(HexNAc); S10(HexNAc); T13(HexNAc)	0,593	0	3	813,69739	2439,07761	0,34
422	FHPDQDDVVPAPAGDQK	439	2	NUCB1_HUMAN	Q9BS26	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T9(HexNAc); T11(HexNAc); K31(Dimethyl); T2(HexNAc)	0,592	0	4	941,68915	3763,73476	0,34
83	IPTTTPATTK	92	5	LAMP3_HUMAN	Q9UQV4	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc); T8(HexNAc); T9(HexNAc); K10(Dimethyl)	0,592	0	3	701,35077	2102,03775	0,17
428	GPMSITVAGSQEGSK	442	4	LPHN2_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl); T15(HexNAc)	0,589	1	3	838,42944	2513,27378	0,83
127	AGSIEDTSQAQELPNLPSF	145	1	PDXL2_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); K14(Dimethyl)	0,589	0	3	613,30078	1837,88779	1,24
125	KPTVQSPSTTSK	137	1	MUC24_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); K14(Dimethyl); T2(HexNAc)	0,589	0	3	615,98370	1845,93656	0,45
32	GAPNKEETPATESPDTGLYHR	53	2	NUCB1_HUMAN	Q02818	N-Term(Dimethyl); K5(Dimethyl); T8(HexNAc); T11(HexNAc)	0,575	1	4	724,59473	2895,35708	1,36
287	SLTSKVPPTVQKPT	300	2	DAF_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T12(HexNAc)	0,573	0	2	894,44592	1787,88457	0,45
651	TTRPGSGLTNIK	662	2	A4_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T12(HexNAc)	0,573	0	2	894,44604	1787,88481	0,59
635	VQPTAAAAVTL	645	5	K154L_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl); S3(HexNAc); S4(HexNAc); S5(HexNAc); S6(HexNAc); T7(HexNAc)	0,572	0	3	771,36151	2312,06998	2,12
478	FTASSSGMVPK	489	2	NRX3B_HUMAN	Q9GZM5	N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc); S8(HexNAc)	0,572	0	2	680,35401	1359,70075	0,38
83	TSLQILDKSTK	93	2	TMEM5_HUMAN	Q9GZM5	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T5(HexNAc); S8(HexNAc)	0,572	0	2	682,36725	1363,72722	1,38
125	KPTVQSPSTTSK	137	2	MUC24_HUMAN	Q04900	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T4(HexNAc); K10(Dimethyl)	0,567	1	3	525,62622	1574,86411	0,31

187	SSTSGGYIFY	196	2	CD44_HUMAN	Q6ZVL6	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); T10(HexNAc)	0,561	0	2	738,39581	1475,78435	0,25
874	LAEEFPGSQDVTGGSQDR	892	1	S38AA_HUMAN	Q9HB80	N-Term(Dimethyl); S16(HexNAc)	0,560	0	3	751,34931	2252,03339	0,87
287	SLTSKVPPTVQKPTVN	303	4	DAF_HUMAN	P23470	T1(HexNAc); N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc); S8(HexNAc); S10(HexNAc); K11(Dimethyl)	0,560	1	3	657,67240	1971,00265	0,51
648	VVPKPVVAPT	657	4	SEM4D_HUMAN	P23470	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T5(HexNAc); S8(HexNAc); S10(HexNAc); K11(Dimethyl:2H(4))	0,560	1	3	660,35608	1979,05368	0,92
277	TTTTSEEVVVR	288	4	A4_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc)	0,558	0	3	764,69572	2292,07260	0,59
191	CEQDRSPPTTAPPAPSPSPVVK	215	5	LAMP1_HUMAN	P11279	N-Term(Dimethyl); C1(Carbamidomethyl); T9(HexNAc); T10(HexNAc); S17(HexNAc); S19(HexNAc); S21(HexNAc); K25(Dimethyl)	0,556	0	5	734,55151	3668,72846	0,67
587	LEVLGCDWTDKPT	600	3	NRP2_HUMAN	P16070	N-Term(Dimethyl); S2(HexNAc); T3(HexNAc); S4(HexNAc)	0,555	0	2	859,88068	1718,75408	0,57
726	RVPSEAPPTVEPRDPEK	743	2	DAG1_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl); S4(HexNAc); T9(HexNAc); K18(Dimethyl)	0,548	2	3	827,75085	2481,23801	0,96
34	TPPAEELAEPAAGGGQK	51	2	ANFC_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S4(HexNAc); T9(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	0,548	2	3	830,43457	2489,28916	1,34
80	GTDGPLVDPETHKSTK	96	4	FXYS_HUMAN	Q96D89	N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc); T9(HexNAc); K11(Dimethyl); S12(HexNAc); T13(HexNAc); K14(Dimethyl)	0,547	1	4	602,30481	2406,19741	-1,99
299	AAYSTGGCLHTC	310	4	LRP11_HUMAN	Q96D89	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc); T9(HexNAc); K11(Dimethyl:2H(4)); S12(HexNAc); T13(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	0,547	1	4	605,32471	2418,27700	-0,22
123	QRLPEPATLGF SAR	136	1	NPDC1_HUMAN	O60279	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); K16(Dimethyl)	0,544	0	3	622,98779	1866,94883	0,20
306	ITAPTLAGNSTAVPTPPSK	328	1	SERC3_HUMAN	O60279	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); K16(Dimethyl:2H(4))	0,544	0	3	625,67212	1875,00180	1,68
22	ATTVAPSVGTR	33	3	PTPRA_HUMAN	Q86V24	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T4(HexNAc); S7(HexNAc)	0,544	0	3	619,98657	1857,94516	0,59
649	GLTTRPGSGLTNIKE	664	6	A4_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T3(HexNAc); S7(HexNAc); S8(HexNAc); S10(HexNAc); T13(HexNAc)	0,543	0	3	813,69800	2439,07944	1,09
338	VIVGNTDGGPSGVGK	353	2	SUSD5_HUMAN	Q9BX00	N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc); T7(HexNAc); K17(Dimethyl)	0,540	0	3	735,37079	2204,09781	0,38
97	AAHPTDDTTLSERSPS	114	2	FXYS_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); T2(HexNAc)	0,537	0	2	791,88885	1582,77043	0,62
34	SVVTDDGFAEGGPDER	49	2	RPRM_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T2(HexNAc)	0,537	0	2	793,90228	1586,79729	1,72
205	DFSLTSSSQTPGATK	219	4	PDXL2_HUMAN	Q9NZ53	N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc); S7(HexNAc); S8(HexNAc); T10(HexNAc); K15(Dimethyl)	0,536	0	3	799,04248	2395,11289	-0,23
634	LYGSAGPPPTGEEDTAEKDEL	654	1	GRP78_HUMAN	Q70JA7	N-Term(Dimethyl); S1(HexNAc)	0,536	0	3	593,97339	1779,90561	1,76
374	GAIIQPTLGIQPTR	389	1	DAG1_HUMAN	Q70JA7	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc)	0,536	0	3	595,31372	1783,92661	-0,55
713	FITVNPAAKNTSGM	726	4	PTPRG_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl); T15(HexNAc)	0,522	1	3	838,42896	2513,27231	0,25
485	ILSGTSSVQPIQPK	499	4	CBPD_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4)); T15(HexNAc)	0,522	1	3	841,11279	2521,32383	0,76
125	KPTVQPSSTTSK	137	1	MUC24_HUMAN	O60279	N-Term(Dimethyl); S7(HexNAc)	0,520	0	2	1106,00293	2210,99858	0,42
78	SVETMKPSK	87	3	MANEA_HUMAN	Q5SR19	N-Term(Dimethyl); S1(HexNAc); T5(HexNAc); M6(Oxidation); K7(Dimethyl); S8(HexNAc); K10(Dimethyl)	0,519	0	3	610,31665	1828,93540	0,32
191	QPTSTHPVATPTSSGHDHLMK	211	3	PODXL_HUMAN	Q5SR19	S1(HexNAc); N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc); M6(Oxidation); K7(Dimethyl:2H(4)); S9(HexNAc); K10(Dimethyl:2H(4))	0,519	0	3	614,34161	1841,01029	0,08
36	VTDGFAEGGPDER	49	5	RPRM_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); T2(HexNAc); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc)	0,506	0	3	832,38928	2495,15329	1,07
536	TRLPTAASASK	546	1	PTPRG_HUMAN	Q9HB85	N-Term(Dimethyl); T11(HexNAc)	0,504	0	2	658,37158	1315,73589	0,23
651	TTRPGSGLTNIK	662	1	A4_HUMAN	Q9HB85	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T11(HexNAc)	0,504	0	2	660,38434	1319,76140	0,54

547	QAARPVLAT	555	5	PTRPG_HUMAN	Q96DB9	T1(HexNAc); N-Term(Dimethyl); T7(HexNAc); T11(HexNAc); K13(Dimethyl); S14(HexNAc); T15(HexNAc); K16(Dimethyl)	0,502	1	4	707,09497	2825,35805	0,65
360	DPVKLPTTAASPD	373	2	A4_HUMAN	Q8NC54	N-Term(Dimethyl); S5(HexNAc); S11(HexNAc)	0,501	0	2	862,42249	1723,83769	-0,49
648	VVKPVPVAPT	657	4	SEM4D_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl); T15(HexNAc)	0,496	1	3	838,42969	2513,27451	1,12
66	LPVTASAPTSLLPK	79	4	PARM1_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4)); T15(HexNAc)	0,496	1	3	841,11194	2521,32126	-0,26
829	STPGYEGEGEGDKNISR	845	2	NRP1_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); T3(HexNAc)	0,495	0	2	844,42529	1687,84331	0,63
526	GSTEQDAASPEKEK	539	2	APLP1_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T3(HexNAc)	0,484	0	2	842,41296	1683,81865	0,90
1684	VPATTIYVSEQPSAK	1699	3	CSPG2_HUMAN	Q8N2Q7	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); S3(HexNAc); T7(HexNAc); K9(Dimethyl)	0,483	0	2	793,90649	1586,80571	0,59
166	QVTESVSDSITV	177	3	CUTA_HUMAN	Q9NQ53	S1(HexNAc); N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T10(HexNAc); K13(Dimethyl)	0,483	0	3	685,66339	2054,97562	0,22
166	QVTESVSDSITV	177	3	CUTA_HUMAN	Q9NQ53	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc); T2(HexNAc); T10(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4))	0,483	0	3	688,34692	2063,02622	0,40
139	STAHPPTGK	147	2	COCH_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T3(HexNAc)	0,481	0	2	842,41272	1683,81816	0,61
649	GLITRPGSLTNIKTEISEVKMD	672	5	A4_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl); T15(HexNAc); S19(HexNAc)	0,471	1	3	1015,84058	3045,50718	-0,85
2808	TDTTAVSTFAK	2819	1	CSPG2_HUMAN	P10230	N-Term(Dimethyl); Y4(HexNAc); M28(Oxidation); C35(Carbamidomethyl)	0,471	2	6	783,67969	4697,04174	-4,06
359	EFHGGPDTDTAPGEQAQD	377	5	ERP44_HUMAN	Q96DB9	T1(HexNAc); N-Term(Dimethyl); T7(HexNAc); T11(HexNAc); K13(Dimethyl); S14(HexNAc); T15(HexNAc); K16(Dimethyl)	0,466	1	4	707,09454	2825,35634	0,05
577	LGNTSSLVGGGTTTPDAK	594	1	HYOU1_HUMAN	Q8NQX5	N-Term(Dimethyl); T8(HexNAc)	0,453	1	3	591,98816	1773,94992	0,26
374	GAIQPTPLGPIQPTR	389	1	DAG1_HUMAN	Q8NQX5	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T8(HexNAc)	0,453	1	3	593,33057	1777,97715	1,45
36	VTDDGFAEQGPDER	49	3	RPRM_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T3(HexNAc); T4(HexNAc)	0,445	0	3	663,31989	1987,94510	0,46
102	AGTESPVREPEGDFPAAR	120	4	TFR1_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); K4(Dimethyl); T7(HexNAc); T8(HexNAc); S11(HexNAc); T12(HexNAc)	0,443	1	3	761,04083	2281,10794	0,45
186	YSDEKPAVPSR	196	1	LAYN_HUMAN	Q6UX15	N-Term(Dimethyl); K5(Dimethyl); S10(HexNAc)	0,426	0	3	503,25922	1507,76310	-0,54
588	SPTNTTPHVAEGPEASRPPK	608	1	QSOX1_HUMAN	Q6UX15	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K5(Dimethyl:2H(4)); S10(HexNAc)	0,426	0	3	505,94318	1515,81498	0,56
478	FTASSSGMVPK	489	2	NRX3B_HUMAN	Q8N428	N-Term(Dimethyl); S4(HexNAc); T7(HexNAc)	0,408	0	2	621,81458	1242,62187	0,49
200	GSLGDSGKHETVNQEEK	217	1	EFNB1_HUMAN	P98172	N-Term(Dimethyl); K9(Dimethyl); T12(HexNAc); K18(Dimethyl)	0,405	1	4	555,01837	2217,05166	-0,07
142	ADTDPENLPEISSQK	156	3	MA1B1_HUMAN	Q9UKM7	N-Term(Dimethyl); S1(HexNAc); S12(HexNAc); S13(HexNAc); K15(Dimethyl)	0,381	0	3	770,36304	2309,07456	-0,92
2524	FREFEDSTLK	2533	4	CSPG2_HUMAN	P13611	S1(HexNAc); N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T6(HexNAc); T12(HexNAc); K13(Dimethyl)	0,373	1	3	794,73584	2382,19297	0,83
1503	TVFPHEEFESGTAK	1516	4	CSPG2_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc); T2(HexNAc); T6(HexNAc); T12(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4))	0,373	1	3	797,41992	2390,24521	1,68
338	VVIYNTDGPSPVGVK	353	2	SUSD5_HUMAN	O60279	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); S10(HexNAc); K16(Dimethyl)	0,358	0	3	690,68121	2070,02909	0,61
338	VVIYNTDGPSPVGVK	353	2	SUSD5_HUMAN	O60279	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); S10(HexNAc); K16(Dimethyl:2H(4))	0,358	0	3	693,36438	2078,07859	0,27
411	FSQFLGDPVEK	421	3	K0494_HUMAN	Q31906	N-Term(Dimethyl); K2(Dimethyl); S5(HexNAc); S12(HexNAc); M14(Oxidation); T15(HexNAc); K16(Dimethyl)	0,351	0	3	836,10828	2506,31028	0,24
162	SSHVITDITLSTKAEHLT	179	1	PODXL_HUMAN	Q8NCB2	N-Term(Dimethyl); T19(HexNAc)	0,341	0	5	701,92383	3505,59003	-8,25
1288	APHPSHTSQPVAK	1300	3	AGRIN_HUMAN	O00468	N-Term(Dimethyl); S5(HexNAc); T7(HexNAc); S8(HexNAc); K13(Dimethyl)	0,337	0	4	506,25610	2022,00258	-0,03

1288	APHPSHTSQPVAK	1300	3	AGRIN_HUMAN	O00468	N-Term(Dimethyl); S5(HexNAc); T7(HexNAc); S8(HexNAc); K13(Dimethyl)	0,337	0	4	506,25632	2022,00344	0,39
470	IGTKYNEAK	478	3	PTRPRZ_HUMAN	O00468	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); T7(HexNAc); S8(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4))	0,337	0	4	508,26898	2030,05410	0,61
353	MVHTHAASPALPR	365	2	LRP11_HUMAN	Q86V24	N-Term(Dimethyl); K6(Dimethyl); T13(HexNAc); K15(Dimethyl)	0,336	1	4	547,04846	2185,17202	0,40
330	TPSPTVAHESNWA	343	2	PODXL_HUMAN	Q86V24	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); K6(Dimethyl:2H(4)); T13(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))	0,336	1	4	550,06726	2197,24721	0,34
212	ISSSSSTVAIPGY	224	4	PODXL_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); K4(Dimethyl); T7(HexNAc); T8(HexNAc); S11(HexNAc); T12(HexNAc)	0,328	1	3	784,71948	2352,14389	-0,06
359	SAYYPEDLFIDK	370	1	GPC3_HUMAN	P51654	N-Term(Dimethyl); S1(HexNAc); K12(Dimethyl)	0,317	0	2	860,42249	1719,83769	0,75
359	EFHHGPDPTDTPARGEQAQOVASSPPESSFKQ	389	2	ERP44_HUMAN	Q9B526	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T9(HexNAc); T11(HexNAc); K31(Dimethyl:2H(4))	0,313	0	4	941,68933	3763,73549	0,54
480	IRTTTSGVPR	489	2	DAG1_HUMAN	O60462	N-Term(Dimethyl); C6(Carbamidomethyl); K12(Dimethyl); T14(HexNAc); T17(HexNAc); K23(Dimethyl)	0,296	0	4	759,64093	3035,54189	1,22
480	IRTTTSGVPR	489	2	DAG1_HUMAN	O60462	N-Term(Dimethyl:2H(4)); C6(Carbamidomethyl); K12(Dimethyl:2H(4)); T14(HexNAc); T17(HexNAc); K23(Dimethyl:2H(4))	0,296	0	4	762,65845	3047,61196	-0,51
1006	LASNHLTCEGDPTN	1019	4	LRP2_HUMAN	P18827	N-Term(Dimethyl); M7(Oxidation); T16(HexNAc); T27(HexNAc); T30(HexNAc); T38(HexNAc)	0,291	1	6	854,04028	5119,20532	-8,34
588	TVVPSITR	595	3	CN037_HUMAN	Q96F05	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T6(HexNAc); T9(HexNAc)	0,284	0	2	830,44641	1659,88555	1,11
727	VPSEAPPTVPDRDPEK	743	1	DAG1_HUMAN	P22004	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S2(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4))	0,272	0	2	827,41937	1653,83147	0,55
169	SQATVTLPTWQPK	181	2	DNER_HUMAN	Q8NF78	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); T6(HexNAc); K13(Dimethyl)	0,201	0	3	640,33905	1919,00260	0,91
266	VLSIQEGTV	275	1	TNR21_HUMAN	O00461	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K1(Dimethyl:2H(4)); S4(HexNAc)	0,098	1	3	693,02747	2077,06784	-0,48
126	SHPELQTPKDSGK	139	4	TGON2_HUMAN	Q9BW04	N-Term(Dimethyl); K5(Dimethyl); T6(HexNAc); S7(HexNAc); T8(HexNAc); S9(HexNAc); K12(Dimethyl)	0,069	1	3	696,68384	2088,03696	1,90
884	SSQIHTSSSSQTHVSSSSQAIAASHALGTSEAQDASSLTQVTK	928	3	UBN2_HUMAN	Q5ZU65	N-Term(Dimethyl); S32(HexNAc); S38(HexNAc); S39(HexNAc); K45(Dimethyl)	0,042	0	6	864,25061	5180,46728	3,83
838	MENKPTSSSELQK	849	1	AMD_HUMAN	P19021	N-Term(Dimethyl); M1(Oxidation); K4(Dimethyl); T6(HexNAc); K12(Dimethyl)	0	0	3	565,62225	1694,85221	0,26
1537	SDASVSNAGFVIDYENPRESFCDFPSGSIK	1565	3	CSMD2_HUMAN	Q72408	N-Term(Dimethyl); T15(HexNAc); S21(HexNAc); C22(Carbamidomethyl); S27(HexNAc); K29(Dimethyl)	0	1	5	766,34583	3827,70002	-8,59
633	TAEGGHQITPGHEQDHTAVPTDQTGGR	659	4	PTPRG_HUMAN	P23470	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); T8(HexNAc); T17(HexNAc); T21(HexNAc)	0	0	5	728,33362	3637,63898	0,45
163	TNPFDIYPSNPTDDVSSGSSSER	186	2	CD44_HUMAN	P16070	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); S22(HexNAc)	0	0	3	1001,76245	3003,27280	0,60
634	LYGSAGPPPTGEEDTAEKDEL	654	1	GRP78_HUMAN	P11021	N-Term(Dimethyl); T10(HexNAc); K18(Dimethyl)	1	3	812,38367	2435,13645	0,64	
634	LYGSAGPPPTGEEDTAEKDEL	654	1	GRP78_HUMAN	P11021	N-Term(Dimethyl); T10(HexNAc); K18(Dimethyl)	1	3	812,38434	2435,13846	1,47	
1288	APHPSHTSQPVAK	1300	3	AGRIN_HUMAN	O00468	N-Term(Dimethyl); S5(HexNAc); T7(HexNAc); S8(HexNAc); K13(Dimethyl)	0	0	4	506,25662	2022,00466	1,00
191	QPTSTHPVATPTSSGHDHLMK	211	6	PODXL_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); S4(HexNAc); T5(HexNAc); T10(HexNAc); S13(HexNAc); S14(HexNAc); M20(Oxidation); K21(Dimethyl)	0	0	5	704,72729	3519,60737	0,52
191	QPTSTHPVATPTSSGHDHLMK	211	7	PODXL_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); S4(HexNAc); T5(HexNAc); T10(HexNAc); T12(HexNAc); S13(HexNAc); S14(HexNAc); K21(Dimethyl)	0	0	5	742,14447	3706,69324	0,88
217	DVSSSTPPSVTSK	229	5	S39A6_HUMAN	Q13433	N-Term(Dimethyl); S4(HexNAc); S5(HexNAc); T6(HexNAc); S9(HexNAc); S12(HexNAc); K13(Dimethyl)	0	0	3	788,37183	2363,10093	1,61

191	CEQDRSPPTTAPPAPPSPSPSPVK	215	5	LAMP1_HUMAN	P11279	N-Term(Dimethyl); C1(Garbinidomethyl); T9(HexNAc); T10(HexNAc); S17(HexNAc); S19(HexNAc); S21(HexNAc); K25(Dimethyl)	0	4	917,93719	3668,72695	0,25
726	RVPSEAPPTEVPDRDPEK	743	2	DAG1_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl); S4(HexNAc); T9(HexNAc); K18(Dimethyl)	2	3	827,75024	2481,23618	0,23
2058	STILPTAEVEGKAPVEKEEVK	2079	4	CSPG2_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl); S1(HexNAc); T2(HexNAc); T6(HexNAc); T12(HexNAc); K13(Dimethyl); K18(Dimethyl); K22(Dimethyl)	2	4	820,68335	3279,71157	1,04
2453	QESSTTFVSDGSLEKHPEVPSAK	2475	5	CSPG2_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl); S3(HexNAc); S4(HexNAc); S8(HexNAc); S12(HexNAc); K15(Dimethyl); S21(HexNAc); K23(Dimethyl)	1	4	890,67511	3559,67861	-0,32
359	EFHGGPDDTDPARQEQAQDVASSPPESSFQK	389	2	ERP44_HUMAN	Q9BS26	N-Term(Dimethyl); T9(HexNAc); S28(HexNAc); K31(Dimethyl)	0	5	751,94275	3755,68464	0,37
359	EFHGGPDDTDPARQEQAQDVASSPPESSFQK	389	2	ERP44_HUMAN	Q9BS26	N-Term(Dimethyl); T9(HexNAc); S28(HexNAc); K31(Dimethyl)	0	5	751,94238	3755,68281	-0,12
359	EFHGGPDDTDPARQEQAQDVASSPPESSFQK	389	1	ERP44_HUMAN	Q9BS26	N-Term(Dimethyl); T9(HexNAc); K31(Dimethyl)	0	4	888,90723	3552,60708	0,90
353	MVHTAASPALPR	365	3	LRP11_HUMAN	Q86V24	N-Term(Dimethyl); M1(Oxidation); T3(HexNAc); T5(HexNAc); S8(HexNAc)	0	3	668,99884	2004,98197	1,24
663	GTSSSPLAVASGPAK	677	4	K154L_HUMAN	Q6ZVL6	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); S4(HexNAc); S5(HexNAc); S11(HexNAc); K15(Dimethyl)	0	3	733,36853	2198,09104	4,55
364	FRPYNPEERPTTAAGTSLDR	383	1	GPC6_HUMAN	Q9Y625	N-Term(Dimethyl); T11(HexNAc)	0	4	628,06366	2509,23281	0,38
649	GLTRPGSGLTNIKTEEISEVK	670	4	A4_HUMAN	Q2UVX4	T1(HexNAc); N-Term(Dimethyl); T7(HexNAc); S8(HexNAc); T15(HexNAc); K16(Dimethyl); K19(Dimethyl)	1	4	756,90314	3024,59072	-0,28
214	AGQDVVHLHPTDGVVLDGR	232	1	LRP11_HUMAN	P51654	S1(HexNAc); N-Term(Dimethyl); K12(Dimethyl); K13(Dimethyl)	1	3	625,99310	1875,96476	1,11
214	AGQDVVHLHPTDGVVLDGR	232	1	LRP11_HUMAN	Q86V24	N-Term(Dimethyl); T11(HexNAc)	0	3	731,39020	2192,15604	0,09
385	ATAPNKPPALSNTTEK	400	2	LRP11_HUMAN	Q86V24	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); K6(Dimethyl); T13(HexNAc); K15(Dimethyl)	1	4	547,04840	2185,17177	0,29
385	ATAPNKPPALSNTTEK	400	2	LRP11_HUMAN	Q86V24	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); K6(Dimethyl); T13(HexNAc); K15(Dimethyl)	1	4	547,04828	2185,17129	0,07
385	ATAPNKPPALSNTTEK	400	2	LRP11_HUMAN	Q86V24	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); K6(Dimethyl); T13(HexNAc); K15(Dimethyl)	1	3	729,06256	2185,17314	0,91
267	ATVLSQVPK	275	2	GPR64_HUMAN	Q49A88	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); S15(HexNAc); K17(Dimethyl)	0	3	689,36719	2066,08701	0,30
649	GLTRPGSGLTNIK	662	2	A4_HUMAN	Q9UJV9	N-Term(Dimethyl); S4(HexNAc); M12(Oxidation); S13(HexNAc); K15(Dimethyl)	1	3	694,37335	2081,10550	0,38
331	LPPTVLNATAK	341	2	YIPF3_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl); S4(HexNAc); T9(HexNAc); K18(Dimethyl)	2	4	621,06494	2481,23794	0,93
588	TVVPSITR	595	3	CN037_HUMAN	Q8N2Q7	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); S7(HexNAc); T11(HexNAc); K13(Dimethyl)	0	2	992,50586	1984,00444	1,78
649	GLTRPGSGLTNIKTEEISEVK	670	2	A4_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl); T7(HexNAc); T12(HexNAc); K17(Dimethyl)	0	3	746,71912	2238,14280	1,77
338	VYIGNTDGSPGPFVVK	353	2	SUSD5_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl); K22(Dimethyl)	1	4	705,88245	2820,50796	-0,35
226	AITISSPLTDLTDLAELSGGPK	246	1	K319L_HUMAN	Q9NPG1	N-Term(Dimethyl); T11(HexNAc)	0	3	760,74156	2280,21012	0,81
649	GLTRPGSGLTNIK	662	2	A4_HUMAN	Q49A88	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); S15(HexNAc); K17(Dimethyl)	0	3	689,36737	2066,08756	0,56
342	AVAVTLQSH	350	2	YIPF3_HUMAN	Q49A88	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); S15(HexNAc); K17(Dimethyl)	0	3	689,36731	2066,08738	0,47
588	TVVPSITR	595	1	CN037_HUMAN	Q49A88	N-Term(Dimethyl); S15(HexNAc); K17(Dimethyl)	0	3	621,67419	1863,00803	0,54
226	AITISSPLTDLTDLAELSGGPK	246	4	K319L_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T9(HexNAc); S11(HexNAc); M13(Oxidation); S18(HexNAc); K22(Dimethyl)	0	4	807,14642	3225,56386	0,96
805	AATTQLVNSGLAVSGK	821	2	CCD14_HUMAN	Q49A88	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); S15(HexNAc); K17(Dimethyl)	0	3	689,36743	2066,08774	0,65
649	GLTRPGSGLTNIK	662	2	A4_HUMAN	Q49A88	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); S15(HexNAc); K17(Dimethyl)	0	3	689,36719	2066,08701	0,30
649	GLTRPGSGLTNIKTEEISEVK	670	2	A4_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl)	0	3	626,34705	1877,02658	2,09

70	SSAEQTPEDTNNK	83	4	TGON2_HUMAN	O00391	N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc); T6(HexNAc); T10(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl)	0	3	757,70410	2271,09775	0,15
217	DVSSSTPPSVTSK	229	2	S39A6_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl); S3(HexNAc); S6(HexNAc); K11(Dimethyl)	0	3	565,28961	1693,85428	0,69
205	DFSLTSSSQTPGATK	219	1	PDXL2_HUMAN	P02786	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc)	1	3	787,05298	2359,14438	1,29
282	SEALPTDLPAAPSADLTEPK	301	1	GLU2B_HUMAN	P14314	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); K20(Dimethyl)	0	3	770,06531	2308,18137	0,28
2526	EFEDSTLKPNR	2536	3	CSPG2_HUMAN	Q86V24	N-Term(Dimethyl); M1(Oxidation); T3(HexNAc); T5(HexNAc); S8(HexNAc)	0	3	668,99872	2004,98160	1,06
2152	TTDYSVLTKK	2162	4	CSPG2_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); S7(HexNAc); T8(HexNAc); K14(Dimethyl)	0	3	752,36896	2255,09232	0,47
931	LGVTAEYSPASR	942	2	HEG1_HUMAN	O75056	N-Term(Dimethyl); T7(HexNAc); T8(HexNAc)	0	3	742,38171	2225,13059	0,41
191	CEQDRPSPTTAPP	203	3	LAMP1_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); T8(HexNAc); T15(HexNAc)	0	3	767,41321	2300,22507	0,80
276	TTTTTSEVEEVR	288	6	A4_HUMAN	Q96DB9	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T3(HexNAc); S6(HexNAc); S7(HexNAc); S10(HexNAc); T11(HexNAc)	0	3	806,67340	2418,00565	0,82
36	VTDDGFAEGGPOER	49	4	RPRM_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); T2(HexNAc); T3(HexNAc); T4(HexNAc)	0	3	731,01349	2191,02591	1,07
278	TTTTSEVEEVR	288	1	A4_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); K1(Dimethyl); T2(HexNAc); K9(Dimethyl)	1	3	450,58533	1349,74143	0,28
368	NPEERPTTAAGTSLDR	383	5	GPC6_HUMAN	Q96DB9	T1(HexNAc); N-Term(Dimethyl); T7(HexNAc); T11(HexNAc); K13(Dimethyl); S14(HexNAc); T15(HexNAc); K16(Dimethyl)	1	4	707,09546	2825,36001	1,34
80	ATTLGVSSDSPGT	92	5	PODXL_HUMAN	Q96DB9	T1(HexNAc); N-Term(Dimethyl); T7(HexNAc); T11(HexNAc); K13(Dimethyl); S14(HexNAc); T15(HexNAc); K16(Dimethyl)	1	4	707,09521	2825,35903	1,00
1417	VTVKDPPEAAEAR	1430	5	CSPG2_HUMAN	Q96DB9	T1(HexNAc); N-Term(Dimethyl); T7(HexNAc); T11(HexNAc); K13(Dimethyl); S14(HexNAc); T15(HexNAc); K16(Dimethyl)	1	4	707,09473	2825,35708	0,31
39	KVTVTETQNLK	50	4	TNR6_HUMAN	Q76M96	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); T5(HexNAc); S7(HexNAc); S10(HexNAc)	0	3	699,67035	2096,99649	-0,22
762	ALFEQEQLNST	772	4	CHPF2_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl); K4(Dimethyl); T7(HexNAc); T8(HexNAc); S11(HexNAc); T12(HexNAc)	1	3	784,71875	2352,14170	-0,99
166	QVTESVSDSIV	177	3	CUTA_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl); K12(Dimethyl); S13(HexNAc); S15(HexNAc)	1	3	793,37909	2378,12271	-0,25
135	GQAVSTAHPPTGK	147	4	COCH_HUMAN	Q8NC54	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); T5(HexNAc); S6(HexNAc); T7(HexNAc); K8(Dimethyl)	0	2	856,93280	1712,85832	0,43
1026	TTASVPRITV	1035	2	AGRIN_HUMAN	O00423	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); Y7(HexNAc)	1	3	603,29651	1807,87497	-3,96
536	TRLPTAASASK	546	6	PTPRG_HUMAN	Q04900	T1(HexNAc); N-Term(Dimethyl); K3(Dimethyl); T5(HexNAc); S9(HexNAc); S11(HexNAc); T12(HexNAc); S14(HexNAc); K15(Dimethyl)	0	4	708,85229	2832,38735	0,07
2476	AVTADGFPTVS	2486	4	CSPG2_HUMAN	O75056	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T6(HexNAc); T9(HexNAc); T10(HexNAc)	0	3	739,70282	2217,09391	1,38
648	VVPKPVVAPT	657	2	SEM4D_HUMAN	Q8NDH3	N-Term(Dimethyl); T8(HexNAc); T15(HexNAc); K17(Dimethyl)	0	3	708,37457	2123,10917	-2,88
99	FSPDVALAVSTTPAVLPT	116	1	SDC3_HUMAN	O60284	N-Term(Dimethyl); S15(HexNAc); K17(Dimethyl)	0	3	697,69934	2091,08347	0,87
80	ATTLGVSSDSPGT	92	8	PODXL_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl); S2(HexNAc); S4(HexNAc); T6(HexNAc); T7(HexNAc); T10(HexNAc); S11(HexNAc); T12(HexNAc); K13(Dimethyl); T18(HexNAc)	1	4	899,66626	3595,64321	1,46
273	EKPTRVQEVSR	284	1	GOL14_HUMAN	P98172	N-Term(Dimethyl);2H(4); K9(Dimethyl);2H(4); T12(HexNAc); K18(Dimethyl);2H(4)	1	4	558,03748	2229,12807	0,42
272	EAAQTIVAPTTANK	285	1	QSOX1_HUMAN	O00461	N-Term(Dimethyl);2H(4); S3(HexNAc)	0	3	639,64453	1916,91904	0,82

133	TNVSISR	140	1	CC126_HUMAN	P19021	N-Term(Dimethyl:2H(4)); M1(Oxidation); K4(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); K12(Dimethyl:2H(4))	0	3	569,64764	1706,92838	0,76
726	RVPSEAPPTVDPDRDPEK	743	3	DAG1_HUMAN	O14786	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); T7(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4)); S21(HexNAc)	1	4	746,85034	2984,37954	-1,19
685	ERTETLIPEMR	695	2	CSPG2_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S4(HexNAc); T9(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	2	4	623,07672	2489,28505	-0,31
359	EFHGGPDPDTAPGEQAQDVASSPPESSFKK	389	1	ERP44_HUMAN	P11021	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T10(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	1	3	815,06678	2443,18579	0,28
359	EFHGGPDPDTAPGEQAQDVASSPPESSFKK	389	1	ERP44_HUMAN	P11021	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T10(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	1	3	815,06763	2443,18833	1,32
710	SCLTEAEAAVATQETSTVR	728	2	LDLR_HUMAN	Q98526	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T9(HexNAc); T11(HexNAc); K31(Dimethyl:2H(4))	0	4	941,68604	3763,72231	-2,97
565	DNLLDTYSADQGDSSSEGGTLAR	586	1	QSOX2_HUMAN	Q98526	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T9(HexNAc); K31(Dimethyl:2H(4))	0	4	890,91937	3560,65566	0,44
282	SEALPTDLPAPSAPDLTEPK	301	1	GLU28_HUMAN	Q98526	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T9(HexNAc); K31(Dimethyl:2H(4))	0	4	890,91937	3560,65566	0,44
920	MKTTSTK	926	1	PCD17_HUMAN	Q98526	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T9(HexNAc); K31(Dimethyl:2H(4))	0	4	890,92090	3560,66176	2,15
220	TPPTTVSGK	228	4	PARM1_HUMAN	O14917	N-Term(Dimethyl:2H(4)); M1(Oxidation); K2(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); S5(HexNAc); T6(HexNAc); K7(Dimethyl:2H(4))	1	2	860,95801	1720,90874	2,18
191	QPTSTHPVATPTSSGHDHLMK	211	1	PODXL_HUMAN	Q12955	N-Term(Dimethyl:2H(4)); M1(Oxidation); T19(HexNAc); M20(Oxidation); M26(Oxidation); K27(Dimethyl:2H(4))	1	5	661,31549	3302,54835	0,51
191	QPTSTHPVATPTSSGHDHLMK	211	6	PODXL_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); S4(HexNAc); T5(HexNAc); T10(HexNAc); S13(HexNAc); S14(HexNAc); M20(Oxidation); K21(Dimethyl:2H(4))	0	5	706,33740	3527,65791	0,61
337	AATERPLGPPTER	349	1	NID1_HUMAN	P00505	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K5(Dimethyl:2H(4)); C7(Carbamidomethyl); S19(HexNAc); K20(Dimethyl:2H(4))	1	4	653,82318	2612,27089	-6,04
588	SPTNTTTPHVAEGPEASRPPK	608	2	QSOX1_HUMAN	Q13433	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S5(HexNAc); S9(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4))	0	2	881,45831	1761,90935	0,08
386	ATFNPAQDK	394	5	PODXL_HUMAN	O00391	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc); T3(HexNAc); T5(HexNAc); T6(HexNAc); S17(HexNAc); K21(Dimethyl:2H(4))	0	4	813,15552	3249,60024	0,54
134	ISPESGLAK	142	5	CN037_HUMAN	P18827	N-Term(Dimethyl:2H(4)); M2(Oxidation); T9(HexNAc); T11(HexNAc); S16(HexNAc); T22(HexNAc); S31(HexNAc)	0	6	786,17859	4712,03515	-2,89
65	AQSMETLPPGK	75	4	GALT2_HUMAN	Q86Y23	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S19(HexNAc); S21(HexNAc); S24(HexNAc); S32(HexNAc)	1	6	816,85553	4896,09680	-7,74
273	HTSVQTTSSGSGPFTDVR	290	5	FINC_HUMAN	P11279	N-Term(Dimethyl:2H(4)); C1(Carbamidomethyl); S7(HexNAc); T9(HexNAc); S17(HexNAc); S19(HexNAc); S21(HexNAc); K25(Dimethyl:2H(4))	0	4	919,94980	3676,77736	0,31
654	TQDVLPTSQGVDPK	667	5	ROBO1_HUMAN	P11279	N-Term(Dimethyl:2H(4)); C1(Carbamidomethyl); T9(HexNAc); T10(HexNAc); S17(HexNAc); S19(HexNAc); S21(HexNAc); K25(Dimethyl:2H(4))	0	4	919,94995	3676,77797	0,47
931	LGVTAEYSPASR	942	1	HEG1_HUMAN	Q08AD1	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc); C2(Carbamidomethyl); K19(Dimethyl:2H(4))	0	5	503,45438	2513,24277	-0,04
403	FQSPYEEQLQQR	415	5	GOL14_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S3(HexNAc); S4(HexNAc); S9(HexNAc); S12(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4)); S21(HexNAc); K23(Dimethyl:2H(4))	1	4	893,69452	3571,75625	0,33

359	EFHHGPDPTDAPGEQAQDVASSPPESSFK	389	3	ERP44_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); T6(HexNAc); T12(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4)); K18(Dimethyl:2H(4)); K22(Dimethyl:2H(4))			2	4	773,93817	3092,73086	0,53
631	ITEEFLGK	638	1	CSPG2_HUMAN	Q9BS26	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T9(HexNAc); K31(Dimethyl:2H(4))			0	4	890,91914	3560,65474	0,18
634	LYGSAGPPPTGEEDTAEKDEL	654	1	GRP78_HUMAN	Q9BS26	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T11(HexNAc); K31(Dimethyl:2H(4))			0	4	890,91949	3560,65615	0,58
634	LYGSAGPPPTGEEDTAEKDEL	654	1	GRP78_HUMAN	Q9BS26	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T9(HexNAc); K31(Dimethyl:2H(4))			0	4	890,91956	3560,65639	0,64
339	TASYTDVWEK	348	1	GLBD1_HUMAN	Q9BS26	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T9(HexNAc); K31(Dimethyl:2H(4))			0	4	890,91943	3560,65590	0,51
359	EFHHGPDPTDAPGEQAQDVASSPPESSFK	389	1	ERP44_HUMAN	Q9BS26	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T9(HexNAc); K31(Dimethyl:2H(4))			0	4	890,91937	3560,65566	0,44
150	SHAASDAPENLLLAETADAR	170	1	HEG1_HUMAN	Q9BS26	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T9(HexNAc); K31(Dimethyl:2H(4))			0	4	890,91968	3560,65688	0,78
211	NVETTVDEVDLPGKLPETPLR	231	1	GINM1_HUMAN	Q68CQ7	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc); K10(Dimethyl:2H(4))			0	2	733,87970	1466,75212	1,37
323	LSFGLDEPLETATKEN	339	2	ERLN2_HUMAN	P14314	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); S12(HexNAc); K20(Dimethyl:2H(4))			0	3	840,44244	2519,31278	0,98
538	LPTAASASK	546	1	PTPRG_HUMAN	P51654	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc); K12(Dimethyl:2H(4))			0	2	864,44849	1727,88970	1,78
481	TKPERTTSAGTTTPK	495	2	TARSH_HUMAN	Q504Q3	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S11(HexNAc); S13(HexNAc); C25(Carbamidomethyl)			0	5	742,74017	3709,67176	-4,98
191	QPTSTHPVATPTSSGHDLMLK	211	6	PODXL_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); S4(HexNAc); T5(HexNAc); T10(HexNAc); S13(HexNAc); S14(HexNAc); M20(Oxidation); K21(Dimethyl:2H(4))			0	5	706,33765	3527,65913	0,96
1273	ATTASRLPSSAVTPR	1287	7	AGRIN_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); S4(HexNAc); T5(HexNAc); T10(HexNAc); T12(HexNAc); S13(HexNAc); S14(HexNAc); M20(Oxidation); K21(Dimethyl:2H(4))			0	5	746,95441	3730,74293	2,09
330	TPSPVAHESNWAK	343	4	PODXL_HUMAN	Q5VY11	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T15(HexNAc); T18(HexNAc); T19(HexNAc); M21(Oxidation); C31(Carbamidomethyl); S35(HexNAc); K40(Dimethyl:2H(4))			1	6	894,92004	5364,48388	-6,28
330	TPSPVAHESNWAK	343	4	PODXL_HUMAN	Q6ZVL6	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); S4(HexNAc); S5(HexNAc); S11(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))			0	3	736,04913	2206,13285	0,72
196	ESVSSLQTTSQYLR	210	1	GINM1_HUMAN	Q9N253	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T14(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))			0	2	897,46698	1793,92668	0,64
360	DPVKLPITTAASPDVADKYLETPGDENEHAHFQK	393	3	A4_HUMAN	Q9UNW1	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S6(HexNAc); S8(HexNAc); T13(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))			0	3	714,69952	2142,08402	0,56
211	NVETTVDEVDLPGKLPETPLR	231	4	GINM1_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K4(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc); T8(HexNAc); S11(HexNAc); T12(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4)); K34(Dimethyl:2H(4))			2	5	933,27509	4662,34632	1,08
359	SAYPEDLFIDK	370	1	GPC3_HUMAN	Q86V24	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T11(HexNAc)			0	3	732,73224	2196,18216	0,55
337	AATERPLGPPTER	349	2	NID1_HUMAN	Q86V24	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); K6(Dimethyl:2H(4)); T13(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))			1	4	550,06689	2197,24575	-0,32
478	FTASSSSGMVPK	489	2	NRX3B_HUMAN	Q86V24	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); K6(Dimethyl:2H(4)); T13(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))			1	4	550,06696	2197,24599	-0,21
1217	LHTTSFAFKPSSAITK	1231	2	CSPG2_HUMAN	Q86V24	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); K6(Dimethyl:2H(4)); T13(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))			1	4	550,06708	2197,24648	0,01
353	MVHTAASPALPR	365	2	LRP11_HUMAN	Q86V24	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); K6(Dimethyl:2H(4)); T13(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))			1	4	550,06702	2197,24624	-0,10

658	KNSVPVTSAPFTAK	671	5	NLGN1_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); S5(HexNAc); K8(Dimethyl:2H(4)); S10(HexNAc); S11(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))	0	4	675,86511	2700,43862	1,16
342	YSEFFTGSK	350	7	CAB45_HUMAN	Q96F05	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); S3(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc); T7(HexNAc); S11(HexNAc); S13(HexNAc); K21(Dimethyl:2H(4))	0	4	888,44647	3550,76406	0,89
205	DFSLTSSSQTPGATK	219	1	PDXL2_HUMAN	O00461	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S3(HexNAc)	0	3	639,64447	1916,91886	0,72
338	VYIGNTDGSPGPFVVK	353	2	SUSD5_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc); T12(HexNAc); K17(Dimethyl:2H(4))	0	3	749,40277	2246,19376	2,10
59	EFWSTYTK	66	2	TMG1_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc); T12(HexNAc); K17(Dimethyl:2H(4))	0	3	749,40179	2246,19083	0,80
214	AGQDVLHLPTDGVVLDGR	232	1	LRP11_HUMAN	P98164	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); C3(Carbamidomethyl); C10(Carbamidomethyl); C15(Carbamidomethyl); K18(Dimethyl:2H(4))	1	3	820,38892	2459,15219	1,22
62	APVPTGEVYFADSFDR	77	1	CALX_HUMAN	Q9NPG1	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T11(HexNAc)	0	3	762,08344	2284,23575	1,03
462	VTKVSIIR	470	3	DAG1_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T12(HexNAc); T13(HexNAc); K24(Dimethyl:2H(4))	0	4	832,68347	3327,71206	0,31
649	GLITRPGSGLTNIK	662	5	A4_HUMAN	P11279	N-Term(Dimethyl:2H(4)); C1(Carbamidomethyl); T9(HexNAc); T10(HexNAc); S17(HexNAc); S19(HexNAc); S21(HexNAc); K25(Dimethyl:2H(4))	0	5	736,16058	3676,77381	-0,66
468	YQSTLPWR	475	5	SUSD5_HUMAN	P34741	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); S5(HexNAc); K9(Dimethyl:2H(4)); T12(HexNAc); T13(HexNAc); T14(HexNAc); K20(Dimethyl:2H(4))	1	4	817,45551	3266,80019	0,23
587	LEVLGCDWTDKPTVETLGPVTK	609	5	NRP2_HUMAN	Q9ULL3	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); T7(HexNAc); T13(HexNAc); S14(HexNAc); S18(HexNAc); K20(Dimethyl:2H(4))	0	4	766,41724	3062,64712	0,03
648	VVKPVVAPTLVSVQTEGSR	667	2	SEM4D_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	0	3	629,02972	1885,07462	0,92
374	GAIIQPTLGPQPTR	389	2	DAG1_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	0	3	629,02902	1885,07250	-0,20
374	GAIIQPTLGPQPTR	389	3	DAG1_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); T8(HexNAc); T15(HexNAc)	0	3	768,75421	2304,24808	-0,11
110	GGSGNPPTTIESPK	124	4	PODXL_HUMAN	O00391	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc); T6(HexNAc); T10(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	0	3	760,38806	2279,14963	0,88
248	LVSTATSRPR	257	1	SDC3_HUMAN	P14314	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); K20(Dimethyl:2H(4))	0	3	772,74905	2316,23258	0,71
110	GGSGNPPTTIESPK	124	1	PODXL_HUMAN	P0C7N8	N-Term(Dimethyl:2H(4)); M7(Oxidation); K9(Dimethyl:2H(4)); M21(Oxidation); M25(Oxidation); S28(HexNAc)	1	5	773,38135	3862,87763	-4,97
2152	TTDYSVLTXXK	2162	4	CSPG2_HUMAN	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); S7(HexNAc); T8(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	0	3	755,05249	2263,14292	0,64
2058	STILPTAEVEGKAPVEKEEVK	2079	2	CSPG2_HUMAN	O75056	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc); T8(HexNAc)	0	3	743,72430	2229,15836	1,60
86	VTDPEHKSTK	96	3	FXYS_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); T8(HexNAc); T15(HexNAc)	0	3	768,75378	2304,24680	-0,67
237	ETHEVPSSTYVPK	249	5	TNR21_HUMAN	Q96D89	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T7(HexNAc); T11(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4)); S14(HexNAc); T15(HexNAc); K16(Dimethyl:2H(4))	1	4	710,11353	2837,43227	0,26
829	STPGYEGEGGDKNISR	845	5	NRP1_HUMAN	Q96D89	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T7(HexNAc); T11(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4)); S14(HexNAc); T15(HexNAc); K16(Dimethyl:2H(4))	1	4	710,11383	2837,43349	0,69

39	KVTVTVETQNLE	50	5	TNR6_HUMAN	Q96DB9	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T7(HexNAc); T11(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4)); S14(HexNAc); T15(HexNAc); K16(Dimethyl:2H(4))	1	4	710,11377	2837,43325	0,61
364	LPTTAASPDVAID	376	5	A4_HUMAN	Q96DB9	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T9(HexNAc); T13(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4)); S16(HexNAc); T17(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	1	4	756,62952	3023,49624	0,21
56	ITQQDLAPQQR	66	3	TR10B_HUMAN	Q9NPF0	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); T4(HexNAc); S15(HexNAc); C16(Carbamidomethyl); K20(Dimethyl:2H(4))	0	3	854,74524	2562,22116	-0,15
402	KFQSPYEEQLEQQR	415	2	GOL14_HUMAN	Q9UJ19	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); T16(HexNAc)	0	4	629,06628	2513,24331	0,65
578	MELLGCEVEAPTAGPTPN	596	1	NRP1_HUMAN	O75509	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T9(HexNAc)	0	2	634,35028	1267,69328	0,23
488	GTSSSYQPIQPK	499	1	CBPD_HUMAN	P18827	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); K7(Dimethyl:2H(4))	0	2	557,81476	1114,62224	-0,73
721	TEVTPHAFTPPSR	733	6	PTPRZ_HUMAN	Q14118	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); T8(HexNAc); T11(HexNAc); T12(HexNAc); T13(HexNAc); T14(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4)); K16(Dimethyl:2H(4))	1	4	803,18262	3209,70864	1,07
36	SPLSTPTSAQAAGPSSGSCPPTK	58	1	CD320_HUMAN	Q5TCY1	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S6(HexNAc); K30(Dimethyl:2H(4))	2	5	819,79364	4094,93909	-
36	SPLSTPTSAQAAGPSSGSCPPTK	58	8	CD320_HUMAN	O00592	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); S3(HexNAc); T4(HexNAc); K5(Dimethyl:2H(4)); T10(HexNAc); T11(HexNAc); T15(HexNAc); S16(HexNAc); S19(HexNAc)	1	5	792,79706	3959,95618	-0,22
36	SPLSTPTSAQAAGPSSGSCPPTK	58	4	CD320_HUMAN	P13473	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T2(HexNAc); T7(HexNAc); T8(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4))	0	3	735,38489	2204,14011	-0,28
713	FTVNPAAEKNTSGM	726	2	PTPRG_HUMAN	Q17RW2	T11(HexNAc); N-Term(Dimethyl:2H(4)); M5(Oxidation); T11(HexNAc); K24(Dimethyl:2H(4))	0	5	663,32098	3312,57581	-
342	YSEFFTGSK	350	4	CAB45_HUMAN	O95490	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); K3(Dimethyl:2H(4)); T10(HexNAc); T11(HexNAc); K12(Dimethyl:2H(4)); T17(HexNAc)	1	3	909,84515	2727,52091	0,64
485	ILSGTSSSYQPIQPK	499	2	CBPD_HUMAN	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); Y2(HexNAc); T4(HexNAc); K11(Dimethyl:2H(4))	0	3	567,97284	1701,90396	0,38
651	TTRPGSGLTNIK	662	2	A4_HUMAN	Q96AP0	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T12(HexNAc); S21(HexNAc)	0	5	692,14935	3456,71766	-5,13
1006	LASNHLTCEGDPTN	1019	2	LRP2_HUMAN	P52799	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K2(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc); T14(HexNAc)	2	4	542,78790	2168,12978	0,74
726	RVPSEAPPTVEPDRD	740	1	DAG1_HUMAN	Q6ZVC0	M1(Oxidation); N-Term(Dimethyl:2H(4)); M4(Oxidation); M6(Oxidation); T13(HexNAc); C17(Carbamidomethyl); M21(Oxidation); C28(Carbamidomethyl)	2	6	819,85864	4914,11547	1,57

Tabla 2- Glicopéptidos identificados en A549 SC / SC T13^{-/-} SEC

Sequence	# PSMs	# Proteins	# Protein Groups	Protein Group Accessions	Modifications	MH+ [Da]	Area	Light/Medium	# Missed Cleavages
ILSGTSSSYQPIQPK	4	1	1	O75976	N-Term(Dimethyl); S3(HexNAc); S6(HexNAc); K15(Dimethyl)	2068,07022	7,688E7	13,387	0
LPTTAASTPDAVDK	1	1	1	P05067	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); S7(HexNAc); T8(HexNAc); K14(Dimethyl)	2255,09323	4,986E7	7,528	0
TATLATLATR	1	1	1	Q96F05	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); T3(HexNAc); T6(HexNAc); T9(HexNAc)	1858,93833	1,852E7	6,830	0
LAGTESPVR	1	1	1	P02786	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc)	1164,64128	1,875E7	6,706	0
SSSSTLSSSSK	1	1	1	P28356	N-Term(Dimethyl); S1(HexNAc); S2(HexNAc); K12(Dimethyl)	1606,76299	5,005E7	6,180	0
SSEPTEDVEPK	2	1	1	O43493	N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc); K11(Dimethyl)	1476,69658	3,579E8	5,075	0
STPGYEGEGEDKNISR	4	1	1	O14786	N-Term(Dimethyl); S1(HexNAc); K13(Dimethyl)	2054,95346	1,495E8	4,433	1
FSQFLGDPVEK	1	1	1	O75071	N-Term(Dimethyl); S2(HexNAc); K11(Dimethyl)	1525,78057	3,804E7	4,159	0
SSHSVTTDLTSTK	3	1	1	O00592	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); T7(HexNAc); T10(HexNAc); S11(HexNAc); K13(Dimethyl)	2232,05234	1,721E8	3,818	0
GAVIEPEQGTLPISR	3	1	1	Q9UKM7	N-Term(Dimethyl); T10(HexNAc); S14(HexNAc)	2016,99808	2,526E8	3,275	0
FPQTTEK	1	1	1	Q13433	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); T5(HexNAc); K7(Dimethyl)	1312,65239	3,968E7	3,230	0
NPEERPTTAAGTSLDR	3	1	1	Q9Y625	N-Term(Dimethyl); T7(HexNAc)	1945,94667	1,832E8	3,185	0
VIVDATTGLIPLTSVPTSASK	1	1	1	Q9ULI3	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); T7(HexNAc); T13(HexNAc); S14(HexNAc); T17(HexNAc); S18(HexNAc); K20(Dimethyl)	3257,67959	6,459E7	3,065	0
STPGYEGEGEGDK	1	1	1	O14786	N-Term(Dimethyl); Y5(HexNAc); K13(Dimethyl)	1584,69292	5,248E7	2,813	0
TATLATLATR	1	1	1	Q96F05	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T6(HexNAc); T9(HexNAc)	1655,85972	2,665E7	2,733	0
TPSPTVAHESNWK	2	1	1	O00592	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); T5(HexNAc); K14(Dimethyl)	1986,96659	1,592E8	2,629	0
EAAQTIVAPTANK	1	1	1	O00391	N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc); T6(HexNAc); T10(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl)	2271,09977	1,033E8	2,400	0
ATFNPAQDK	1	1	1	O00592	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); K9(Dimethyl)	1250,62602	8,887E7	2,183	0
VISDGEQGGQGHHR	1	1	1	Q9HBR0	N-Term(Dimethyl); S3(HexNAc)	1698,80564	1,699E7	2,177	0
GLTRRPGSGLTNIK	1	1	1	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	2088,15342	2,561E7	2,115	0
IDETGSTPGYEGEGEGDK	3	1	1	O14786	N-Term(Dimethyl); T7(HexNAc); K18(Dimethyl)	2099,91582	4,042E8	2,080	0
TTGPSEDAGGDSLVEK	2	1	1	Q86VZ4	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); T2(HexNAc); K16(Dimethyl)	2024,94083	1,041E8	2,070	0
TQDVLPTSQGVDPK	5	1	1	Q9Y6N7	N-Term(Dimethyl); S8(HexNAc); K14(Dimethyl)	1783,90866	9,685E7	1,852	0
FQSPYEEQLEQQR	2	1	1	O00461	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S3(HexNAc)	1916,91867	6,022E8	1,847	0
CEQDRPSPTTAPPAPSPSPSPVPK	2	1	1	P11279	N-Term(Dimethyl:2H(4)); C1(Carbamidomethyl); T9(HexNAc); T10(HexNAc); S17(HexNAc); S19(HexNAc); S21(HexNAc); K25(Dimethyl:2H(4))	3676,77920	3,704E8	1,845	0
IAPTVMK	2	1	1	O00391	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); K7(Dimethyl)	1073,62468	6,574E8	1,817	0
FQSPYEEQLEQQR	5	1	1	O00461	N-Term(Dimethyl); S3(HexNAc)	1912,89402	2,929E8	1,813	0
IDETGSTPGYEGEGEGDK	1	1	1	O14786	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); T7(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	2311,04422	8,276E7	1,729	0

LAEEFPGQSQDVTGGSQDR	1	1	1	Q9HBR0	N-Term(Dimethyl); S16(HexNAc)	2252,03354	7,600E7	1,711	0
LGVTAEYSPASR	2	1	1	Q9ULI3	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); S8(HexNAc); S11(HexNAc)	1887,90726	2,846E8	1,660	0
AHTPPGNAEVTNNIPK	1	1	1	Q7L1W4	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T11(HexNAc); T12(HexNAc); K16(Dimethyl)	2312,15073	4,663E7	1,604	0
IRTTTSGVPR	1	1	1	Q14118	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc)	1724,88993	1,528E7	1,562	1
TMHVATVFTDGGPR	1	1	1	Q9ULI3	N-Term(Dimethyl); M2(Oxidation); T6(HexNAc); T9(HexNAc)	1938,91129	1,294E7	1,424	0
LGVTAEYSPASR	1	1	1	Q9ULI3	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); S11(HexNAc)	1688,85173	6,075E7	1,396	0
EAGLETESVPR	1	1	1	Q9NYL4	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc)	1422,72698	5,190E8	1,376	0
DVSSSTPPSVTSK	1	1	1	Q13433	N-Term(Dimethyl); S4(HexNAc); S5(HexNAc); S9(HexNAc); S12(HexNAc); K13(Dimethyl)	2160,01938	2,884E7	1,247	0
IDETGSTPGYEGEGEDK	1	1	1	O14786	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); T7(HexNAc); K18(Dimethyl)	2302,99381	8,103E7	1,224	0
LSQETEALGR	1	1	1	Q02818	N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc)	1334,68089	6,112E8	1,090	0
VTEGPIPEVLK	1	1	1	P07339	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); K11(Dimethyl)	1440,82109	2,402E8	1,073	0
CEQDRPSPTT	3	1	1	P11279	N-Term(Dimethyl); C1(Carbamidomethyl); T9(HexNAc)	1421,62245	4,547E8	1,056	0
CEQDRPSPTTAPP	6	1	1	P11279	N-Term(Dimethyl); C1(Carbamidomethyl); T9(HexNAc); T10(HexNAc)	1889,84433	7,611E9	1,019	0
VIKPTSSNTAQGR	2	1	1	Q08629	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K3(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc)	1625,93204	9,400E7	0,997	0
GAPNKEETPATESPDTGLYYHR	2	1	1	Q02818	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K5(Dimethyl:2H(4)); T8(HexNAc); T11(HexNAc)	2903,40468	2,483E8	0,939	1
CEQDRPSPTTAPP	15	1	1	P11279	N-Term(Dimethyl:2H(4)); C1(Carbamidomethyl); T9(HexNAc); T10(HexNAc)	1893,86899	8,074E9	0,921	0
CEQDRPSPTT	1	1	1	P11279	N-Term(Dimethyl:2H(4)); C1(Carbamidomethyl); S7(HexNAc)	1425,64775	5,002E8	0,919	0
GDRFSEDSR	1	1	1	P23470	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S5(HexNAc)	1303,60617	8,198E6	0,885	1
TFIPVTSK	3	1	1	P16070	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T6(HexNAc); S7(HexNAc); K9(Dimethyl:2H(4))	1636,90317	1,405E9	0,865	0
TFIPVTSK	2	1	1	P16070	T1(HexNAc); N- Term(Dimethyl); T6(HexNAc); S7(HexNAc); K9(Dimethyl)	1628,85173	1,189E9	0,846	0
LPTTAASTPD	2	1	1	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); S7(HexNAc); T8(HexNAc)	1817,85935	6,895E9	0,845	0
AGSGSQVPTPEK	1	1	1	P31431	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T9(HexNAc); K12(Dimethyl:2H(4))	1424,77226	5,119E7	0,819	0
YSEFFTGSK	1	1	1	Q9BRK5	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S2(HexNAc); K9(Dimethyl:2H(4))	1332,68205	2,313E7	0,764	0
RVPSEAPTEVPDRDPEK	6	1	1	Q14118	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S4(HexNAc); T9(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	2489,28652	1,109E7	0,380	2
EKPTRREVQVSR	1	1	1	O00461	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K2(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); S11(HexNAc)	1928,04372	2,921E7	0,112	1
TCSRTCGGGIK	1	1	1	Q9P2N4	T1(HexNAc); N- Term(Dimethyl:2H(4)); C2(Carbamidomethyl); S3(HexNAc); T5(HexNAc); C6(Carbamidomethyl); K11(Dimethyl:2H(4))	1869,90581	1,123E8	0,099	1
CEQDRPSPTTAPPAPSPSPSPVVK	4	1	1	P11279	N-Term(Dimethyl); C1(Carbamidomethyl); T9(HexNAc); T10(HexNAc); S17(HexNAc); S19(HexNAc); S21(HexNAc); K25(Dimethyl)	3668,72785	1,432E9		0

GAPNKEETPATESPDTGLYYHR	1	1	1	Q02818	N-Term(Dimethyl); K5(HexNAc); T8(HexNAc); T11(HexNAc)	2895,35488	2,331E8		1
VIKPTSSNTAQGR	1	1	1	Q08629	N-Term(Dimethyl); K3(Dimethyl); T5(HexNAc)	1617,88144	9,264E7		0
GLTTRPGSGLTNIK	1	1	1	P05067	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl)	2080,10300	7,566E7		0
AAASESNMNMHVAK	1	1	1	O94923	N-Term(Dimethyl); S4(HexNAc); M10(Oxidation); K15(Dimethyl)	1881,86441	1,291E7		0
AGSGSQVPTPEK	1	1	1	P31431	N-Term(Dimethyl); T9(HexNAc); K12(Dimethyl)	1416,72283	4,194E7		0
SSQKLSSGK	1	1	1	Q15468	N-Term(Dimethyl); S2(HexNAc); K4(Dimethyl); S6(HexNAc); S7(HexNAc); K9(Dimethyl)	1614,83757	7,184E8		1
DYIHYNGDFNAKSVNGCVSPSDAKSIS	1	1	1	Q9P267	N-Term(Dimethyl); Y5(HexNAc); K12(Dimethyl); C17(Carbamidomethyl); K25(Dimethyl)	3329,57075	1,902E7		2
EAGLETESVPR	1	1	1	Q9NYL4	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc)	1418,70207	7,096E8		0
DMQPGHETSTPAGPSQADLHTPHTEGGPSATER	1	1	1	P18827	N-Term(Dimethyl:2H(4)); M2(Oxidation); T9(HexNAc); S10(HexNAc); T11(HexNAc); S16(HexNAc); T22(HexNAc); T25(HexNAc); S31(HexNAc)	5118,19860	4,699E7		0
TQDVLPTSQGVVHK	2	1	1	Q9Y6N7	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1791,95816	4,513E7		0
TPSPTVAHESNWAK	3	1	1	O00592	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T5(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1995,01627	5,370E7		0
IDETGSPGYEGEGEGDK	1	1	1	O14786	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	2107,96708	6,184E7		0
VIVDATTGLIPLTSVPTSAK	1	1	1	Q9ULI3	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); T7(HexNAc); T13(HexNAc); S14(HexNAc); T17(HexNAc); S18(HexNAc); K20(Dimethyl:2H(4))	3265,72744	7,456E6		0
SSHVTTDLTSTK	1	1	1	O00592	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); T7(HexNAc); T10(HexNAc); T12(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4))	2240,10111	2,103E7		0
LSQETEALGR	1	1	1	Q02818	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc)	1338,70586	5,644E8		0
TTGPEADAGGDSLVEK	1	1	1	Q86VZ4	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T2(HexNAc); K16(Dimethyl:2H(4))	2032,99101	3,650E7		0
LGVTAEYSPASR	1	1	1	Q9ULI3	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); S8(HexNAc); S11(HexNAc)	1891,93401	1,432E8		0
SLSGDQDTHFPGSGSHTTHGSESDGHSHGS	2	1	1	P16070	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T8(HexNAc); T17(HexNAc); T18(HexNAc); S30(HexNAc)	3849,59516	2,042E7		0
VTEGPIPEVLK	1	1	1	P07339	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); K11(Dimethyl:2H(4))	1448,87090	2,238E8		0

Tabla 3- Glicopéptidos identificados en A549 SC/ SC T13^{-/-} LCT

Sequence	# PSMs	# Proteins	# Protein Groups	Protein Group Accessions	Modifications	MH+ [Da]	Area	Light/Medium	# Missed Cleavages
TPSNFPNQSSR	1	1	1	Q8IZL2	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc)	1649,79581	4,228E8	45,597	0
MESTAGITTTSPR	2	1	1	Q8TDY2	N-Term(Dimethyl); M1(Oxidation); T4(HexNAc); T8(HexNAc); T9(HexNAc); T10(HexNAc)	2309,04604	2,719E8	12,952	0
TTDYSVLTKK	1	1	1	P13611	T1(HexNAc); N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T8(HexNAc); T9(HexNAc); K10(Dimethyl); K11(Dimethyl)	2153,08554	3,882E7	4,831	1
STLPTAEVEGTK	3	1	1	P13611	S1(HexNAc); N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T6(HexNAc); T12(HexNAc); K13(Dimethyl)	2214,10562	1,745E8	4,504	0
ATEVTFGEEVEK	1	1	1	P13611	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T5(HexNAc); K12(Dimethyl)	1800,86553	3,160E7	3,770	0
VKTDEVVLTFR	1	1	1	P13611	N-Term(Dimethyl); K2(Dimethyl); T3(HexNAc); T8(HexNAc); T10(HexNAc)	2023,07132	1,433E7	3,729	1
STLPTAEVEGTKAPVEK	1	1	1	P13611	S1(HexNAc); N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T6(HexNAc); T12(HexNAc); K13(Dimethyl); K18(Dimethyl)	2766,43082	3,729E8	3,264	1
TQEEYEDKK	1	1	1	P13611	T1(HexNAc); N-Term(Dimethyl); K8(Dimethyl); K9(Dimethyl)	1456,70551	1,662E7	3,067	1
EYSTVSHPIAK	1	1	1	P13611	N-Term(Dimethyl); S3(HexNAc); S6(HexNAc); K11(Dimethyl)	1693,85300	1,510E8	2,997	0
ADPGHSEISSTR	1	1	1	Q6WN34	N-Term(Dimethyl); T11(HexNAc)	1487,69767	4,902E7	2,844	0
ITEEFLGK	1	1	1	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); K8(Dimethyl:2H(4))	1203,69670	2,783E7	2,787	0
GDSTIAASEQQVAAR	1	1	1	P13611	N-Term(Dimethyl); S4(HexNAc); T5(HexNAc); S9(HexNAc)	2269,06949	4,897E7	2,718	0
EPFDSTLKNR	1	1	1	P13611	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); K8(Dimethyl)	1594,79752	3,372E7	2,617	0
DSTIGGSPQPR	1	1	1	P09603	N-Term(Dimethyl); S2(HexNAc); T3(HexNAc); S7(HexNAc)	1751,82024	4,437E8	2,553	0
TAAAPTFR	1	1	1	O00468	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); T2(HexNAc); T6(HexNAc); T7(HexNAc)	1658,78647	1,124E7	2,491	0
VTCPTPEYCR	1	1	1	Q6WN34	N-Term(Dimethyl); C3(Carbamidomethyl); T5(HexNAc); C9(Carbamidomethyl)	1513,66814	9,772E8	2,464	0
VTASPDVKTKT	1	1	1	Q6WN34	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); K7(Dimethyl); T9(HexNAc); K10(Dimethyl); T11(HexNAc)	1839,96952	3,143E7	2,353	2
HTSQVTTSSGSGPFTDVR	3	1	1	P02751	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); T7(HexNAc); T15(HexNAc)	2501,15494	4,226E9	2,327	0
STCQSFPEPVPVK	3	1	1	P09603	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); C3(Carbamidomethyl); K15(Dimethyl)	1964,95475	9,013E7	2,155	0
SAGVSESPVSSSTR	6	1	1	P17936	N-Term(Dimethyl); S4(HexNAc); S7(HexNAc)	1921,89933	4,658E8	2,114	0
FITGATSGAIAAGATAR	1	1	1	O00468	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T6(HexNAc); S7(HexNAc); T15(HexNAc)	2376,16861	2,291E8	2,105	0
ATEVTFGEEVEK	1	1	1	P13611	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); K12(Dimethyl)	1597,78667	3,101E7	2,052	0
STLPTAEVEGTKAPVEKEVK	1	1	1	P13611	N-Term(Dimethyl); S1(HexNAc); T2(HexNAc); T6(HexNAc); T12(HexNAc); K13(Dimethyl); K18(Dimethyl); K22(Dimethyl)	3279,71035	1,673E8	1,993	2
FITGATSGAIAAGATAR	2	1	1	O00468	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T6(HexNAc); S7(HexNAc); T15(HexNAc)	2380,19327	1,089E8	1,965	0
FITGATSGAIAAGATAR	3	1	1	O00468	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T6(HexNAc); T15(HexNAc)	2173,08908	2,145E8	1,927	0
FITGATSGAIAAGATAR	3	1	1	O00468	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T6(HexNAc); T15(HexNAc)	2177,11338	2,380E8	1,893	0
HNEDLTTR	2	1	1	P55283	N-Term(Dimethyl); T7(HexNAc)	1216,58110	4,243E7	1,833	0
TEEISEVK	1	1	1	P05067	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); K8(Dimethyl)	1193,61589	3,857E7	1,824	0
EPTPSKVPVEAK	1	1	1	P20908	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); S5(HexNAc); K6(Dimethyl); K7(Dimethyl); K13(Dimethyl)	1900,05178	2,888E7	1,749	1
QESSITFVSDGSLEKHPEVPSAK	1	1	1	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S3(HexNAc); S4(HexNAc); S9(HexNAc); S12(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4)); S21(HexNAc); K23(Dimethyl:2H(4))	3571,75844	4,867E7	1,732	1
GAVIEPQGTPELPSR	4	1	1	Q9UKM7	N-Term(Dimethyl); T10(HexNAc); S14(HexNAc)	2016,99863	1,717E8	1,710	0
LPTTAASTPDAVDK	1	1	1	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1856,98478	7,549E7	1,640	0
EAAQTVPAPTANK	39	1	1	O00391	N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc); T6(HexNAc); T10(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl)	2271,09922	7,984E9	1,603	0
DTGAALLAESR	1	1	1	O00391	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); S10(HexNAc)	1541,78508	4,486E7	1,600	0
STCQSFPEPVPVK	6	1	1	P09603	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); C3(Carbamidomethyl); S5(HexNAc); T11(HexNAc); K15(Dimethyl)	2371,11325	2,701E9	1,595	0
QQTPTWVK	1	1	1	P18827	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); S5(HexNAc); K8(Dimethyl)	1437,71257	8,439E7	1,588	0
TTASVPR	1	1	1	O00468	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); T2(HexNAc)	1165,59538	5,705E8	1,580	0
GQQPADVITGIALPR	3	1	1	P09603	N-Term(Dimethyl); T8(HexNAc); T10(HexNAc)	1844,92344	3,034E8	1,573	0
LPTTAASTPDAVDK	11	1	1	P05067	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); S7(HexNAc); T8(HexNAc); K14(Dimethyl)	2255,09232	1,608E9	1,523	0
SQQTPSTWVK	1	1	1	P18827	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); S6(HexNAc); K9(Dimethyl)	1524,74419	1,441E8	1,522	0
SQTPAPSEVLDK	1	1	1	Q8NB34	N-Term(Dimethyl); S7(HexNAc); S8(HexNAc); K15(Dimethyl)	2007,00298	1,450E8	1,508	0
VGADGTVFATR	1	1	1	P55283	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); T10(HexNAc)	1531,78020	2,427E7	1,486	0
LSQTPSTWVK	5	1	1	P18827	N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc); S7(HexNAc); K10(Dimethyl)	1637,82842	1,742E9	1,468	0
SQLANTEPTK	1	1	1	Q9Y5L2	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); T9(HexNAc); K10(Dimethyl)	1550,78081	3,204E8	1,466	0
LPTTAASTPDAVDK	2	1	1	P05067	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); K14(Dimethyl)	1848,93399	1,238E8	1,460	0
LPTTAASTPDAVDK	8	1	1	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); S7(HexNAc); T8(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	2263,14273	1,073E9	1,455	0
VSDASDKTQAEER	1	1	1	Q13753	N-Term(Dimethyl); K7(Dimethyl); T8(HexNAc)	1693,82407	9,081E6	1,436	1
LGPPGAPGTPGQIDCDTDVK	2	1	1	P08572	N-Term(Dimethyl); T9(HexNAc); C15(Carbamidomethyl); K20(Dimethyl)	2254,09128	2,233E8	1,411	0
LPSSAVTPR	1	1	1	O00468	N-Term(Dimethyl); S3(HexNAc); S4(HexNAc); T7(HexNAc)	1564,79551	1,285E7	1,410	0
DTGAALLAESR	2	1	1	O00391	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); S10(HexNAc)	1537,76055	7,180E7	1,384	0
IDETGSPGEGEGEDK	3	1	1	O14786	N-Term(Dimethyl); T7(HexNAc); K18(Dimethyl)	2099,91538	3,827E8	1,374	0
ATTASRLPSSAVTPR	2	1	1	O00468	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T3(HexNAc); S5(HexNAc); S9(HexNAc); S10(HexNAc); T13(HexNAc)	2761,33852	8,299E8	1,357	1
GLPLGPPGPTGAK	6	1	1	P08572	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T12(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))	1582,92899	2,437E8	1,347	0
IDETGSPGEGEGEDK	3	1	1	O14786	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	2107,96636	2,781E8	1,346	0
HNEDLTTR	1	1	1	P55283	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); T7(HexNAc)	1419,65989	4,175E7	1,320	0

TTGSEDAGDGSLEVK	1	1	1	Q86V24	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNac); T2(HexNac); K16(Dimethyl:2H(4))	2032,99053	7,472E7	1,311	0
APHSPHSTQPVAK	1	1	1	O00468	N-Term(Dimethyl); T7(HexNac); S8(HexNac); K13(Dimethyl)	1818,92287	9,223E6	1,302	0
RPPTTAPSR	1	1	1	O00468	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNac); S8(HexNac)	1420,75920	1,943E8	1,299	0
SSTQATGQAVSTAHPPPTGK	1	1	1	O43405	N-Term(Dimethyl); T13(HexNac); T18(HexNac); K20(Dimethyl)	2417,16933	5,379E7	1,284	0
SSEPTEDVEPK	1	1	1	O43493	N-Term(Dimethyl); T5(HexNac); K11(Dimethyl)	1476,69707	4,638E7	1,279	0
EQEATPRPR	1	1	1	P18827	N-Term(Dimethyl); T5(HexNac)	1314,66520	4,956E7	1,272	0
STCQSFEPPEPVVK	9	1	1	P09603	N-Term(Dimethyl); T2(HexNac); C3(Carbamidomethyl); T11(HexNac); K15(Dimethyl)	2168,03299	5,342E8	1,267	0
RDTSATPQASASIK	1	1	1	Q9GZP0	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNac); S4(HexNac); S9(HexNac); S11(HexNac); K13(Dimethyl:2H(4))	2238,13419	1,155E8	1,258	1
APTPTGASR	1	1	1	Q6PCB0	N-Term(Dimethyl); T3(HexNac)	1088,55852	3,793E7	1,255	0
SAVEIAPTQVETDECR	2	1	1	Q9NS15	N-Term(Dimethyl); T8(HexNac); C16(Carbamidomethyl)	2136,99826	4,293E8	1,250	0
TTGSEDAGDGSLEVK	2	1	1	Q86V24	N-Term(Dimethyl); T1(HexNac); T2(HexNac); K16(Dimethyl)	2024,93779	1,586E8	1,249	0
SAVEIAPTQVETDECR	1	1	1	Q9NS15	N-Term(Dimethyl); S1(HexNac); T8(HexNac); C16(Carbamidomethyl)	2340,07761	1,984E8	1,244	0
GVTTDPSVSEER	3	1	1	Q9NS15	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNac); T4(HexNac); S9(HexNac)	1917,89792	3,618E9	1,240	0
SPAEPFGPASEGARPLPR	1	1	1	P09603	N-Term(Dimethyl); S1(HexNac); S11(HexNac)	2380,16507	7,147E7	1,233	0
TVTTVETQN	1	1	1	P25445	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNac); T4(HexNac)	1430,70586	4,842E7	1,228	0
SSTSGGYIFY	4	1	1	P16070	N-Term(Dimethyl); S1(HexNac); S2(HexNac); T3(HexNac); S4(HexNac)	1921,83391	4,533E8	1,195	0
RDTSATPQASASIK	2	1	1	Q9GZP0	N-Term(Dimethyl); T3(HexNac); T6(HexNac); S11(HexNac); K13(Dimethyl)	2027,00406	4,283E7	1,188	1
AHNEDLTR	1	1	1	P55283	N-Term(Dimethyl); T7(HexNac); T8(HexNac)	1490,69739	9,713E6	1,188	0
DVSSSTPVSYSK	1	1	1	Q13433	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S4(HexNac); S5(HexNac); S9(HexNac); S12(HexNac); K13(Dimethyl:2H(4))	2168,07016	1,277E8	1,169	0
IRTTTSGVPR	1	1	1	Q14118	N-Term(Dimethyl); T3(HexNac); T4(HexNac); T5(HexNac); S6(HexNac)	1927,97202	8,826E7	1,168	1
SAVEIAPTQVETDECR	2	1	1	Q9NS15	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T8(HexNac); C16(Carbamidomethyl)	2141,02544	7,995E8	1,164	0
VKPTSSGSSSEK	1	1	1	P31096	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K2(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNac); K12(Dimethyl:2H(4))	1534,86087	5,752E6	1,161	0
RPSAAPDGPASGTSSEGR	5	1	1	O15232	N-Term(Dimethyl); S3(HexNac); S13(HexNac)	2312,10024	3,986E9	1,159	0
TATLATLATR	1	1	1	Q9F05	N-Term(Dimethyl); T1(HexNac); T3(HexNac); T6(HexNac); T9(HexNac)	1858,93950	6,945E7	1,158	0
SSTQATGQAVSTAHPPPTGK	3	1	1	O43405	N-Term(Dimethyl); T7(HexNac); T13(HexNac); T18(HexNac); K20(Dimethyl)	2620,25014	1,346E9	1,158	0
RPSAAPDGPASGTSSEGR	1	1	1	O15232	N-Term(Dimethyl); S3(HexNac); S13(HexNac); S16(HexNac)	2515,18192	1,663E8	1,145	0
AATERPLGPPTER	4	1	1	P14543	N-Term(Dimethyl); T3(HexNac); T11(HexNac)	1828,92990	1,634E9	1,138	0
TCSQDFER	1	1	1	P01130	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNac); C2(Carbamidomethyl)	1277,56243	1,103E8	1,136	0
APHSPHSTQPVAK	4	1	1	O00468	N-Term(Dimethyl); S5(HexNac); T7(HexNac); S8(HexNac); K13(Dimethyl)	2022,00881	8,900E8	1,124	0
TTTPPTATPIR	3	1	1	P02751	N-Term(Dimethyl); T5(HexNac); T6(HexNac)	1589,82829	1,433E9	1,123	0
LSHSTKPSGSPLEEK	1	1	1	O00339	N-Term(Dimethyl); K6(Dimethyl); S8(HexNac); K15(Dimethyl)	1883,99624	4,145E7	1,122	0
IAVQGTGVPQGR	1	1	1	P08572	N-Term(Dimethyl); T7(HexNac)	1510,82315	1,101E8	1,112	0
VDTKPLEESSTLDPHTK	1	1	1	Q14112	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K4(Dimethyl:2H(4)); S9(HexNac); S10(HexNac); K17(Dimethyl:2H(4))	2399,28457	1,152E7	1,112	0
EGTSLGEVGGPDJK	1	1	1	Q14112	N-Term(Dimethyl); T3(HexNac); S4(HexNac); K14(Dimethyl)	1820,90325	1,534E8	1,110	0
SLAQEATR	1	1	1	Q13753	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNac); T7(HexNac)	1313,67412	1,996E7	1,105	0
SAVEIAPTQVETDECR	1	1	1	Q9NS15	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNac); T8(HexNac); C16(Carbamidomethyl)	2344,10007	1,464E8	1,105	0
GLTRRPGSLTN	1	1	1	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNac); T4(HexNac); T11(HexNac)	1814,91789	9,523E7	1,095	0
SGDHADGFEVTSR	1	1	1	P15514	N-Term(Dimethyl); T12(HexNac); S13(HexNac)	1898,82657	5,577E7	1,093	0
QPPVTHAPQQLLPGSVR	1	1	1	P98160	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNac); S15(HexNac)	2232,21769	9,628E7	1,086	0
SSTSGGYIFY	5	1	1	P16070	N-Term(Dimethyl); S1(HexNac); S2(HexNac); S4(HexNac)	1718,75591	3,446E8	1,081	0
SSTQATGQAVSTAHPPPTGK	3	1	1	O43405	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNac); T13(HexNac); T18(HexNac); K20(Dimethyl:2H(4))	2628,29897	1,372E9	1,080	0
VPLLATESVK	1	1	1	O43493	N-Term(Dimethyl); T6(HexNac); K10(Dimethyl)	1315,77226	7,438E7	1,079	0
SAGSVESPSVSTHR	2	1	1	P17936	N-Term(Dimethyl); S4(HexNac); S7(HexNac); S9(HexNac)	2124,97904	2,028E8	1,071	0
RDTSATPQASASIK	1	1	1	Q9GZP0	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNac); K13(Dimethyl:2H(4))	1628,89450	2,060E7	1,066	1
FHPDTRDVPVAPAGDQK	4	1	1	Q02818	N-Term(Dimethyl); T5(HexNac); K18(Dimethyl)	2165,04270	3,566E8	1,064	0
IDETGTPGYEGEGEDK	2	1	1	O14786	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNac); T7(HexNac); K18(Dimethyl:2H(4))	2311,04496	8,512E7	1,063	0
IDETGTPGYEGEGEDKNISR	1	1	1	O14786	N-Term(Dimethyl); T7(HexNac); K18(Dimethyl)	2570,17600	9,475E7	1,062	1
GQVEPWDERETR	1	1	1	Q14112	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T11(HexNac)	1736,83921	9,704E7	1,047	1
GTSSFLAVASGPAK	1	1	1	Q6ZVL6	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNac); S3(HexNac); S4(HexNac); S5(HexNac); S11(HexNac); K15(Dimethyl:2H(4))	2409,21347	1,360E7	1,041	0
EGTSLGEVGGPDJK	1	1	1	Q14112	N-Term(Dimethyl); T3(HexNac); K14(Dimethyl)	1617,82402	7,567E7	1,040	0
DFSLTSSSQTPGATK	4	1	1	Q9N253	N-Term(Dimethyl); S7(HexNac); S8(HexNac); K15(Dimethyl)	1988,95513	2,022E8	1,039	0
LVSTATSRPR	1	1	1	O75056	N-Term(Dimethyl); S3(HexNac); T4(HexNac); T6(HexNac); S7(HexNac)	1927,97165	4,393E7	1,039	0
GDPGTGVPVK	1	1	1	P02462	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNac); K11(Dimethyl:2H(4))	1248,69304	1,944E8	1,027	0
RDTSATPQASASIK	2	1	1	Q9GZP0	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNac); T6(HexNac); K13(Dimethyl:2H(4))	1831,97495	7,582E7	1,027	1
KTVTTVETQN	1	1	1	P25445	K1(Dimethyl:2H(4)); N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNac); T5(HexNac)	1590,85723	3,694E8	1,012	1
GEOGFMGNTGPTGAWGDR	2	1	1	P08572	N-Term(Dimethyl); T12(HexNac)	1981,89324	4,774E8	1,005	0
VGPTGATGDK	2	1	1	P05997	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNac); K10(Dimethyl:2H(4))	1169,65056	4,044E8	1,001	0
VIKPTSSNTAQGR	3	1	1	Q08629	N-Term(Dimethyl); K3(Dimethyl); T5(HexNac)	1617,88225	2,349E9	1,000	0
VDTKPLEESSTLDPHTK	2	1	1	Q14112	N-Term(Dimethyl); T3(HexNac); K4(Dimethyl); T11(HexNac); T16(HexNac); K17(Dimethyl)	2590,28969	5,643E8	0,998	0
LPEQPYPGAPHSSY	1	1	1	P39060	N-Term(Dimethyl); S14(HexNac)	2007,94699	2,582E7	0,997	0
KPPSPQPTTEDEPHR	1	1	1	Q13438	N-Term(Dimethyl); K1(Dimethyl); S5(HexNac); T9(HexNac)	2303,10366	6,531E7	0,993	0
LPAPPVTTPLAGGSSTEDSR	6	1	1	P39060	N-Term(Dimethyl); T8(HexNac); S21(HexNac)	2581,28995	2,672E9	0,988	0

MAGASPTKDDSK	2	1	1	Q13438	N-Term(Dimethyl); T7(HexNAc); K8(Dimethyl); K12(Dimethyl)	1494,73505	3,654E7	0,980	1
SPTNTTPHVAEGPEASRPK	4	1	1	O00391	S1(HexNAc); N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T5(HexNAc); T6(HexNAc); S17(HexNAc); K21(Dimethyl)	3241,55312	1,293E9	0,977	0
QEEAGVRPSAGNVSTHPSLSQR	1	1	1	O43493	N-Term(Dimethyl); S9(HexNAc); S14(HexNAc); S18(HexNAc); S20(HexNAc)	3147,49111	2,313E7	0,977	0
TIPTTATPIR	1	1	1	P02751	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); T2(HexNAc); T5(HexNAc); T6(HexNAc); T8(HexNAc)	2199,06699	2,975E8	0,976	0
IAVQRTVGPQGR	3	1	1	P08572	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc)	1514,84892	1,074E9	0,975	0
RTTPPTATPIR	2	1	1	P02751	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T6(HexNAc); T7(HexNAc)	1949,00901	1,261E8	0,969	1
RDTGALLAESR	1	1	1	O00391	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); S11(HexNAc)	1697,88663	6,246E7	0,949	1
IRTTTSGVPR	1	1	1	Q14118	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc)	1724,89231	2,125E7	0,948	1
GEQGGPTGF	4	1	1	P05997	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T9(HexNAc)	1278,61589	1,615E8	0,947	0
WKPTSSNTAQGR	1	1	1	Q08629	N-Term(Dimethyl); K3(Dimethyl); T5(HexNAc); T9(HexNAc)	1820,96207	2,542E7	0,943	0
GFGTSLPGPSGR	1	1	1	P02462	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc); S11(HexNAc)	1667,84307	2,433E8	0,941	0
TIPTTATPIR	2	1	1	P02751	N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc)	1386,74883	1,149E9	0,939	0
RTTPPTATPIR	1	1	1	P02751	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); T7(HexNAc)	1745,92929	4,327E8	0,934	1
TIPTTATPIR	4	1	1	P02751	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc)	1390,77446	1,233E9	0,934	0
SAGSVESPSVSTHR	4	1	1	P17936	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S4(HexNAc); S7(HexNAc)	1925,92527	4,529E8	0,932	0
LSQTEALGR	1	1	1	Q02818	N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc)	1334,68059	5,654E7	0,931	0
EAAQTVAPTTANK	36	1	1	O00391	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc); T6(HexNAc); T10(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	2279,14963	7,151E9	0,928	0
LGVTAEYSPASR	1	1	1	Q9ULI3	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); S8(HexNAc); S11(HexNAc)	1891,93352	1,003E8	0,926	0
GAGQSMSEAPTGDHAPAPTR	1	1	1	Q14767	N-Term(Dimethyl:2H(4)); M7(Oxidation); T12(HexNAc)	2246,02951	5,250E7	0,924	0
TPFYTHPGYDTGN	1	1	1	P02751	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc)	1636,74968	1,234E8	0,917	0
SAGSVESPSVSTHR	1	1	1	P17936	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S4(HexNAc); S7(HexNAc); S9(HexNAc)	2129,00608	3,963E7	0,910	0
LPPTAATPDVADK	1	1	1	P05067	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T8(HexNAc); K14(Dimethyl)	2052,01297	1,708E7	0,905	0
GIAGTPGPK	1	1	1	P05997	N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc); K9(Dimethyl)	1056,59380	2,607E7	0,905	0
SPTNTTPHVAEGPEASRPK	4	1	1	O00391	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T5(HexNAc); T6(HexNAc); S17(HexNAc); K21(Dimethyl)	3038,47231	4,182E9	0,903	0
DFQAEVAYSPITTR	1	1	1	Q6ZVL6	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); S11(HexNAc); T13(HexNAc); T14(HexNAc)	2593,18631	1,179E8	0,902	0
TNPDIYSPNTDDVSSGSSSER	2	1	1	P16070	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T12(HexNAc)	2804,21592	2,961E9	0,902	0
TPFYTHPGYDTGN	1	1	1	P02751	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); T5(HexNAc)	1839,83000	2,386E8	0,898	0
GEQGMGNTGPTGAVGDRG	1	1	1	P08572	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T12(HexNAc)	2042,93845	5,240E8	0,893	1
DFSLTSSSGTQATK	4	1	1	Q9N253	N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc); T10(HexNAc); T14(HexNAc); K15(Dimethyl)	2192,03464	1,578E8	0,893	0
GLTRRPSGLTNKTEE	2	1	1	P05067	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl); T15(HexNAc)	2642,31736	1,347E8	0,891	1
DPVKLPTAASPDAVDK	3	1	1	P05067	N-Term(Dimethyl); K4(Dimethyl); T7(HexNAc); T8(HexNAc); K18(Dimethyl)	2316,20981	3,291E8	0,888	1
AGSGSQVTEPK	1	1	1	P31431	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S5(HexNAc); T9(HexNAc); K12(Dimethyl:2H(4))	1627,85210	4,740E7	0,887	0
DTQLLTAITPEPTGLEAATASTLPAGEGPK	3	1	1	P18827	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); T6(HexNAc); T10(HexNAc); T15(HexNAc); T20(HexNAc); S23(HexNAc); T24(HexNAc); S25(HexNAc); K34(Dimethyl:2H(4))	5011,44361	5,486E8	0,881	0
ESKPQAGTARPDVNR	1	1	1	P24592	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K3(Dimethyl:2H(4)); T8(HexNAc)	2021,08706	2,305E7	0,880	0
CEQDRSPSTAPPAPSPSPVPK	1	1	1	P11279	N-Term(Dimethyl:2H(4)); C1(Carbamidomethyl); S7(HexNAc); T9(HexNAc); S17(HexNAc); S19(HexNAc); S21(HexNAc); K25(Dimethyl:2H(4))	3676,78017	2,190E8	0,878	0
GEQGMGNTGPTGAVGDR	3	1	1	P08572	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T12(HexNAc)	1985,91850	5,694E8	0,877	0
DPVKLPTAASPDAVDK	6	1	1	P05067	N-Term(Dimethyl); K4(Dimethyl); T7(HexNAc); T8(HexNAc); S11(HexNAc); T12(HexNAc); K18(Dimethyl)	2722,36806	2,968E9	0,874	1
KTVTVETQN	2	1	1	P25445	N-Term(Dimethyl); K1(Dimethyl); T4(HexNAc)	1379,72710	1,781E7	0,871	1
QASAFSR	2	1	1	Q15582	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S6(HexNAc)	1001,52025	1,756E8	0,869	0
STCQSFPEPTPVVK	6	1	1	P09603	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); C3(Carbamidomethyl); T11(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))	2176,08323	4,296E8	0,869	0
IDETGTPGYEGEGDK	1	1	1	O14786	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); T7(HexNAc); K18(Dimethyl)	2302,99582	7,642E7	0,867	0
DAAAAPATPATGTGSK	2	1	1	Q68BL7	N-Term(Dimethyl); T8(HexNAc); S15(HexNAc); K16(Dimethyl)	1848,90854	1,066E8	0,853	0
GEQGMGNTGPTGAVGDR	8	1	1	P08572	N-Term(Dimethyl:2H(4)); M6(Oxidation); T12(HexNAc)	2001,91277	9,770E8	0,850	0
LVLTRPPESR	2	1	1	P19021	N-Term(Dimethyl); S3(HexNAc); T4(HexNAc); S10(HexNAc)	1891,98648	2,113E8	0,849	0
EAAQTVAPTTANK	2	1	1	O00391	N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc); T6(HexNAc); T10(HexNAc); K14(Dimethyl)	2068,01950	4,877E7	0,848	0
LIVSTATSRPR	1	1	1	O75056	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S3(HexNAc); T4(HexNAc); S7(HexNAc)	1728,91751	1,088E8	0,846	0
QASAFSR	1	1	1	Q15582	N-Term(Dimethyl); S6(HexNAc)	997,49516	1,485E8	0,846	0
GLTRRPSGLTNK	6	1	1	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	2088,15323	4,307E9	0,846	0
HNEDLITRETCK	1	1	1	P55283	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); T7(HexNAc); C11(Carbamidomethyl); K12(Dimethyl:2H(4))	1973,95804	6,409E7	0,841	1
GSTEQAASPEKEK	1	1	1	P51693	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); S9(HexNAc); K12(Dimethyl); K14(Dimethyl)	1966,93558	1,624E7	0,841	1
GGEPSPEGTTGQSYNQYSQR	1	1	1	P02751	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T9(HexNAc)	2378,07364	4,530E7	0,839	0
GAPNKEETATESPDGLYYHR	2	1	1	Q02818	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K5(Dimethyl:2H(4)); T8(HexNAc); T11(HexNAc); T16(HexNAc)	3106,48525	2,117E8	0,836	1
SHPQLQTPK	1	1	1	O43493	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc); T7(HexNAc); K9(Dimethyl:2H(4))	1506,81424	1,588E8	0,834	0
SAGSVESPSVSTHR	1	1	1	P17936	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S9(HexNAc)	1722,84446	4,909E7	0,834	0
DAAAAPATPATGTGSK	1	1	1	Q68BL7	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T8(HexNAc); S15(HexNAc); K16(Dimethyl:2H(4))	1856,95976	1,701E8	0,833	0
ETTRPFSNECLGTR	1	1	1	P19021	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); C10(Carbamidomethyl); T13(HexNAc)	2203,02005	1,431E8	0,832	0
AETHPTTLQGAIR	1	1	1	Q96D42	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T6(HexNAc); T7(HexNAc)	2032,00852	1,338E7	0,827	0
GAGQSMSEAPTGDHAPAPTR	1	1	1	Q14767	N-Term(Dimethyl); T12(HexNAc)	2226,01151	2,225E7	0,825	0
GLTRRPSGLTNKTEEISE	1	1	1	P05067	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl); T15(HexNAc)	2971,47855	2,661E8	0,825	1
AGSGSQVTEPK	1	1	1	P31431	N-Term(Dimethyl); T9(HexNAc); K12(Dimethyl)	1416,72307	8,856E7	0,825	0

ATTASRLPSSAVTR	1	1	1	O00468	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); T3(HexNAc); S9(HexNAc); S10(HexNAc); T13(HexNAc)	2562,28269	1,676E8	0,824	1
TPHTEGDPGSPATER	1	1	1	P18827	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T4(HexNAc); T12(HexNAc)	2095,94693	1,457E7	0,818	0
EPFSGDHSADGFEVTSR	3	1	1	P15514	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T15(HexNAc); S16(HexNAc)	2276,01743	4,286E8	0,813	0
ETTRPFSNECLGTTR	1	1	1	P19021	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); C10(Carbamidomethyl); T13(HexNAc)	2207,04544	1,850E8	0,811	0
YSSDYFQAPS DYR	2	1	1	Q08380	N-Term(Dimethyl); S10(HexNAc)	1829,78740	1,171E8	0,811	0
RTTPPTATPIR	1	1	1	P02751	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); T3(HexNAc); T6(HexNAc); T7(HexNAc); T9(HexNAc)	2359,19162	7,654E8	0,807	1
LGLEDVGTTPFSYK	1	1	1	P14543	N-Term(Dimethyl); T8(HexNAc); T9(HexNAc); K14(Dimethyl)	1988,99724	1,013E8	0,805	0
IDETGSPGVEGEGDKNISR	1	1	1	O14786	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); T7(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	2781,30631	4,949E7	0,803	1
VSATLNVLSNNAIK	1	1	1	O94907	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); S11(HexNAc); K15(Dimethyl)	1993,07224	6,268E6	0,801	0
KVTVTETQN	2	1	1	P25445	N-Term(Dimethyl); K1(Dimethyl); T2(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc); T8(HexNAc)	1988,96628	1,287E8	0,801	1
ESKPQAGTARQDVNR	1	1	1	P24592	N-Term(Dimethyl); S2(HexNAc); K3(Dimethyl); T8(HexNAc)	2216,11587	1,362E8	0,797	0
GLTRRPGSLTNIK	6	1	1	P05067	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl)	2080,10381	3,270E9	0,793	0
WLPSSSPVGYR	1	1	1	P02751	N-Term(Dimethyl); S5(HexNAc); S6(HexNAc); T9(HexNAc)	1986,95597	5,452E6	0,793	0
GLTRRPGSLTNIK	3	1	1	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1885,07462	3,408E8	0,792	0
GAQTLVVPNC DHR	1	1	1	P24592	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); C10(Carbamidomethyl)	1765,84824	9,613E7	0,787	0
DFSLTSSSQPGATK	5	1	1	Q9N253	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc); T10(HexNAc); T14(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))	2200,08652	1,767E8	0,787	0
LKVSSTAVR	1	1	1	P01130	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K2(Dimethyl:2H(4)); S4(HexNAc); S5(HexNAc); T8(HexNAc)	1633,93521	2,039E7	0,783	1
QAPPSKGPVTR	1	1	1	P40189	N-Term(Dimethyl); S5(HexNAc); K6(Dimethyl); T9(HexNAc)	1599,85910	2,603E7	0,779	1
GSTEQDAASPEKEK	1	1	1	P51693	N-Term(Dimethyl); S2(HexNAc); T3(HexNAc); S9(HexNAc); K12(Dimethyl); K14(Dimethyl)	2170,01419	9,969E7	0,779	1
GSTEQDAASPEKEK	1	1	1	P51693	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); K12(Dimethyl); K14(Dimethyl)	1763,85477	1,034E7	0,773	1
IAPT VWK	11	1	1	O00391	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); K7(Dimethyl)	1073,62407	4,589E10	0,772	0
RTTPPTATPIR	3	1	1	P02751	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc)	1546,87479	1,139E8	0,745	1
KSSPPALSAALVAK	1	1	1	Q6ZVL6	N-Term(Dimethyl); K1(Dimethyl); S2(HexNAc); S3(HexNAc); S8(HexNAc); K14(Dimethyl)	2033,12693	1,727E7	0,744	1
GGVSAVPGFR	1	1	1	P08572	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S4(HexNAc)	1181,64653	2,122E7	0,742	0
TFIPVTS AK	8	1	1	P16070	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T6(HexNAc); S7(HexNAc); K9(Dimethyl:2H(4))	1636,90373	3,016E9	0,740	0
TATLATLATR	1	1	1	Q96F05	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T6(HexNAc); T9(HexNAc)	1659,88567	3,240E7	0,734	0
ISPESGLAK	1	1	1	Q86TY3	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S2(HexNAc); K9(Dimethyl:2H(4))	1168,69219	2,903E7	0,731	0
YSSDYFQAPS DYR	5	1	1	Q08380	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S3(HexNAc)	1833,81498	1,476E8	0,730	0
TLTSDSEVKDHTTAGR	1	1	1	Q9UBV2	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T4(HexNAc); K10(Dimethyl); T13(HexNAc); T14(HexNAc)	2687,26455	1,399E7	0,720	1
GAPNKETPATESPD TGLYYHR	1	1	1	Q02818	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K5(Dimethyl:2H(4)); T8(HexNAc); T11(HexNAc)	2903,40517	1,402E8	0,720	1
GTQPGGATGPGSAGR	8	1	1	P05997	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); T9(HexNAc)	1952,95053	2,084E9	0,717	0
TAVPSTGASK	1	1	1	P02751	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); T6(HexNAc); K10(Dimethyl:2H(4))	1388,76225	2,613E7	0,708	0
TFIPVTS AK	4	1	1	P16070	T1(HexNAc); N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); S7(HexNAc); K9(Dimethyl)	1628,85417	2,131E9	0,707	0
GETGPPGPGVSGPLG AIGTDGTPGAK	3	1	1	P05997	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T20(HexNAc); K27(Dimethyl:2H(4))	2814,45009	2,601E8	0,706	0
HTSVQTTSSGSGPFTDVR	3	1	1	P02751	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc)	2099,02091	6,183E7	0,705	0
IGTTEEQAESEKAPR	1	1	1	Q13444	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); S11(HexNAc); K13(Dimethyl)	2192,05753	1,804E7	0,702	1
ALPRPATTQEPDIPER	5	1	1	O75056	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc); T8(HexNAc)	2229,15580	5,703E8	0,699	0
SRDETPALAGTDASR	1	1	1	Q6ZM90	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc); T11(HexNAc)	1984,96231	3,540E7	0,695	1
GEPSNEPSTETNK	3	1	1	Q9ULF5	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S4(HexNAc); S8(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4))	1859,88616	2,444E8	0,690	0
RTTPPTATPIR	2	1	1	P02751	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); T3(HexNAc); T6(HexNAc); T7(HexNAc)	2156,11269	3,628E9	0,690	1
GGEPSEGITGQSYNQYSQR	1	1	1	P02751	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T9(HexNAc); T10(HexNAc)	2581,14695	1,002E8	0,683	0
TGPPGPGVSGPLG AIGTDGTPGAK	1	1	1	P05997	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); S9(HexNAc); T18(HexNAc); K25(Dimethyl:2H(4))	2831,47629	3,264E8	0,681	0
GLTRRPGSLTNIK	4	1	1	P05067	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); K14(Dimethyl)	1877,02311	2,229E8	0,673	0
LSHSTKPGSPLEEK	1	1	1	O00339	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S2(HexNAc); S4(HexNAc); K6(Dimethyl:2H(4)); S8(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))	2302,23061	3,971E7	0,673	0
LGVTAEYSPASR	1	1	1	Q9ULI3	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); S11(HexNAc)	1688,85295	5,077E7	0,671	0
SPTNTTPHVAEGPEASRPK	2	1	1	O00391	S1(HexNAc); N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); S17(HexNAc); K21(Dimethyl)	2835,39272	2,853E8	0,658	0
WLPSSSPVGYR	2	1	1	P02751	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S4(HexNAc); S5(HexNAc); S6(HexNAc); T9(HexNAc)	2194,05796	8,270E7	0,650	0
GVTTDSPVSEER	12	1	1	Q9NS15	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); S9(HexNAc)	1913,87217	2,284E6	0,640	0
RTTPPTATPIR	2	1	1	P02751	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T6(HexNAc); T7(HexNAc)	1953,03220	1,030E8	0,638	1
AGELSFTR	1	1	1	Q9UK23	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S5(HexNAc); T8(HexNAc)	1465,37772	7,739E7	0,628	0
DPVKLPTTAASTPDAVDK	7	1	1	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K4(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc); T8(HexNAc); S11(HexNAc); T12(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	2734,44179	5,583E9	0,623	1
HTSVQTTSSGSGPFTDVR	7	1	1	P02751	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); T7(HexNAc)	2302,09897	2,780E9	0,622	0
KVTVTETQN	2	1	1	P25445	K1(Dimethyl:2H(4)); N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc)	1793,93644	9,686E8	0,612	1
GLTRRPGSLTNIKTEIEISEVK	20	1	1	P05067	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl); T15(HexNAc); K22(Dimethyl)	3226,66933	6,596E8	0,597	1
VDGTSHTVTKG	1	1	1	P55085	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); T8(HexNAc); K10(Dimethyl)	1462,72730	1,437E7	0,594	0
APTPTASREP	1	1	1	Q6PCB0	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc)	1318,68010	1,811E7	0,591	1
KVTVTETQN	2	1	1	P25445	N-Term(Dimethyl); K1(Dimethyl); T2(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc)	1785,88639	5,929E8	0,584	1

GLTTRPGSGLTNIKTEIESEVK	2	1	1	P05067	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl); K22(Dimethyl)	3023,58852	1,056E8	0,570	1
GLTTRPGSGLTNIKTEIESEVK	1	1	1	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4)); T15(HexNAc); S19(HexNAc); K22(Dimethyl:2H(4))	3441,82705	3,700E8	0,569	1
NRGTSTTSQPNISAGVQDTEMGPCR	2	1	1	P24592	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); T6(HexNAc); S8(HexNAc); S13(HexNAc); M21(Oxidation); C24(Carbamidomethyl)	3445,47548	4,102E7	0,562	0
RVPSEAPTEVPRDRPEK	3	1	1	Q14118	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S4(HexNAc); T9(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	2489,28603	3,187E8	0,562	2
GDTTLTYSQGGHGHDPK	1	1	1	Q14767	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc); K17(Dimethyl:2H(4))	2444,15590	7,038E7	0,551	0
TLVSSKPAHQAGAPPPSGSAPH	1	1	1	P35318	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S5(HexNAc); K6(Dimethyl:2H(4)); S17(HexNAc)	2564,34536	1,214E8	0,535	0
LEDTFGPDPTMIR	13	1	1	P29279	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T10(HexNAc); M11(Oxidation)	1742,84708	5,739E9	0,534	0
AGSIEDTSQAQELNPLPSLPK	2	1	1	Q9N253	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc); S18(HexNAc); K22(Dimethyl:2H(4))	2762,44443	3,789E8	0,530	0
GLTTRPGSGLTNIKTEIESEVK	4	1	1	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4)); S19(HexNAc); K22(Dimethyl:2H(4))	3035,66421	1,583E8	0,527	1
IVFTPTICK	1	1	1	Q14767	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); T6(HexNAc); C8(Carbamidomethyl); K9(Dimethyl:2H(4))	1548,86907	6,731E7	0,518	0
GMPLGPGAGTPGK	6	1	1	P05997	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T11(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1503,83365	1,014E9	0,515	0
IVFTPTICK	3	1	1	Q14767	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); C8(Carbamidomethyl); K9(Dimethyl:2H(4))	1345,78923	2,316E8	0,511	0
GLTTRPGSGLTNIKTEIESEVK	31	1	1	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4)); T15(HexNAc); K22(Dimethyl:2H(4))	3238,74282	1,060E9	0,511	1
GMPLGPGAGTPGK	5	1	1	P05997	N-Term(Dimethyl); T11(HexNAc); K14(Dimethyl)	1495,78031	5,146E8	0,508	0
YDVAWATLWLNDRPSQK	1	1	1	P10451	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc); S14(HexNAc); K16(Dimethyl:2H(4))	2272,14841	2,159E8	0,506	0
GMPLGPGAGTPGK	11	1	1	P05997	N-Term(Dimethyl); M2(Oxidation); T11(HexNAc); K14(Dimethyl)	1511,77768	6,719E8	0,499	0
LPALTVHVQPK	1	1	1	P07602	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc); T9(HexNAc); K12(Dimethyl:2H(4))	1774,04587	4,362E7	0,492	0
TQDVLPTSQVDHK	1	1	1	Q9Y6N7	N-Term(Dimethyl); T7(HexNAc); K14(Dimethyl)	1783,90940	9,715E7	0,490	0
GMPLGPGAGTPGK	13	1	1	P05997	N-Term(Dimethyl:2H(4)); M2(Oxidation); T11(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1519,82883	1,313E9	0,489	0
LEDTFGPDPTMIR	4	1	1	P29279	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T10(HexNAc)	1726,85222	1,403E9	0,479	0
AGSIEDTSQAQELNPLPSLPK	1	1	1	Q9N253	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc); S8(HexNAc); S18(HexNAc); K22(Dimethyl:2H(4))	2965,52480	2,393E7	0,453	0
RPPTAPSAPVGR	1	1	1	O00468	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); T5(HexNAc); S8(HexNAc)	2033,08132	1,378E8	0,436	1
EDSHSTGTAAASAHTSHPMQGR	1	1	1	P16070	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S5(HexNAc); T6(HexNAc); T7(HexNAc); T9(HexNAc); S13(HexNAc); T16(HexNAc); S17(HexNAc)	3790,63795	4,975E7	0,336	0
WTTTKINGPPTK	1	1	1	P02751	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); T3(HexNAc); T4(HexNAc); K6(Dimethyl:2H(4)); T12(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4))	2206,19986	3,204E7	0,268	1
DPNHSEGSTLLEGYTSHYPTK	1	1	1	P16070	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S5(HexNAc); S8(HexNAc); T9(HexNAc); T10(HexNAc); T16(HexNAc); S17(HexNAc); T22(HexNAc); K23(Dimethyl:2H(4))	4056,84614	2,692E8	0,173	0
DMQPGHHTSTPAGSQADLHPHTEGGPSATER	1	1	1	P18827	N-Term(Dimethyl:2H(4)); M2(Oxidation); T9(HexNAc); S10(HexNAc); T11(HexNAc); S16(HexNAc); T22(HexNAc); T25(HexNAc); S31(HexNAc)	5118,19933	5,096E8	0,120	0
HTSVQTTSSGSGPFTDVR	6	1	1	P02751	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); T7(HexNAc); T15(HexNAc)	2505,17905	6,228E9	0,115	0
GLTTRPGSGLTNIKTEIESEVK	1	1	1	P05067	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl); T15(HexNAc); S19(HexNAc); K22(Dimethyl)	3429,74599	1,339E8		1
RVPSEAPTEVPRDRPEK	1	1	1	Q14118	N-Term(Dimethyl); S4(HexNAc); T9(HexNAc); K18(Dimethyl)	2481,23745	1,829E8		2
GDTTLTYSQGGHGHDPK	1	1	1	Q14767	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc); K17(Dimethyl)	2436,10561	2,828E7		0
GEQGFMGNTGPTGAVGDR	2	1	1	P08572	N-Term(Dimethyl); M6(Oxidation); T12(HexNAc)	1997,88718	7,975E8		0
QVQEPWDERETR	1	1	1	Q14112	N-Term(Dimethyl); T11(HexNAc)	1732,81455	1,016E8		1
GAPNKEETPATESPDTGLYYHR	1	1	1	Q02818	N-Term(Dimethyl); K5(Dimethyl); T8(HexNAc); T11(HexNAc); T16(HexNAc)	3098,43447	1,520E8		1
DTQLLTAIPTSPPTGLEATAASTSLPAGGPK	1	1	1	P18827	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T6(HexNAc); T10(HexNAc); T15(HexNAc); T20(HexNAc); S23(HexNAc); T24(HexNAc); S25(HexNAc); K34(Dimethyl)	5003,39582	2,384E8		0
LSHSTKPSGSPLEEK	1	1	1	O00339	N-Term(Dimethyl); S2(HexNAc); S4(HexNAc); K6(Dimethyl); S8(HexNAc); K15(Dimethyl)	2290,15517	2,670E7		0
VGPTGATGDK	2	1	1	P05997	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); K10(Dimethyl)	1161,60051	4,049E8		0
GLPGLPGPPGPTGAK	6	1	1	P08572	N-Term(Dimethyl); T12(HexNAc); K15(Dimethyl)	1574,87981	2,197E8		0
VGADGTVFATR	1	1	1	P55283	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); T10(HexNAc)	1527,75420	3,607E7		0
WLPSSSPVGYR	1	1	1	P02751	N-Term(Dimethyl); S4(HexNAc); S5(HexNAc); S6(HexNAc); T9(HexNAc)	2190,03604	4,302E7		0
LPALTVHVQPK	1	1	1	P07602	N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc); T9(HexNAc); K12(Dimethyl)	1765,99491	2,109E7		0
GTQPPGATGPPGSAGR	1	1	1	P05997	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T9(HexNAc)	1948,92789	0,000E0		0
LVSTATSRPR	1	1	1	O75056	N-Term(Dimethyl); S3(HexNAc); T4(HexNAc); S7(HexNAc)	1724,89231	9,206E7		0
SPELQTPK	1	1	1	O43493	N-Term(Dimethyl); S1(HexNAc); T7(HexNAc); K9(Dimethyl)	1498,76328	1,324E8		0
AATTQLVNSGLAVSGK	2	1	1	Q49A88	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); S15(HexNAc); K17(Dimethyl)	2066,08738	3,953E8		0
RITPPTIATPIR	1	1	1	P02751	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); T3(HexNAc); T6(HexNAc); T7(HexNAc)	2152,08890	2,708E9		1
GGFRFRPMTLQDGRK	1	1	1	Q8TEC5	N-Term(Dimethyl); T9(HexNAc); K17(Dimethyl)	2123,10935	3,012E8		2
AGSGSQVPTPEK	1	1	1	P31431	N-Term(Dimethyl); S5(HexNAc); T9(HexNAc); K12(Dimethyl)	1619,80266	4,204E7		0
GEPSNEPSTETNK	2	1	1	Q9ULF5	N-Term(Dimethyl); S4(HexNAc); S8(HexNAc); K13(Dimethyl)	1851,83550	1,686E8		0
ITEFLGK	1	1	1	P13611	N-Term(Dimethyl); T2(HexNAc); K8(Dimethyl)	1195,64665	7,757E7		0
GFPGTSLPGSGR	3	1	1	P02462	N-Term(Dimethyl); T5(HexNAc)	1460,74016	1,336E8		0
IVFTPTICK	4	1	1	Q14767	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc); C8(Carbamidomethyl); K9(Dimethyl)	1337,73979	1,174E8		0
TCSQDFR	1	1	1	P01130	N-Term(Dimethyl); T1(HexNAc); C2(Carbamidomethyl)	1273,53740	1,260E8		0
GVTTDSPVSEER	1	1	1	Q9N515	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc)	1710,79265	0,000E0		0

SSQKLSGK	1	1	1	Q15468	N-Term(Dimethyl); S2(HexNAc); K4(Dimethyl); S6(HexNAc); S7(HexNAc); K9(Dimethyl)	1614,83818	6,932E7		1
HNEDLTRETCK	1	1	1	P55283	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); T7(HexNAc); C11(Carbamidomethyl); K12(Dimethyl)	1965,90836	5,391E7		1
RDTSATPQSASIK	2	1	1	Q9GZP0	N-Term(Dimethyl); S4(HexNAc); S9(HexNAc); K13(Dimethyl)	1823,92527	4,718E7		1
RDTSATPQSASIK	1	1	1	Q9GZP0	N-Term(Dimethyl); T6(HexNAc); K13(Dimethyl)	1620,84391	2,195E7		1
RDTSATPQSASIK	1	1	1	Q9GZP0	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); S4(HexNAc); S9(HexNAc); S11(HexNAc); K13(Dimethyl)	2230,08268	1,453E8		1
VKPTSSGSEEK	1	1	1	P31096	N-Term(Dimethyl); K2(Dimethyl); T4(HexNAc); K12(Dimethyl)	1522,78580	6,825E6		0
YHSLGNISRGGS	2	1	1	Q09019	N-Term(Dimethyl); S3(HexNAc)	1478,71013	2,237E7		1
TVTTVETQN	1	1	1	P25445	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc)	1426,68059	6,691E7		0
GEQGGPTGTF	3	1	1	P05997	N-Term(Dimethyl); T9(HexNAc)	1274,59038	3,054E8		0
KVTVVETQN	1	1	1	P25445	N-Term(Dimethyl); K1(Dimethyl); T4(HexNAc); T5(HexNAc)	1582,80705	3,737E8		1
GLTRRPSGLTN	1	1	1	P05067	N-Term(Dimethyl); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc)	1810,89116	1,042E8		0
TGPTGAVGDR	1	1	1	P08572	N-Term(Dimethyl); T4(HexNAc)	1161,57500	3,233E7		0
ESKPQAGTARPDVNR	1	1	1	P24592	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S2(HexNAc); K3(Dimethyl:2H(4)); T8(HexNAc)	2224,16616	1,709E8		0
LSHSTKPSGPLEEK	1	1	1	O00339	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K6(Dimethyl:2H(4)); S8(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))	1896,07155	3,647E7		0
SPTNTTPHVPAEGPEASRPK	4	1	1	O00391	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc); T3(HexNAc); S17(HexNAc); K21(Dimethyl:2H(4))	2843,43764	5,427E8		0
STLLPTEAVGKAPVEKEVK	1	1	1	P13611	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc); T2(HexNAc); T6(HexNAc); T12(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4)); K18(Dimethyl:2H(4)); K22(Dimethyl:2H(4))	3295,81093	1,340E8		2
AHPHSHTSQPVAK	3	1	1	O00468	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S5(HexNAc); T7(HexNAc); S8(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4))	2030,05483	1,029E9		0
SPTNTTPHVPAEGPEASRPK	4	1	1	O00391	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T5(HexNAc); T6(HexNAc); S17(HexNAc); K21(Dimethyl:2H(4))	3046,52236	1,706E9		0
TQDVLTPSQVDHK	2	1	1	Q9Y6N7	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1791,95816	2,004E8		0
SSTQATGQAVSTAHPTGK	1	1	1	O43405	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T13(HexNAc); T18(HexNAc); K20(Dimethyl:2H(4))	2425,22109	4,188E7		0
EPTPSKPVAAK	1	1	1	P20908	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); S5(HexNAc); K6(Dimethyl:2H(4)); K7(Dimethyl:2H(4)); K13(Dimethyl:2H(4))	1916,15285	1,180E7		1
LPAPPVITPPLAGGSSTEDSR	1	1	1	P39060	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T8(HexNAc); S21(HexNAc)	2585,31460	1,499E8		0
SPTNTTPHVPAEGPEASRPK	4	1	1	O00391	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S1(HexNAc); T3(HexNAc); T5(HexNAc); T6(HexNAc); S17(HexNAc); K21(Dimethyl:2H(4))	3249,60024	1,282E9		0
FHPDQDVPVAPAGDQK	4	1	1	Q02818	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	2173,09366	3,254E8		0
VKPTSSNTAQGR	3	1	1	Q08629	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K3(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc)	1625,93169	2,506E9		0
GSTEQDAASPEKEK	1	1	1	P51693	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); S9(HexNAc); K12(Dimethyl:2H(4)); K14(Dimethyl:2H(4))	1979,01047	1,933E7		1
STCQSEPPETPVVK	2	1	1	P09603	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T2(HexNAc); C3(Carbamidomethyl); K15(Dimethyl:2H(4))	1973,00461	7,488E7		0
SQLANTEPTKGLPDHPSR	1	1	1	Q9Y5L2	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); T9(HexNAc); K10(Dimethyl:2H(4)); S17(HexNAc)	2621,33950	3,835E7		1
EAQQTVAPTTANK	2	1	1	O00391	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc); T6(HexNAc); T10(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	2076,07010	4,545E7		0
GSTEQDAASPEKEK	1	1	1	P51693	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S2(HexNAc); T3(HexNAc); S9(HexNAc); K12(Dimethyl:2H(4)); K14(Dimethyl:2H(4))	2182,09201	1,280E8		1
TSRPPGGLSSEGPSKWSLGR	6	1	1	Q9H6A9	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T1(HexNAc); S16(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4)); S20(HexNAc)	3053,58904	1,369E10		1
AATERLGPPTER	2	1	1	P14543	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T11(HexNAc)	1832,95438	1,560E9		0
DPVKLPTTAASPDAVDK	6	1	1	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K4(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc); T8(HexNAc); K18(Dimethyl:2H(4))	2328,28360	3,423E8		1
VDTKLEESLDPHTK	1	1	1	Q14112	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); K4(Dimethyl:2H(4)); T11(HexNAc); T16(HexNAc); K17(Dimethyl:2H(4))	2602,36416	5,476E8		0
DFSLTSSQTPGATK	5	1	1	Q9N253	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T10(HexNAc); T14(HexNAc); K15(Dimethyl:2H(4))	1997,00681	1,849E8		0
VSDASDKQAER	1	1	1	Q13753	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K7(Dimethyl:2H(4)); T8(HexNAc)	1701,87467	6,002E6		1
RTTTPPTATPIR	1	1	1	P02751	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); T7(HexNAc)	1749,95487	4,354E8		1
LVSTLRPPESR	2	1	1	P19021	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S3(HexNAc); T4(HexNAc); S10(HexNAc)	1896,01187	2,491E8		0
RPSAPADGAPASGTSEPR	1	1	1	O15232	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S3(HexNAc); S13(HexNAc)	2316,12687	3,746E9		0
IRTTTSGVPR	1	1	1	Q14118	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T5(HexNAc); S6(HexNAc)	1931,99649	7,555E7		1
LVSTATSRPR	1	1	1	O75056	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S3(HexNAc); T4(HexNAc); T6(HexNAc); S7(HexNAc)	1931,99869	4,230E7		0
EQEATPRPR	1	1	1	P18827	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc)	1318,69022	3,897E7		0
GGYPTRVLGNFLTK	1	1	1	Q9H5I5	N-Term(Dimethyl:2H(4)); C1(Carbamidomethyl); T5(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1893,03237	1,088E8		1
EGTSLVEGGPDLK	1	1	1	Q14112	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); S4(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1828,95244	1,470E8		0
AGSGSQVPTPEK	1	1	1	P31431	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T9(HexNAc); K12(Dimethyl:2H(4))	1424,77263	1,074E8		0
LGLEDVGTTPFSYK	1	1	1	P14543	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T8(HexNAc); T9(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1997,04692	1,259E8		0
GFPGTSLPGPSGR	2	1	1	P02462	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc)	1464,76372	2,533E8		0
TTPPTATPIR	3	1	1	P02751	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc); T6(HexNAc)	1593,85332	1,573E9		0
SQLANTEPTK	1	1	1	Q9Y5L2	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); T9(HexNAc); K10(Dimethyl:2H(4))	1558,83147	2,185E8		0
LSQETEALGR	1	1	1	Q02818	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc)	1338,70586	6,288E7		0
IAPTWWK	7	1	1	O00391	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T4(HexNAc); K7(Dimethyl:2H(4))	1081,67412	5,858E10		0
APTPTGASR	1	1	1	Q5PCB0	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc)	1092,58354	3,023E7		0
EGTSLVEGGPDLK	1	1	1	Q14112	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4))	1625,86931	7,278E7		0
RDTSATPQSASIK	1	1	1	Q9GZP0	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T6(HexNAc); S11(HexNAc); K13(Dimethyl:2H(4))	2035,05246	3,604E7		1

LGPPGAGTPGQIDCDTDVK	3	1	1	P08572	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T9(HexNAc); C15(Carbamidomethyl); K20(Dimethyl:2H(4))	2262,14280	1,531E8		0
GLTTRPGSGLTNIKTEE	1	1	1	P05067	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T3(HexNAc); T4(HexNAc); T11(HexNAc); K14(Dimethyl:2H(4)); T15(HexNAc)	2650,36704	1,871E8		1
GELVYVLPFPSTKVSAYLSLLR	1	1	1	Q86UK0	N-Term(Dimethyl:2H(4)); K13(Dimethyl:2H(4)); S15(HexNAc); S20(HexNAc)	2979,67568	1,977E9		1
FPSYLASPAAGSRGSSRYSTETLK	1	1	1	Q96PE2	N-Term(Dimethyl:2H(4)); S3(HexNAc); S7(HexNAc); K24(Dimethyl:2H(4))	3019,54311	4,387E7		2
VPLLATESVK	1	1	1	O43493	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T6(HexNAc); K10(Dimethyl:2H(4))	1323,82329	7,020E7		0
LSQQTPSTWK	1	1	1	P18827	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T5(HexNAc); S7(HexNAc); K10(Dimethyl:2H(4))	1645,87798	5,196E8		0
HNEDLTR	2	1	1	P55283	N-Term(Dimethyl:2H(4)); T7(HexNAc)	1220,60613	2,889E7		0

ANEXO II

Chemical Biology

Revisiting the human polypeptide GalNAc-T1 and T13 paralogs

María Florencia Festari^{2,3,†}, Felipe Trajtenberg^{4,†}, Nora Berois², Sergio Pantano⁵, Leslie Revoredo⁶, Yun Kong⁷, Patricia Solari-Saquieres², Yoshiki Narimatsu⁷, Teresa Freire³, Sylvie Bay⁸, Carlos Robello^{9,10}, Jean Bénard¹¹, Thomas A. Gerken^{6,12}, Henrik Clausen⁶, and Eduardo Osinaga^{1,2,3}

²Laboratory of Tumor Immunology and Glycobiology, Institut Pasteur de Montevideo, Mataojo 2020 (C.P. 11400), Montevideo, Uruguay, ³Departamento de Inmunobiología, Facultad de Medicina, Universidad de la República, Avenida General Flores 2125 (C.P. 11800), Montevideo, Uruguay, ⁴Laboratory of Molecular & Structural Microbiology, Institut Pasteur de Montevideo, Mataojo 2020 (C.P. 11400), Montevideo, Uruguay, ⁵Grupo de Simulaciones Biomoleculares, Institut Pasteur de Montevideo, Mataojo 2020 (C.P. 11400), Montevideo, Uruguay, ⁶Department of Chemistry, Case Western Reserve University, Cleveland, OH 44106, USA, ⁷Department of Cellular and Molecular Medicine and Odontology, Copenhagen Center for Glycomics, University of Copenhagen, Blegdamsvej 3, DK-2200 Copenhagen N, Denmark, ⁸Unité de Chimie de Biomoleculaires, CNRS UMR 3523 Institut Pasteur, Paris, France, ⁹Unidad de Biología Molecular, Institut Pasteur de Montevideo, Mataojo 2020 (C.P. 11400), Montevideo, Uruguay, ¹⁰Departamento de Bioquímica, Facultad de Medicina, Universidad de la República, Avenida General Flores 2125 (C.P. 11800), Montevideo, Uruguay, ¹¹CNRS UMR 8126, Université Paris-Sud 11, and Département de Biologie et Pathologie Médicales Institut Gustave Roussy, Villejuif Cedex, France, and ¹²Departments of Pediatrics and Biochemistry, Case Western Reserve University, Cleveland, OH 44106, USA

[†]To whom correspondence should be addressed: Tel: + 598 29249562; Fax: + 598 29249563; e-mail: eosinaga@fmed.edu.uy

[†]Both authors contributed equally to this work.

Received 30 June 2016; Revised 30 October 2016; Accepted 2 November 2016

Abstract

Polypeptide GalNAc-transferases (GalNAc-Ts) constitute a family of 20 human glycosyltransferases (comprising 9 subfamilies), which initiate mucin-type *O*-glycosylation. The *O*-glycoproteome is thought to be differentially regulated via the different substrate specificities and expression patterns of each GalNAc-T isoforms. Here, we present a comprehensive *in vitro* analysis of the peptide substrate specificity of GalNAc-T13, showing that it essentially overlaps with the ubiquitous expressed GalNAc-T1 isoform found in the same subfamily as T13. We have also identified and partially characterized nine splice variants of GalNAc-T13, which add further complexity to the GalNAc-T family. Two variants with changes in their lectin domains were characterized by *in vitro* glycosylation assays, and one (Δ 39Ex9) was inactive while the second one (Ex10b) had essentially unaltered activity. We used reverse transcription-polymerase chain reaction analysis of human neuroblastoma cell lines, normal brain and a small panel of neuroblastoma tumors to demonstrate that several splice variants (Ex10b, Δ Ex9, Δ Ex2-7 and Δ Ex6/8-39bpEx9) were highly expressed in tumor cell lines compared with normal brain, although the functional implications remain to be unveiled. In summary, the GalNAc-T13 isoform is predicted to function similarly to GalNAc-T1 against peptide substrates *in vivo*, in contrast to a prior report, but is unique by being selectively expressed in the brain.

Key words: GALNT/GALNT13/splicing/MALDI-TOF/neuroblastoma/cancer

Introduction

Mucin-type (GalNAc-type) O-linked glycosylation is found on Ser, Thr and some Tyr residues, and is one of the most common types of protein glycosylation found in metazoans. O-glycoproteins play important biological roles including microbial protection and clearance processes, modulation of cell–cell interactions, inflammation, immunity, tumorigenesis and metastasis (Hollingsworth and Swanson, 2004; Brockhausen, 2006; Gill et al. 2011). The GalNAc-type O-glycosylation pathway requires a complex set of enzymes localized in the Golgi apparatus. The initial step involves the transfer of α -D-GalNAc from the sugar donor (UDP-GalNAc) to Ser or Thr (and possibly Tyr) residues of acceptor protein substrates, catalyzed by members of the large polypeptide GalNAc-transferase (GalNAc-T) family (EC 2.4.1.41) (Bennett et al. 2012). Subsequent elongation of the GalNAc residue yields different “core” structures that may be further modified by the stepwise action of other Golgi glycosyltransferases, resulting in a diversity of O-glycan structures (Tarp and Clausen, 2008). It is increasingly becoming clear that most proteins trafficking the secretory pathway are O-glycosylated (Steentoft et al. 2013), and isolated O-glycosylation sites may serve highly specific roles in regulation of protein functions (Schjoldager and Clausen, 2012).

There are up to 20 distinct GalNAc-T isoforms in humans (Bennett et al. 2012). The members of the GalNAc-T family differ in both their enzymatic substrate specificity and their cell and tissue expression. The transcripts of GalNAc-T1 and T2 are most widely expressed, whereas other isoforms display more restrictive tissue expression profiles. GalNAc-T isoforms are differentially expressed spatially and temporally during development, growth and maturation (Kingsley et al. 2000; Young et al., 2003), and the expression pattern often changes with malignant transformation (Mandel et al. 1999; Kohsaki et al. 2000; Shibao et al. 2002; Gu et al. 2004; Ishikawa et al. 2004; Miyahara et al. 2004; Yamamoto et al. 2004; Landers et al. 2005; Berois et al. 2006a; Inoue et al. 2007; Wu et al. 2010).

Members of the GalNAc-T family (except GalNAc-T20) are structurally unique among metazoan glycosyltransferases because they possess a two-domain architecture consisting of a membrane-tethered catalytic domain attached via a short flexible linker to a C-terminal ricin-like lectin domain (Fritz et al. 2006; Bennett et al. 2012). The lectin domains bind GalNAc and promote secondary GalNAc addition on neighboring positions in a peptidic sequence (Wandall et al. 2007a; Pedersen et al. 2011), modulating and improving the glycosylation of glycopeptide substrates (Raman et al. 2008; Gerken et al. 2013; Lira-Navarrete et al. 2015). Although most isoforms can glycosylate both naked peptides and glycopeptides (Hagen et al. 1997; Wandall et al. 1997; Nehrke et al. 1998), GalNAc-T4 (Bennett et al. 1998) and T12 (Bennett et al. 2012) exhibit preferential, and T7 (Bennett et al. 1999a), T10 (Cheng et al. 2002, Perrine et al. 2009) and T17 (Peng et al. 2010) exclusive GalNAc-peptide substrate specificities. These activities have been further elaborated in our recent study with random glycopeptide libraries (Revedo et al. 2016). Thus, the regulation of the O-glycoproteome and the sites and patterns of O-glycan decoration of individual glycoproteins depend on the expression of individual GalNAc-T isoforms in a given cell.

The large number of GalNAc-Ts controlling the initiation step of mucin-type O-glycosylation may be expected to provide substantial biosynthetic redundancy, and early studies of *Galnt*-deficient mice did not produce obvious phenotypes (Marth, 1996; Lowe and Marth, 2003). However, individual GalNAc-T isoforms serve non-redundant unique and essential cellular functions conserved through evolution (Schwientek et al. 2002; Tran et al. 2012). Nevertheless, we have only begun to understand the role of individual GalNAc-T isoforms, and most of the isoforms with more restricted expression patterns are poorly understood.

GalNAc-T13 is such an isoform with highly restricted expression in the nervous system (Zhang et al. 2003). It was recently shown that it contributes to the neuronal differentiation through glycosylation and stabilization of podoplanin (Xu et al. 2016). This isoform is highly homologous and considered to be a close paralog (subfamily member) of ubiquitous GalNAc-T1 (Bennett et al. 2012). Close paralogs of GalNAc-Ts have been found to have essentially identical peptide substrate specificities as determined by in vitro analysis (Bennett et al. 1999b; Gerken et al. 2008). However, it was previously reported that GalNAc-T13 differs in peptide substrate preferences from GalNAc-T1, and in particular with respect to important substrates such as Syndecan (Zhang et al. 2003). We are interested in GalNAc-T13 because of its potential involvement in cancer biology (Berois et al. 2006b; Matsumoto et al. 2012; Matsumoto et al. 2013; Nogimori et al. 2016). Using microarray gene expression analysis in a metastatic xenograft-derived cell model of human neuroblastoma (so-called IGR-N-91), we found that *GALNT13* was the most strongly up-regulated gene (12-fold) in metastatic malignant neuroblasts compared with primary tumor xenograft (Berois et al. 2006b). Moreover, we found that *GALNT13* expression in bone marrow is a strong predictor of poor clinical outcome in neuroblastoma patients (Berois et al. 2006b). However, *Galnt13* was also identified as an up-regulated gene in high metastatic mouse lung cancer cell lines (Matsumoto et al. 2012). In this case, the molecular basis of aggressive behavior was explained by GalNAc-T13 leading to formation of trimeric Tn antigen on syndecan-1 (Matsumoto et al. 2013). Recently, high expression of GalNAc-T13 was also demonstrated in human lung cancer and this was correlated with poor prognosis, suggesting that this enzyme may represent a prognostic factor (Nogimori et al. 2016). In contrast, *GALNT13* was also identified as one of the genes that are most down-regulated in high-grade glioma-derived tumor progenitor cells relative to their low-grade counterparts (Auvergne et al. 2013). Another interesting feature of GalNAc-T13 is the existence of alternatively spliced variants that can produce protein products. Recently two splice variants were reported, one with an incomplete (GalNAc-T13-V2) and inactive catalytic domain and the other with an alteration of the latter half of the lectin domain (GalNAc-T13-V1) (Raman et al. 2012). In this study, we report a comprehensive comparative substrate specificity analysis of GalNAc-T13 and its close paralog GalNAc-T1 using a large panel of unbiased peptide substrates and demonstrate that the two isoenzymes have essentially the same catalytic properties as evaluated by in vitro assays with peptide substrates. We further report the identification and initial characterization of nine *GALNT13* splice variants.

Results

Comparative analysis of the substrate specificities of GalNAc-T13 and T1

We first probed the glycosylation capacities of the two isoforms with a small panel of peptide substrates including different syndecan-3-derived peptides (Table I). We found no difference in their in vitro activity towards these substrates using time course assays (Table II). For a more global comparison, we used a large panel of 180 peptide substrates that represent a more unbiased selection of O-glycosites identified in human cancer cell lines using the so-called SimpleCell strategy (Steentoft et al. 2013). We previously analyzed 10 GalNAc-T isoforms including GalNAc-T1 with some of these substrates, and identified both redundant and GalNAc-T isoform-specific substrates (Kong et al. 2015). The peptide assays were monitored using time course (0 h, 4 h and overnight aliquots) product development assays by matrix assisted laser desorption/ionization time-of-flight (MALDI-TOF) MS, which enables semiquantitative evaluation of the rate of reactions as well as the number of GalNAc residues incorporated (Bennett et al. 1998; Hassan et al. 2000). In contrast to previous studies (Zhang et al. 2003), we found virtually complete concordance between substrate utilization of GalNAc-T13 and GalNAc-T1 (Supplementary data, Table SI). Specifically, the same (except for a C-terminal carboxyfluorescein (FAM) tag) SDC106 peptide used previously (Zhang et al. 2003) was glycosylated by both enzymes at same velocity and with same number of sites incorporated. The same was found with two other peptides derived from the syndecan-3 molecule (SDC3a and SDC3b) (Table II).

The specificity of human GalNAc-T1 (and several other human GalNAc-Ts and *Drosophila* PGANTs) has been previously characterized using a series of oriented random peptide substrates libraries (Gerken et al. 2006; Gerken et al. 2008; Gerken et al. 2011). To extend the comparison between GalNAc-T1 and T13, we also determined the peptide substrate specificity of GalNAc-T13 using the same procedures (see Figure 1 and Supplementary data, Figures S1 and S2). The results show, with only a few exceptions, near-identical peptide substrate preferences of the catalytic domains of these two isoforms. This was expected as the peptide binding site residues of the catalytic domains of GalNAc-T1 and T13 share 96–100% sequence identity, while their entire catalytic domains are 88% identical (Gerken et al. 2008). In contrast, we have previously reported that these two isoforms exhibit slightly different lectin domain mediated glycopeptide

Table I. Partial list of the synthetic peptides used in this study

Peptide	Sequence	MW ^a	S+T
MUC1-b	TRPGSTAPPAC	1057.1	3
IgAh	VPSTPTTPSPSTPTTPSPSK	1959.1	9
SDC106	AVSTTPAVLK	986.1	3
MUC7	APPTPSATTTPAPSSSAPPETAA	2204.3	9
Carl2	LSESTTQLPGGGPGCA	1474.6	4
SDC3a	VATARAATTPEASPPTTAAVLDTEAP	2535.8	7
SDC3b	APTPLVSTATSRPRALPR	2047.4	5
FGF23a	IHFNTPIPRRHTRSAEDD	2162.3	3
FGF23b	PIPRRHTRSAEDD\$SERDP	2134.2	3
ANGPTL3	KPRAPRTTPFLQ	1411.7	2
HCPitb	PRFQDSSSSKAPP\$LPSPRLPG	2492.7	7
HCHIV	IRIQRGPGRAFVITIGKIGNM	2184.6	1
GMCSF	APARSPSPSTQPWEHV	1746.9	4
CD59	WKFEHCNFNDVTTTLRENEL	2551.8	2

^aMolecular weight.

Table II. Time course GalNAc-T assay monitored by MALDI-TOF^a

Enzyme	Assay time (h)	IgAh	MUC1-b	MUC7	CARL2	SDC106	SDC3a	SDC3b	FGF23a	FGF23b	ANGPTL3	HCPitb	HCHIV	GMCSF	CD59
GalNAc-T1	1	2 (0-1, 3)	0 (1)	1 (0, 2)	0 (1)	0 (1)	0 (1-2)	0 (1)	0 (1)	0	0	0	0	0	0
	4	3 (0-2, 4-5)	0 (1)	2 (0-1, 3-4)	0 (1)	0 (1)	0 (1-3)	0 (1)	0 (1)	0	0	0	0	0	0
	24	4 (3, 5-6)	1 (0)	4 (1-3, 5)	1	1 (0, 2)	4 (0-3, 5-6)	1 (0, 2-3)	0 = 1	0	0	0	0	0 (1)	0
GalNAc-T13	1	2 (0-1, 3)	0 (1)	2 (0-1, 3)	0 (1)	0 (1-2)	0 (1-2)	0 (1)	0 (1)	0	0	0	0	0 (1)	0
	4	2 = 3 (0-1, 4)	0 = 1	2 (0-1, 3-4)	0 (1)	0 (1-2)	0 (1-2)	0 (1-2)	0 (1-2)	0	0	0	0	0 (1)	0
	24	5 (2-4, 6-7)	1 (0, 2)	4 (1-3, 5-6)	1 (0)	1 (0, 2)	4 (0-3, 5-6)	1 (0, 2)	0 (1-2)	0	0	0 (1)	0	0 (1)	0 (1)
GalNAc-T13-Δ39pEx9	1	0	0	0 (1)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	4	0 (1)	0 (1)	0 (1)	0	0	0 (1)	0	0	0	0	0	0	0	0
	24	0 (1-2)	0 (1)	1 = 2 (0, 3-4)	0	0	0 (1-2)	0	0 (1)	0	0	0 (1)	0	0 (1)	0
GalNAc-T13-Ex10b	1	2 (0-1, 3)	0 (1)	1 (0, 2-3)	1 (0)	0 (1)	0 (2, 4)	1 (0, 2)	0 (1-3)	0	0	0	0	0 (1)	0
	4	3 (2, 4-5)	0 (1)	2 (0-1, 3-5)	1 (0)	1 (0)	1 (0, 2)	1 (0, 2)	1 (0, 3-4)	0	0 (1)	0	0	0 (1)	0
	24	5 (3-4, 6)	1 (0, 2)	5 (3-4, 6)	1 (0)	1 (0, 2)	0 (1-4)	1 (0, 2)	1 (0, 3-4)	0	0 (1)	0	0	1 (0, 2)	0

^aThe numbers inside each cell correspond to the number of GalNAcs incorporated in the major product. The other products, also present in the reaction mixture, are shown in brackets.

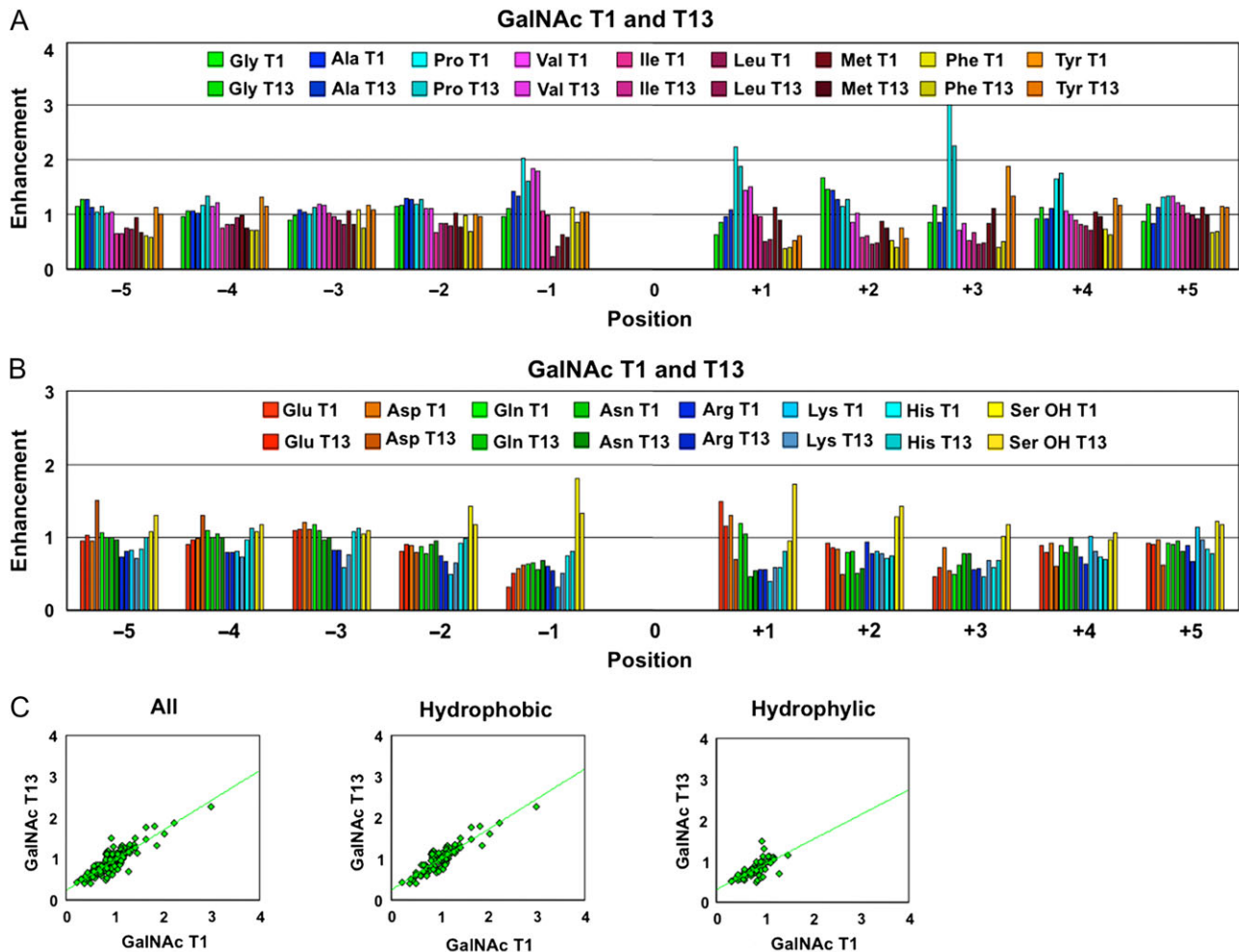


Fig. 1. Plots of the peptide substrate preferences of GalNAc-T1 and T13 obtained from random peptide substrates, showing their near-identical catalytic domain peptide substrate specificity of these transferases. Comparison plots of the hydrophobic (A) and hydrophilic (B) amino acid (AA) residue enhancement values for GalNAc-T1 and T13. (C) The enhancement values for GalNAc-T13 plotted against those for GalNAc-T1 for all residues (left panel, $r^2 = 0.75$), the hydrophobic residues (middle panel, $r^2 = 0.81$) and the hydrophilic residues (right panel, $r^2 = 0.49$). Note that in A and B position 0 represents the glycosylated Thr in the random peptide substrates as described in the Materials and Methods section. Enhancement values greater than 1 suggest that the transferase has a high preference for the residue, while values significantly less than 1 suggest that the residue exerts an inhibitory effect on the transferase. See Supplementary data (Figures S1 and S2) for the comparison of individual AA residue preferences and their standard deviations. Data for GalNAc-T1 was taken from Gerken et al. (2011). This figure is available in black and white in print and in color at Glycobiology online.

substrate preferences against a series of unique random glycopeptide substrates (Gerken et al. 2013). Again this difference may be consistent with the determination that GalNAc-T1 and T13 lectin domains possess a lower sequence identity of 83% (Gerken et al. 2008).

Identification of novel GalNAc-T13 splice variants

Amplification of the 3' coding region of *GALNT13* transcripts in different cell lines revealed more products than expected (Figure 2A). Cloning and sequencing identified these transcripts as alternative splice variants. Therefore, we designed a procedure for exhaustively screening new transcripts (Figure 2B). This method consisted in cloning the entire coding region, amplification by colony PCR, digestion with restriction enzymes and sequencing. We studied more than 300 clones and were able to identify 9 of the most represented *GALNT13* splice variants present in the IGR-N-91 BM neuroblastoma cell line (Figure 2C). The sequences of each

of the variants have been submitted to GenBank. The most abundant form (55% of the clones) with 11 exons was previously identified (Zhang et al. 2003). The second most abundant mRNA (approximately 10% of the clones) incorporates a new exon between exon 10 and 11 (named GalNAc-T13 Ex10b), and it has been previously reported and partially characterized (GalNAc-T13-V1) (Raman et al. 2012). This new exon is evolutionarily conserved, at least in higher mammals like dog (99%), chimpanzee (100%), mice (97%), rat (100%) and hamster (87%), but it is not present in human *GALNT1*. Exon 10b has a stop codon at its 3' end, so exon 11 is not included in the final protein. Therefore, this variant encodes an enzyme with a new gamma repeat at the lectin domain, as Ex10b conserves the disulphide-bonded cysteine residues and the QXW motif present in each carbohydrate-binding subdomain (Figure 3). In addition to GalNAc-T13 Ex10b, we found two other well-represented mRNAs that also differ in the sequence that encodes the lectin domain, one lacking the entire 9th exon (GalNAc-T13 Δ Ex9) and another lacking

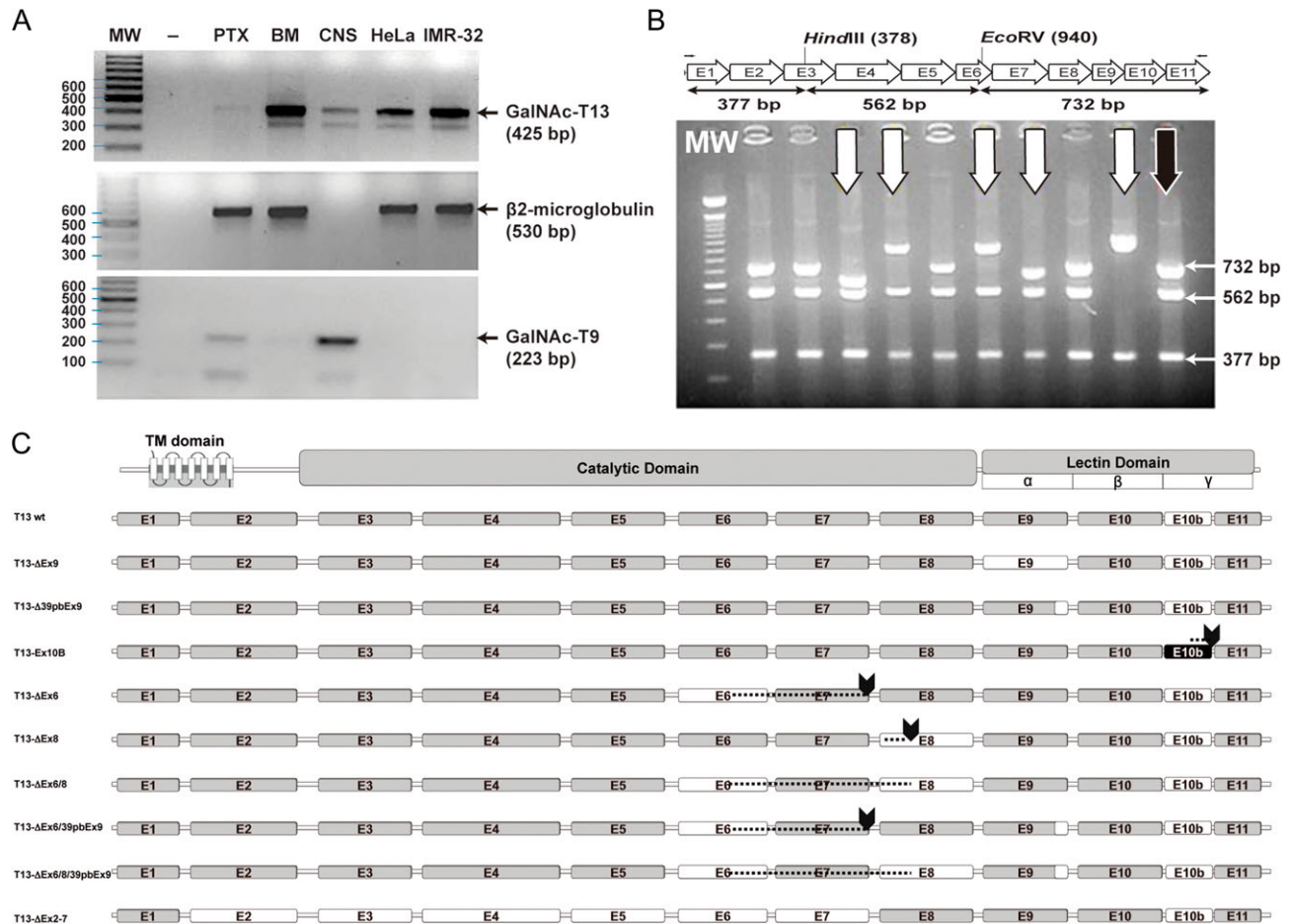


Fig. 2. GalNAc-T13 splice variants. **(A)** Reverse transcription-polymerase chain reaction (RT-PCR) was performed with GalNT13_Fw and T13_XhoI_Rev primers on four different cancer cell lines and on human brain tissue. Several bands of unexpected size were observed after ethidium bromide gel staining. MW: molecular weight (100 bp DNA ladder); -: negative control (water); IGR-N-91 PTX: neuroblastoma cell line derived from a primary tumor; IGR-N-91 BM: metastatic neuroblastoma cell line; CNS: central nervous system tissue (brain); HeLa: cervical cancer cell line; IMR-32: neuroblastoma cell line. The β 2M (β 2-microglobulin) gene was amplified to verify cDNA quality (except for CNS, where we used GalNAc-T9 as a control). **(B)** Screening of GalNAc-T13 splice variants by colony PCR. Splice variants were screened by RT-PCR with T13_XhoI_Fw and T13_XhoI_Rev primers. The product was cloned into the pGEM-T Easy plasmid and analyzed by colony PCR and digestion with restriction enzymes *Hind*III and *Eco*RV. The expected product sizes were 732, 562 and 377 bp. In the illustrative gel (representative gel of 9 of more than 300 analyzed clones), the black arrow indicates digestion products of the previously characterized positive control (pGEM-T with the GalNAc-T13 coding region, confirmed by sequencing), whereas the white arrows mark clones with alternative digestion patterns. These clones were subsequently analyzed by sequencing. **(C)** Exon organization of the newly identified GalNAc-T13 splice variants. The transmembrane (TM), catalytic and lectin domains of GalNAc-Ts are indicated, as well as the three lectin subdomains α , β and γ . The amino acid (AA) extension of each variant is indicated on the right. Skipped exons are shown in white, Ex10b is shown in black and stop codons are marked by arrows. Dashed lines indicate regions where exon skipping introduces a change in the reading frame, resulting in a different AA sequence.

the first 39 bp of the same exon (GalNAc-T13 Δ 39bpEx9) (Figure 2C). The GalNAc-T13 Δ Ex9 lacks the entire α repeat of the lectin domain. Additionally, we also identified low-frequency mRNAs encoding proteins with important deletions in the catalytic domain, probably reflecting errors in the splicing machinery, as the ones that have premature termination codons, like GalNAc-T13 Δ Ex6 and GalNAc-T13 Δ Ex8, both lacking the lectin domain in the definitive protein. In contrast, we identified a splice variant lacking exon 6 and 8 (GalNAc-T13 Δ Ex6/8), which encodes an enzyme with a complete lectin domain (Figure 2C). We also found an mRNA that lacks all the exons between the 2th and the 7th (GalNAc-T13 Δ Ex2-7), thereby missing the entire catalytic domain in the final protein. This mRNA could encode a new “lectin” like protein (Figure 2C). There are also other two variants present, GalNAc-T13 Δ Ex6/39pbEx9 and GalNAc-T13 Δ Ex6/8/39pbEx9. GalNAc-T13 Δ Ex6/39pbEx9 encodes the same protein as the Δ Ex6

variant and the Δ Ex6/8/39pbEx9 encodes the same protein as the Δ 6/8 variant but with a different lectin domain.

Functional analysis of GalNAc-T13 splice variants

Of the nine GalNAc-T13 splice variants identified, we selected the ones differing in the lectin domain (Δ 9, Δ 39pbEx9 and Ex10b) for analysis. We could not obtain a pure and active Δ Ex9 enzyme, as it was not effectively secreted in insect cells likely due to early degradation. Nevertheless GalNAc-T13, Ex10b and Δ 39pbEx9 variants were effectively expressed. The enzymes were purified to apparent homogeneity and evaluated at equal concentrations by in vitro glycosylation assays. We found variant Δ 39pbEx9 largely inactive. The Ex10b variant was active similarly to wild-type (wt) GalNAc-T13 using a small panel of peptides (Table II), in agreement with a

T 1	429:FSLGEIRNVETNQ CL DNMARKENEKVGIFN CH GMGGN QV FSYTA	α
T13	428:YSLGEIRNVETNQ CL DNMRKENEKVGIFN CH GMGGN QV FSYTA	
T 1	473:NKEIRTD CL DVSKLNGPVTMLK CH HLLKGN QL WEYDPV	β
T13	471:DKEIRTD CL DVSRNLNGPVIMLK CH HMRGN QL WEYDAE	
T 1	512:KLTLQHVS NQ CLDKAT-EEDSQVPSIRD C NGSRS Q WLLRN VT LPEIF*	γ
T13	511:RLTLRHVS NQ CLDEPS-EEDKMVPT MQ CSGSRS Q WLLRN MT LGT*	
T13Ex10B	511: <u>THTLLHIITQCLSVNKVADGSQHPTVETCNDSTLQWLLRNYTRME</u>	
T13Ex10B	561: <u>IFRNIFGNSTDIIL*</u>	

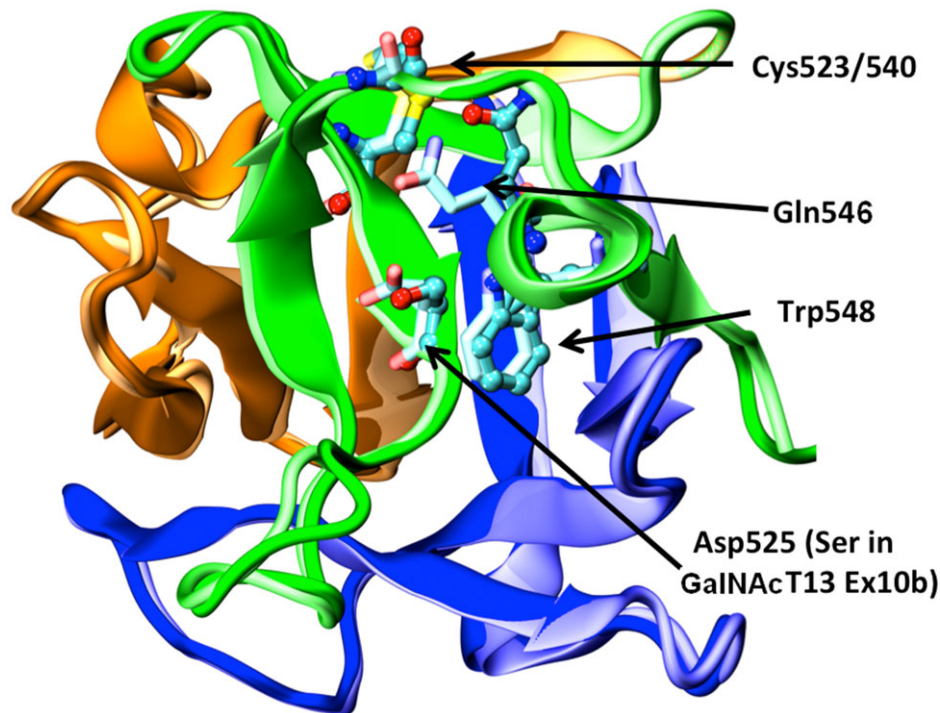


Fig. 3. Structural model of GalNAc-T13 Ex10b. Top: sequence alignment of GalNAc-T1, GalNAc-T13 and GalNAc-T13 Ex10b in the region comprising the lectin domain. Each colored panel represents from top to bottom the three α , β , and γ -lectin subdomains. Identical residues in the GalNAc-T family are shown in red, whereas highly conserved residues are shown in green. Bold letters indicate putatively unstructured regions of the protein. Asterisks indicate the C-terminal end of the protein. Notice that the change in sequence introduced by Ex10b coincides with the beginning of the γ -subdomain. Bottom: structural superposition of the lectin domains of GalNAc-T1 (pale colors) and a homology model of Ex10b (vivid colors) looking in the direction of the γ -lectin subdomain sugar binding site. The cartoon is colored according to subdomains with the conserved residues displayed as sticks for GalNAc-T1 and balls and sticks for GalNAc-T13/Ex10b. Numbers correspond to GalNAc-T1 residues. This figure is available in black and white in print and in color at Glycobiology online.

previous report (Raman et al. 2012). We further tested (Figure 4) the Ex10b variant against a series of random GalNAc-glycopeptide substrates to probe its lectin function as previously described (Gerken et al. 2013; Revoredo et al. 2016). The results indicate there is no difference in the lectin domain utilization of the Ex10b variant lectin domain compared to wt GalNAc-T13 (Figure 4B and C) with both N- and C-terminal glycopeptides being nearly equally utilized (Figure 4D). This finding is consistent with prior studies on GalNAc-T13 (Gerken et al. 2013). Note, however, that with the same glycopeptide substrates, GalNAc-T1 exhibits a several fold elevated preference for the C-terminal glycopeptide (GP(T*22)R) over the N-terminal glycopeptide (GP(T*10)L) that is significantly different from that observed for GalNAc-T13 (Gerken et al. 2013).

Structural analysis

To gain structural insights on the role of the different splice variants, we undertook a structural analysis of GalNAc-T1 and the differences with GalNAc-T13. The few non-conservative sequence variations encountered between both isoforms correspond to solvent exposed, looped regions of the GalNAc-T1 structure (Figure 5). Mapping the sequence of the splice variants characterized in this work on the structure of GalNAc-T1 indicates that Δ Ex9 and Δ 39bpEx9 variants result in mRNA segments coding for proteins with partial incomplete lectin domains and is very unlikely that these variants may display properly folded lectin domains.

Variants Δ Ex6, Δ Ex8, Δ Ex6/8, Δ Ex6/39bpEx9 and Δ Ex6/8/39bpEx9 result in incomplete or severely modified proteins. In

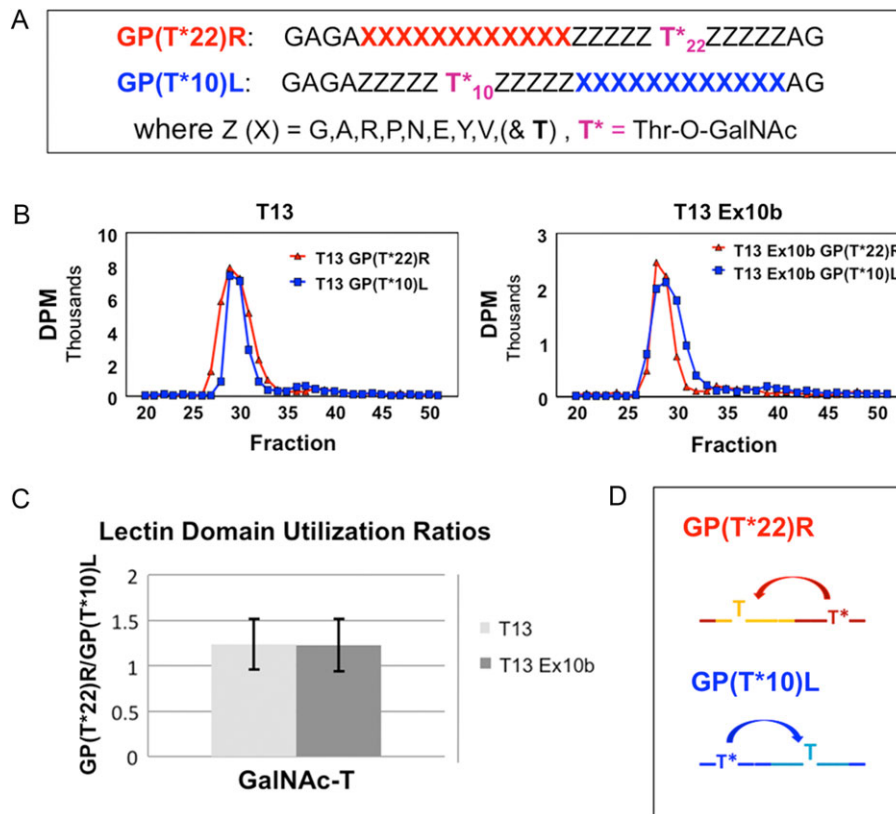


Fig.4. Comparison of the lectin domain of GalNAc-T13 and its lectin domain splice variant GalNAc-T13 Ex10b. **(A)** Sequences of the N- and C- terminal lectin domains probing glycopeptide substrates (Gerken *et al.* 2013; Revoredo *et al.* 2016). **(B)** Representative gel filtration analysis of the reaction products, demonstrating highly similar substrate utilization for both GalNAc-T13 and GalNAc-T13 Ex10b. **(C)** Ratio of the utilization of substrate GP(T*22)R over GP(T*10)L for GalNAc-T13 (light gray) and GalNAc-T13 Ex10b (dark gray) (average values based on six and eight determinations, respectively, with error bars representing the standard deviation). **(D)** Schematic representation of the lectin domain probing activities of GP(T*22)R and GP(T*10)L. This figure is available in black and white in print and in color at Glycobiology online.

particular all variants involving the skipping of exon 6 introduce a shift in the reading frame resulting in relatively large segments of modified amino acid (AA) sequence (Figure 2C). The variant Δ Ex2-7 produces a sequence spanning only the last region of the catalytic domain and the entire lectin domain. Therefore, this variant would not possess any catalytic activity but is predicted to retain its capability to bind sugars groups. However, the functional significance of this is uncertain.

Perhaps the most interesting case is the Ex10b variant with a novel gamma subdomain in the lectin domain (Figure 2C). The conserved cysteines and aromatic residues required for the folding of the lectin domain remain unchanged (a partial alignment against GalNAc-T1 and T13 is shown in Figure 3). The most relevant modification in the gamma subdomain regards the substitution of a (not absolutely) conserved solvent exposed Aspartic acid mutated into Serine (Figure 3). This is in line with the identical lectin activity found for this variant and wt GalNAc-T13 (Table II and Figure 4).

Detection of GalNAc-T13 splice variants mRNA in cell lines and neuroblastoma tumors

We investigated the expression of GalNAc-T13 splice variants in IGR-N-91 BM, IGR-N-91 PTX, IMR-32 and HeLa cell lines, using a set of primer pairs designed specifically for each variant (primer sequences are available from the authors upon request). This analysis was positive for all variants in metastatic IGR-N-91 BM cell line, while no

variants were detected in primary tumor IGR-N-91 PTX cell line (Figure 6). All the other assessed cell lines expressed all the splice variants. Most of the splice isoforms were detected in normal human brain (CNS), except the Δ 6/8-39bpEx9 variant (Figure 6). In order to determine if splice variants are present in clinical samples, we analyzed 17 primary neuroblastoma tumors. We found GalNAc-T13 Δ Ex9 in 16/17 tumors, GalNAc-T13 Δ 39bpEx9 in 5/17 tumors, GalNAc-T13 Ex10b in 16/17 tumors and GalNAc-T13 Δ Ex6/8 in 5/17 cases.

Discussion

The large human family of 20 GalNAc-T isoenzymes comprises many close paralogs that have been classified into several subfamilies based on their sequence homology and peptide/glycopeptide substrate preferences (Bennett *et al.* 1999b; Bennett *et al.* 2012). It is therefore expected that members within a subfamily would have similar enzymatic properties (Bennett *et al.* 1999b; Bennett *et al.* 2012). Here we analyzed subfamily Ia, defined by the GalNAc-T1 and T13 isoenzymes, exhibiting an overall AA sequence identity of 84.3% and an identical genomic organization with complete conservation of exons structure/architecture (Bennett *et al.* 2012). Testing the largest unbiased peptide substrate library studied to date, including a random peptide library and a large panel of peptides designed from a set of O-glycoproteins identified from our SimpleCell O-glycoproteome strategy (Stentoft *et al.* 2013), we demonstrate that the in vitro peptide substrate specificities of the two

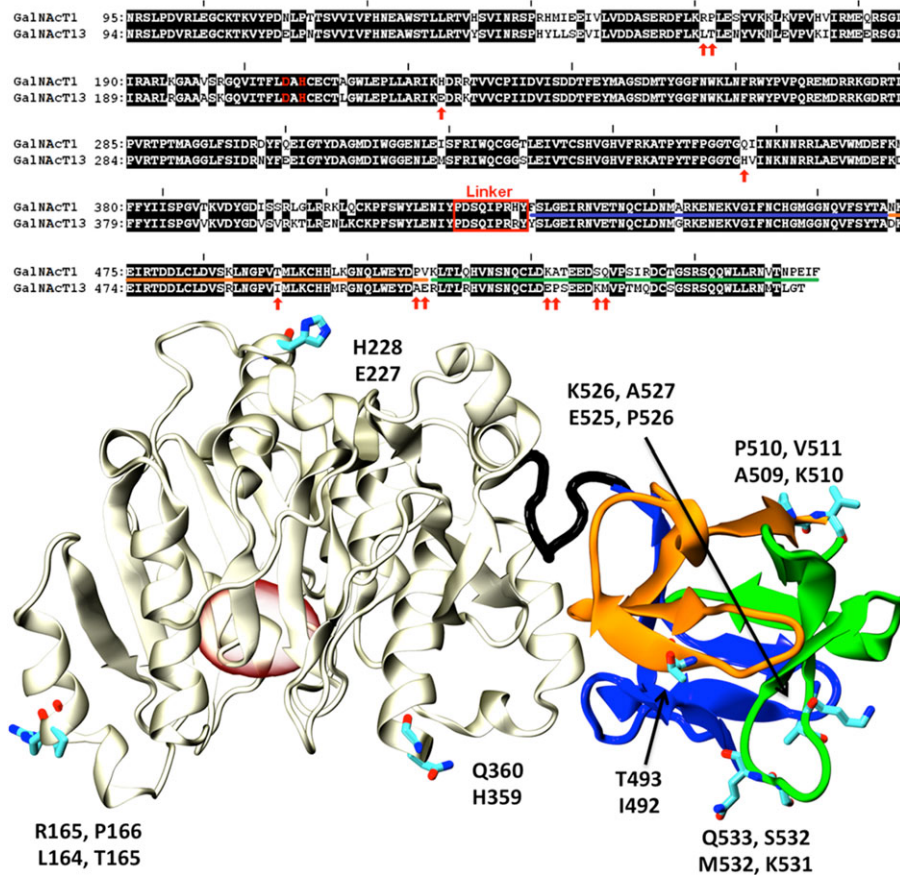


Fig. 5. Comparison of GalNAc-T1 and T13. Top: Sequence alignment of GalNAc-T1 and T13. Non-identical residues are presented as black letters on a white background. Non-conservative substitutions are indicated with red arrows. The linker region connecting the catalytic and lectin domains is indicated with a red rectangle. The catalytic dyad is displayed in red letters. Underlined amino acids (AAs) indicate the α , β and γ subdomains (colors according to Figure 3). Bottom: Cartoon representation of the X-ray structure of GalNAc-T1 (PDB id:1XHB (Fritz et al. 2004)). The catalytic domain is shown in gray, while the α , β and γ lectin subdomains are colored as in Figure 3. AAs indicated with red arrows in the alignment are displayed as sticks and labeled (top and bottom residues correspond to T1 and T13, respectively). The position of the active site is indicated with a red oval for reference. This figure is available in black and white in print and in color at Glycobiology online.

isoenzymes are essentially indistinguishable in contrast to previous reports (Zhang et al. 2003). We furthermore confirmed previous reports of an alternative coding exon in *GALNT13* not found in *GALNT1* that produce a functional enzyme with an alternative sequence in the gamma domain of the C-terminal lectin (Raman et al. 2012). This splice variant nevertheless possessed identical glycopeptide specificity as the wt GalNAc-T13. We also identified and further characterized an additional number of splice variants of GalNAc-T13 that did not reveal functional consequences. Thus, the two subfamily Ia isoenzymes, GalNAc-T1 and T13, appear to be functionally indistinguishable except for their different cell and tissue expression patterns. Indeed, *GALNT1* and T13 genes are so similar that the first attempt to knock out the murine *Galnt1* gene resulted in the knock out of T13 (Hennet et al. 1995). While the GalNAc-T isoforms in such subfamilies are predicted to share near-identical catalytic properties (Bennett et al. 1999b), it was previously reported that GalNAc-T13 exhibited unique substrate specificity compared to GalNAc-T1 against multiple acceptor peptides derived from Syndecan-3 and MUC7 (Zhang et al. 2003). In this study, we used a very large panel of peptide substrates, including the same peptide design from Syndecan-3 and a similar design from MUC7 for direct comparison, and found no evidence for differences in kinetic properties between GalNAc-T13 and T1 (Table II). The discrepancy in the

activities against the Syndecan-3 and MUC7 peptides are most likely due to differences in assay conditions, as Zhang et al. (2003) utilized N- and C-terminal fluorophore-labeled peptide substrates and immobilized FLAG-tagged transferases that could affect the results. We have previously identified one significant difference in the properties of GalNAc-T1 and T13, in that the N- and C-terminal orientation of their remote glycopeptide substrates preferences differed. GalNAc-T1 preferred GalNAc-glycopeptide substrate sites with GalNAc residues positioned ~6 to ~17 residues N-terminal of the site of glycosylation, while GalNAc-T13 equally preferred N- and C-terminal GalNAc residues (Figure 4) (Gerken et al. 2013). Thus, the lectin domains of GalNAc-T1 and T13 that exhibit the highest degree of sequence dissimilarity appear to possess different glycopeptide specificities.

While in vitro enzyme analysis of this class of enzymes with peptide substrates has long been considered representative of the properties with whole protein substrates as well as in vivo (Bennett et al. 2012), we have recently discovered an example where this is not the case. Human GalNAc-T11 is the only isoform capable of glycosylating the low-density lipoprotein receptor (LDLR) in its ligand-binding region, where the short linker regions between the LDLR class A repeats contain a highly conserved O-glycosite (Steenfot et al. 2013; Pedersen et al. 2014). This unique function was verified ex vivo in an

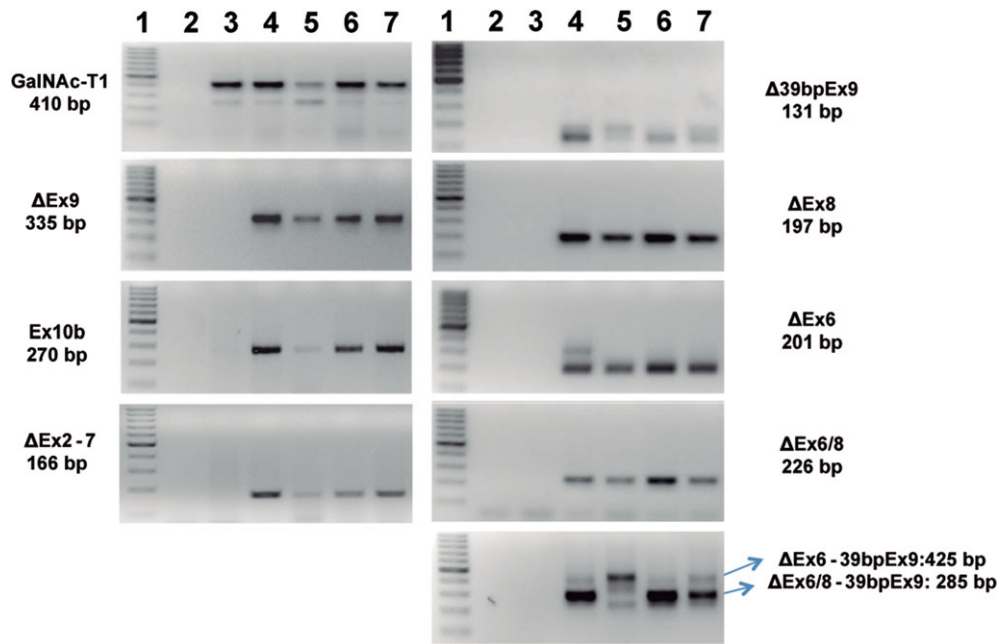


Fig. 6. Reverse transcription-polymerase chain reaction of the splice variants in four different cancer cell lines and in normal brain tissue. 1: molecular weight (100 bp DNA ladder), 2: negative control (water), 3: IGR-N-91 PTX (neuroblastoma cell line derived from a primary tumor), 4: IGR-N-91 BM (metastatic neuroblastoma cell line), 5: central nervous system tissue (brain), 6: HeLa and 7: IMR-32. The quality assessment of each cDNA is shown in Figure 2A. This figure is available in black and white in print and in color at Glycobiology online.

isogenic cell model system with and without expression of GalNAc-T11 as well as with *in vitro* glycosylation assays with a recombinant reporter protein expressed in *E. coli* containing the ligand-binding region of LDLR with multiple folded LDLR class A repeats (Pedersen et al. 2014). We were, however, unable to demonstrate activity with short peptides covering the LDLR linker regions (Pedersen et al. 2014; Kong et al. 2015), suggesting that for some protein substrates, proper folding may be required for substrate recognition. Thus, it appears that identification of unique substrates at least for some GalNAc-T isoforms will require analysis of actual protein substrates. For this, we have developed a quantitative O-glycoproteomics strategy with isogenic cell models with and without a single GalNAc-T suitable to identify non-redundant contributions of the isoform to the O-glycoproteome (Schjoldager et al. 2015), and we will in future use this strategy to further explore potential differences in the cellular functions of GalNAc-T1 and T13 in a relevant cell line.

For now, it appears that the biological significance of the two GalNAc-T1 and T13 isoforms may lie in the differential regulation of expression in different cells and tissues. Although GalNAc-T1 is also expressed in the nervous system, more detailed studies are needed to evaluate overlap in specific compartments and cell types of the brain. Interestingly, *GALNT13* is one of the most dysregulated genes in gliomas (Auvergne et al. 2013). This scenario resembles that of the GalNAc-T3 and T6 subfamily isoforms, where T3 is widely expressed, while T6 is more restricted. Interestingly, in both these subfamilies, the isoforms with restricted expression (GalNAc-T6 and T13, respectively) have been found to be *de novo* expressed in cancer (Freire et al. 2006; Berois et al. 2006a; Wandall et al. 2007b; Gomes et al. 2009; Li et al. 2011; Matsumoto et al. 2012), suggesting they may serve yet unknown important functions related to cancer biology.

Studies of mouse models with deficiencies in *Galnt* genes have not in general provided support for major biological functions of the

many GalNAc-T isoforms. In particular, *Galnt13*^{-/-} deficient mice do not appear to exhibit specific phenotypic characteristics, although a somewhat surprising finding of altered expression of the truncated Tn O-glycan was reported in the brain (Zhang et al. 2003). In contrast, the *Galnt1*^{-/-} deficient mouse model was found to exhibit a bleeding disorder and alterations in different functions of the immune system (Tenno et al. 2007; Block et al. 2012), and this may be explained by lack of redundancy in expression of *Galnt1* and *t13* in affected tissues due to the brain-restricted expression of the latter gene. However, further studies are clearly needed to address this.

Alternative splicing is one of the main sources of proteomic diversity in multicellular eukaryotes (Nilsen and Graveley, 2010). The *GALNT* family of genes contains members with large complex organization and up to 16 coding exons, and in addition encodes two distinct functional folded domains with the C-terminal lectin domains. Thus, these genes may be exceptional with respect to alternative splicing and functional implications, and examples of splice variants of *GALNT14* and *T5* have been reported (Ten Hagen et al. 1998; Wang et al. 2003). Raman et al. recently reported two splice variants of *GALNT13*, one of each comprising an interesting novel exon that encodes a replacement of part of the lectin domain (GalNAc-T13-V1) (Raman et al. 2012). We further probed potential functional splice variants of *GALNT13* and identified a total of nine splice variants, including the GalNAc-T13-V1 variant (Raman et al. 2012), here designated GalNAc-T13-Ex10b. The GalNAc-T13 variant is particularly interesting because it originates as a result of alternative splicing with the use of a novel exon. There are other examples of glycosyltransferases variants derived through the use of different exons including human beta-galactoside alpha 2,6-sialyltransferase (ST6Gal-1) (Wang et al. 1993). In this case, three upstream exons are mutually exclusively utilized (exons Y+Z and exon X), resulting in two distinct populations of ST6Gal-1 mRNAs being synthesized. Tissue differences in ST6Gal-1 expression, at least

in part, are the result of the regulation of the gene by multiple and distinct promoter regions present in the different exons.

Raman et al. originally analyzed the substrate specificity of the GalNAc-T13 Ex10b variant showing unchanged activity with a panel of peptides and a decrease in K_m values with glycopeptide substrates (Raman et al. 2012). We did not find detectable differences using time course analysis that enables monitoring rate of incorporation of multiple GalNAc residues (Table II). The γ -domain of the GalNAc-T1 lectin domain was previously shown not to be important for the enzyme in vitro activity, while both the α and β domains were required for extensive glycosylation of an apomucin substrate assumed to include the GalNAc-glycopeptide activity function of the enzyme (Tenno et al. 2002). Regardless of the minor discrepancies in these results, it appears that the GalNAc-T13 Ex10b variant with its alternative γ -domain does not have major functional consequences. In contrast, the GalNAc-T13 variants Δ Ex9 and Δ 39Ex9, which lack 33 and 13 AA in the α -domain of their lectins, respectively, are inactive due to structural instability. This was clearly observed with the Δ Ex9 variant which could not be expressed in insect cells as a secreted protein, whereas the Δ 39Ex9 variant was secreted but had no detectable activity with the studied peptides. This may not be surprising, given the previous report that deletions in the γ , $\beta\gamma$ or $\alpha\beta\gamma$ subdomains or point mutations that affect cysteines and disulphide bond formations in rat GalNAc-T1 give rise to non-functional enzymes (Tenno et al. 2002). Nevertheless, it is important to make it clear that in other cases, GalNAc-Ts were effectively expressed without their lectin domains and they still retained their catalytic activity, at least with peptides (Fritz et al. 2006; Raman et al. 2008).

Due to the abundance of splice variants in higher eukaryotes, it is probable that many biological processes, including those that lead to tumor development, are regulated by the relative expression of the splice isoforms of multiple genes (Relógio et al. 2005). In agreement with this, we found that the normal brain expressed alternative transcripts of *GALNT13* in low levels as evaluated by our reverse transcription-polymerase chain reaction (RT-PCR) strategy, and in contrast a number of neuroblastoma cell lines studied expressed a complex and abundant set of alternative transcripts. The data presented here, however, do not suggest direct functional consequences. Recently, three GalNAc-T13 variants generated by differential exon usage were reported (Nogimori et al. 2016). None of them corresponds to the variants reported in this work, and no functional characterization was done. Nevertheless, they found that one variant has significant association with poor prognosis, while another one was related with a better prognosis in lung cancer patients. It will be important in future to evaluate if the splice variants identified here similarly may have prognostic value.

In summary, we conclude that the two close GalNAc-T paralogs of subfamily Ia, GalNAc-T13 and T1, have almost identical substrate specificities in contrast to previous reports by in vitro studies, and future in vivo studies are needed to explore potential distinct biological functions of these two isoforms. Our study confirmed that the lectin domain of GalNAc-T13 recognizes both N- and C-terminal remote prior GalNAc-glycosylation, which is not altered in the Ex10b splice variant but which differs from that of GalNAc-T1. Nevertheless, the main distinguishable feature between GalNAc-T1 and T13 is their strikingly different regulation and expression patterns. Thus, this subfamily resembles the GalNAc-T3/T6 subfamily, although clearly further studies are needed to evaluate the cellular functions as exemplified by studies of the GalNAc-T11 isoform.

Materials and methods

Cloning and expression of recombinant GalNAc-T variants

Expression of soluble secreted truncated GalNAc-T13 and splice variants in insect cells was performed based on a procedure previously reported (Bennett et al. 1999a). The pAcGP67 baculovirus expression constructs of the soluble coding region of the human GalNAc-T13 and the Δ Ex9, Δ 39bpEx9 and Ex10b variants were prepared starting with the cloning in pGEM-T of the different sequences using the primers T13_EcoRI_His_Fw and T13_XhoI_Rev (primer sequences are available from the authors upon request). A DNA sequence encoding a His-tag was included in the forward primer. Then, the plasmids and the BD BaculoGold™ pAcGP67 Baculovirus Transfer Vector (BD Pharmingen, San Diego, CA) were digested with EcoRI (New England Biolabs, Beverly, MA). The inserts were purified from a 1.5% agarose electrophoresis gel using the GFX PCR DNA and gel band purification kit (Amersham Pharmacia Biotech Inc., Piscataway, NJ). After quantifying the different purified fragments in a gel, using the Low DNA Mass Ladder (Invitrogen, Carlsbad, CA) as a standard, the ligation with the vector was done using the T4 DNA ligase (Invitrogen). The cloned vectors were analyzed by digestion and sequencing to discard the presence of any important mutation.

Plasmids pAcGP67-T13, pAcGP67-T13 Δ Ex9, pAcGP67-T13 Δ 39bpEx9 and pAcGP67-T13 Ex10b were co-transfected with BaculoGold™ DNA (BD Pharmingen), and recombinant baculovirus were obtained after two successive amplifications in Sf9 insect cells (Life Technologies, Gaithersburg, MD), according to the manufacturer's instructions. Amplified viruses were used for infection of High Five insect cells (Life Technologies) grown in Express Five® SFM (Gibco BRL, Rockville, MD) in upright roller bottles shaken 100 rpm at 26.5°C (cell density of approximately 2×10^5). Secreted, soluble recombinant proteins were harvested (centrifugation at 2000 \times g, 4°C, 10 min) and then the His tagged enzymes were affinity purified by Ni-NTA as previously described (Vester-Christensen et al. 2013). The samples were diluted in a 10 mM MES, 10 mM NaCl pH 5.8 buffer and were further purified by cation exchange chromatography using a Mono S 5/50 GL column (GE Healthcare, Buckinghamshire, UK) and eluting with a gradient of NaCl from 0.01 to 1 M in 20 CV. The presence of the enzymes in the different fractions and the corresponding purity were assayed by sodium dodecyl sulfate-polyacrylamide gel electrophoresis stained for proteins with Coomassie Blue R-250 and by western blot using an anti-His antibody. The fractions that contained the enzymes were pooled, and the activity was analyzed by standard GalNAc-transferase assays.

In vitro GalNAc-transferase assays

In vitro glycosylation assays were performed as product development assays in 25 μ L of buffer (25 mM cacodylic acid sodium, pH 7.4, 10 mM MnCl₂, 0.25% Triton X-100), 4 mM UDP-GalNAc (Sigma-Aldrich), 0.1 μ g of purified enzyme and 10 μ g of acceptor peptide (Schafer-N and NeoBioSci) (Table I and Supplementary data, Table SI). The reactions were left overnight at 37°C with gentle mixing. For time course evaluation, 1 μ L of the reaction mixtures were taken at 1, 4 and 24 h and analyzed by MALDI-TOF MS.

MALDI-TOF MS analysis

Evaluation of incorporation of GalNAc residues into peptide and glycopeptide substrates was performed by MALDI-TOF MS. Sampling of reactions (1 μ L) were diluted 10-fold in 0.1% TFA/H₂O and 1 μ L

mixed with 1 μ L of matrix. The matrix was 2,5-dihydroxybenzoic acid (25 mg/mL, Sigma-Aldrich) dissolved in a 1:1 mixture of methanol and water. Mass spectra were acquired on a 4800 MALDI TOF/TOF Analyzer mass spectrometer (Applied Biosystems/MDS Sciex, Concord, Canada). Recorded data were processed using the Data Explorer software.

Glycosylation of random peptide substrates and determination of transferase substrate specificity

Three oriented random glycopeptide libraries in the form of GAGAXXXXXTXXXXXAGA (where X = G,A,P,V,I,L,E,Q,R,H (PVI), G,A,P,I,M,F,D,N,R,K (PVII) or G,A,P,V,Y,E,N,S,R,K (PVIII)) were utilized to obtain the GalNAc-T13 catalytic domain specificity as described previously (Gerken et al. 2011). Briefly, reactions were carried out with 10 mM $MnCl_2$, 50 mM sodium cacodylate, pH 6.5, 1.3 mM 2-mercaptoethanol, 2 mM UDP-GalNAc (containing a total of 100 μ Ci UDP- $[^3H]$ -GalNAc), 1/100 dilution of Protease Inhibitor Cocktails P8340 and P8849 (Sigma-Aldrich), 0.003% sodium azide, 5 mg/mL random peptide substrate (~1.7 mM) and 50 μ L of GalNAc-T13 (~0.1 mg/mL) to a final volume of 250 μ L. Reactions were incubated overnight at 37°C and the glycopeptide products isolated as previously described (Gerken et al. 2011). The comparison of the Edman AA sequence analysis (ABI Procise 494) of the starting random peptide and the isolated random glycopeptide products revealed the so-called enhancement values (Gerken et al. 2011). Data for GalNAc-T13 were based on one to five determinations on each of the random peptide libraries and the data averaged (see Figure 1 and Supplementary data, Figures S1 and S2). Enhancement values represent the propensity of a particular AA residue type to be utilized by the transferase, where values greater than 1 suggest a high preference while values significantly less than 1 indicate a low preference, suggesting an inhibitory effect.

Cell lines and tissues

The neuroblastoma metastatic model, IGR-N-91, derived from an 8-year-old high-risk neuroblastoma patient, was obtained by in vitro culturing of malignant neuroblasts from the bone marrow and successive xenografts into nude mice, as previously described (Ferrandis et al. 1994). Sublines were established from primary tumor xenograft (IGR-N-91 PTX) and bone marrow metastasis (IGR-N-91 BM), and cultured in Dulbecco's modified Eagle's medium (DMEM) supplemented with 2 mMol/L L-glutamine, 1 mMol/L sodium pyruvate and 10% fetal bovine serum (FBS), at 37°C in a 5% CO_2 -humidified atmosphere. IMR-32 (another neuroblastoma cell line) and HeLa (cervical cancer cell line), obtained from ATCC (American Type Culture Collection, Rockville, MD), were cultured in the same conditions up to 80% confluence. Cells were washed with sterile phosphate buffered saline (PBS) and detached from monolayer culture using 0.05% trypsin in PBS at 37°C. Harvested cells in DMEM medium containing FBS were pelleted after centrifugation, washed with sterile PBS and then used for RNA extraction.

Primary neuroblastoma tumor tissues were obtained from patients of *Institut Gustave Roussy* (France) with the approval of the appropriate ethics committees and according to the national law of people taking part in biomedical research. Tumors were immediately snap-frozen before being stored in liquid nitrogen until nucleic acids extraction. The central nervous system sample was obtained from the surgery of a patient with brain injury.

Screening of GalNAc-T13 splice variants

Total RNA from cell lines and tissues was extracted with Tri-Reagent (Sigma-Aldrich), according to the manufacturer's instructions. First-strand cDNA was synthesized using 1 μ g of RNA with MMLV reverse transcriptase (Amersham, Piscataway, NJ). The reaction mixture consisted of 200 U of enzyme, 2 μ L of 10 mmol/L of each deoxynucleoside triphosphate (dNTP) and 1 μ L of 250 ng of random hexamers in a 20 μ L total reaction volume. After incubation at 37°C for 1 h, the mixture was heated at 96°C, snap-cooled and stored at -20°C until use. The RT-PCR was performed with a high-fidelity polymerase, Platinum pfx DNA polymerase (Invitrogen), and the T13_XhoI_Fw and T13_XhoI_Rev primers (primer sequences are available from the authors upon request). The PCR products were purified with the GFX PCR DNA and gel band purification kit (Amersham) and then cloned with the pGEM-T Easy Vector System I (Promega Corp., Madison, WI). Next, *E. coli* XL1 Blue were transformed and afterwards analyzed by colony PCR with the T13_XhoI_Fw and T13_XhoI_Rev primers. The PCR products were digested with *Hind*III and *Eco*RV and were evaluated by agarose electrophoresis. The clones that deviated from the theoretical pattern were sequenced.

GalNAc-T lectin domain specificity from random glycopeptide substrates

The lectin domain probing random glycopeptide substrates GP(T*22)R and GP(T*10)L (and their non-glycosylated controls GP(A22)R and GP(A10)L), whose sequences are given in Figure 4A, were utilized to compare the remote GalNAc-O-Thr glycopeptide specificity of GalNAc-T13 and GalNAc-T13 Ex10b as previously described (Gerken et al. 2013). Reactions were carried out using 68 mM sodium cacodylate, pH 6.5, 1.8 mM 2-mercaptoethanol, 10 mM $MnCl_2$, 50 μ M $[^3H]$ -UDP-GalNAc (~6 $\times 10^8$ DPM/ μ mol), 5 mg/mL (~1.5 mM) of substrates GP(T*22)R, GP(A22)R, GP(T*10)L and GP(A10)L and 100–150 μ L of GalNAc-T13 or GalNAc-T13 Ex10b (0.06–0.1 mg/ml) to a total reaction volume of 250–300 μ L. Reactions were incubated at 37°C and 50–80 μ L aliquots removed for analysis after incubating for 15 min, 45 min, 2 h, 4 h and overnight for wt GalNAc-T13 and due to limited transferase, 2 h, 4 h and overnight for GalNAc-T13 Ex10b. In all cases, reactions with wt GalNAc-T13 and GalNAc-T13 Ex10b were performed concurrently under identical reaction conditions. Glycopeptide workup and isolation was performed as described by Gerken et al. (2013), ending with chromatography on Sephadex G10. The lyophilized pooled glycopeptide fractions were taken up in 1 mL of H_2O and transferase activity quantified by $[^3H]$ -GalNAc content normalized to the 220 and 280 nm OD values. With this approach, any losses in peptide substrate during sample processing were corrected for by normalizing to the peptide OD values. The C-terminal/N-terminal random glycopeptide utilization ratios (GP(T*22)R/ GP(T*10)L) were obtained from these normalized values as shown in Figure 4C.

RT-PCR of GalNAc-T13 and the splice variants

The $\beta 2M$ ($\beta 2$ -microglobulin) gene was amplified to verify cDNA quality (except for CNS, where we used GalNAc-T9 as a control). Different RT-PCR reactions were optimized in order to amplify fragments of GalNAc-T13 and its splice variants, by means of a single round of 35 cycles for GalNAc-T13 and Ex10b variants and 40 cycles for the Δ Ex2-7 variant, or a nested PCR for Δ Ex6, Δ Ex8, Δ Ex9, Δ 39bpEx9, Δ Ex6/39bpEx9, Δ Ex6/8 and Δ Ex6/8/39bpEx9 variants (primer sequences are available from the authors upon request). For wt GalNAc-T13 amplification, 1 μ L of cDNA was

added to a final volume of 25 μ L of a PCR mixture containing 10 mM Tris-HCl (pH 8.8), 50 mM KCl, 3 mM MgCl₂, 400 nM of each primer (GALNT13-Fw/T13_XhoI_Rev), 200 μ M dNTPs and 1 unit of Taq DNA polymerase (Fermentas, Hunover, MD). Thirty-five cycles were performed as follows: 30 seconds at 95°C, 30 seconds at 60°C and 1 min at 72°C; the PCR product analyzed by electrophoresis in a 2% agarose gel resulted in a 425 bp band. Same conditions but 2 mM MgCl₂ (and 2 μ L of cDNA for Δ Ex2-7) were used for Ex10b and Δ Ex2-7 amplifications using T13_Ex10b_Fw/T13_Ex11_Rev and T13_XhoI_Fw/T13_ Δ 2-7_Rev pair of primers, respectively. The annealing temperatures were 60°C and 62°C, whereas the obtained PCR products were 270 and 166 bp, respectively. The same first round was performed for the seven remaining variants, seeding 1 μ L of cDNA in a final volume of 25 μ L. The PCR mixture contained 10 mM Tris-HCl (pH 8.8), 50 mM KCl, 1.5 mM MgCl₂, 400 nM of each primer (T13_784_Fw/T13_Ex11_Rev), 200 μ M dNTPs and 1 unit of Taq DNA polymerase, was amplified for 20 cycles at 59°C of annealing temperature and the PCR product obtained had 820 bp. The second round was performed for 25 cycles for variant Δ Ex9, 30 cycles for variants Δ Ex8 and Δ Ex6/8, and 35 cycles for variants Δ Ex6, Δ 39bpEx9, Δ Ex6/39bpEx9 and Δ Ex6/8/39bpEx9. One microliter of the first round product was seeded and the second round was done in the same conditions, although 2 mM MgCl₂ was used in the case of Δ 8 and Δ 9 variants. The pair of primers and the PCR products were T13_ Δ 6_Fw/T13_Ex7_Rev (201 bp); T13_Ex7_Fw/T13_ Δ 8_Rev (197 bp); T13_Ex7_Fw/T13_1393_Rev (336 bp); GalNT13_Fw/T13_ Δ 39bpEx9_Rev (131 bp); T13_ Δ 6_Fw/T13_ Δ 8_Rev (226 bp) and T13_ Δ 6_Fw/T13_ Δ 39bpEx9_Rev (425 and 285 bp) for Δ Ex6, Δ Ex8, Δ Ex9, Δ 39bpEx9, Δ Ex6/8, Δ Ex6/39bpEx9 and Δ Ex6/8/39bpEx9 variants, respectively. PCR products (15 μ L) were analyzed by electrophoresis on 2% agarose gels by direct visualization after ethidium bromide staining.

Molecular modeling

Protein sequences were aligned with T-Coffee (Notredame et al. 2000). A molecular model of the lectin domain of GalNAc-T13 was constructed by comparative modeling using Modeller (Sali et al. 1995) (doi:10.1002/prot.340230306), using as template the X-ray structure of GalNAc-T1 (Fritz et al. 2004). The model comprises residues 429 to 554 which span the entire lectin domain. A total of 10,000 models were generated, from which the best was selected on the base of the Modeller's objective function and stereochemical properties were assessed using Procheck (Laskowski et al. 1996). The selected model contains 92% of AAs in most favored regions.

Funding

Mizutani Foundation for Glycoscience (number 70059 to E.O.); Programa Grupos de Investigación, CSIC, Universidad de la República, Uruguay (number 908 to E.O.); Fondo para la Convergencia Estructural del MERCOSUR (COF 03/11 to E.O.); Danish National Research Foundation (DNRF104 to H.C.); Scholarship from the Agencia Nacional de Investigación e Innovación (POS_2011_1_3327 to M.F.F.); Scholarship from Comisión Académica de Posgrado, Universidad de la República (to M.F.F.); The National Institutes of Health [grant U01-GM113534] (to T.A.G.).

Conflict of interest statement

None declared.

Abbreviations

AA, amino acids; bp, base pair; CV, column volume; dNTPs, deoxynucleosides triphosphate; FBS, fetal bovine serum; GalNAc, N-acetyl-D-galactosamine; GalNAc-T, UDP-GalNAc: polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase; GALNT, GalNAc-transferase gene; GP(A22)R and GP(A10)L, non-glycosylated controls of GP(T*22)R and GP(T*10)L; GP(T*22)R and GP(T*10)L, random glycopeptides defined in Figure 4A; His, histidine; MALDI-TOF, matrix assisted laser desorption/ionization time-of-flight; MES, 2-(N-morpholino)ethanesulfonic acid; MMLV, Moloney Murine Leukemia Virus; MS, mass spectrometry; MUC7, mucin 7; Ni-NTA, nickel-nitrilotriacetic acid; OD, Optical density; PBS, phosphate buffered saline; PCR, polymerase chain reaction; RT-PCR, reverse transcription-polymerase chain reaction; Ser, serine; T*, Thr-O-GalNAc; Thr, threonine; TFA, trifluoroacetic acid; Tris, tris(hydroxymethyl)aminomethane; Tyr, tyrosine; UDP, uridine diphosphate; wt, wild-type.

Supplementary data

Supplementary data for this article is available online at <http://glycob.oxfordjournals.org/>.

References

- Auvergne RM, Sim FJ, Wang S, Chandler-Militello D, Burch J, Al Fanek Y, Davis D, Benraiss A, Walter K, Achanta P et al. 2013. Transcriptional differences between normal and glioma-derived glial progenitor cells identify a core set of dysregulated genes. *Cell Rep.* 3:2127–2141.
- Bennett EP, Mandel U, Clausen H, Gerken TA, Fritz TA, Tabak LA. 2012. Control of mucin-type O-glycosylation. A classification of the polypeptide GalNAc-transferase gene family. *Glycobiology.* 22:736–756.
- Bennett EP, Hassan H, Hollingsworth MA, Clausen H. 1999a. A novel human UDP-N-acetyl-D-galactosamine:polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase, GalNAc-T7, with specificity for partial GalNAc-glycosylated acceptor substrates. *FEBS Lett.* 460:226–230.
- Bennett EP, Hassan H, Mandel U, Hollingsworth MA, Akisawa N, Ikematsu Y, Merx G, van Kessel AG, Olofsson S, Clausen H. 1999b. Cloning and characterization of a close homologue of human UDP-N-acetyl-alpha-D-galactosamine:polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase-T3, designated GalNAc-T6. Evidence for genetic but not functional redundancy. *J Biol Chem.* 274:25362–25370.
- Bennett EP, Hassan H, Mandel U, Mirgorodskaya E, Roepstorff P, Burchell J, Taylor-Papadimitriou J, Hollingsworth MA, Merx G, van Kessel AG et al. 1998. Cloning of a human UDP-N-acetyl-alpha-D-Galactosamine:polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase that complements other GalNAc-transferases in complete O-glycosylation of the MUC1 tandem repeat. *J Biol Chem.* 273:30472–30481.
- Berois N, Mazal D, Ubillos L, Trajtenberg F, Nicolas A, Sastre-Garau X, Magdelenat H, Osinaga E. 2006a. UDP-N-acetyl-D-galactosamine: polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase-6 as a new immunohistochemical breast cancer marker. *J Histochem Cytochem.* 54:317–328.
- Berois N, Blanc E, Ripoche H, Mergui X, Trajtenberg F, Cantais S, Barrois M, Dessen P, Kågedal B, Bénard J et al. 2006b. ppGalNAc-T13: a new molecular marker of bone marrow involvement in neuroblastoma. *Clin Chem.* 52:1701–1712.
- Block H, Ley K, Zarbock A. 2012. Severe impairment of leukocyte recruitment in ppGalNAcT-1-deficient mice. *J Immunol.* 188:5674–5681.
- Brockhausen I. 2006. Mucin-type O-glycans in human colon and breast cancer. Glycodynamics and functions. *EMBO Rep.* 7:599–604.

- Cheng L, Tachibana K, Zhang Y, Guo JM, Kahori Tachibana K, Kameyama A, Wang H, Hiruma T, Iwasaki H, Togayachi A et al. 2002. Characterization of a novel human UDP-GalNAc transferase, pp-GalNAc-T10. *FEBS Lett.* 531:115–121.
- Ferrandis E, Da Silva J, Riou G, Bénard J. 1994. Coactivation of the MDR1 and MYCN in human neuroblastoma during the metastatic process in the nude mouse. *Cancer Res.* 54:2256–2261.
- Freire T, Berois N, Sónora C, Varangot M, Barrios E, Osinaga E. 2006. UDP-N-acetyl-D-galactosamine:polypeptide N-acetyl-galactosaminyltransferase 6 (ppGalNAc-T6) mRNA as a potential new marker for detection of bone marrow-disseminated breast cancer cells. *Int J Cancer.* 119:1383–1388.
- Fritz TA, Raman J, Tabak LA. 2006. Dynamic association between the catalytic and lectin domains of human UDP-GalNAc:polypeptide α -N-acetyl-galactosaminyltransferase-2. *J Biol Chem.* 281:8613–8619.
- Fritz TA, Hurley JH, Trinh LB, Shiloach J, Tabak LA. 2004. The beginnings of mucin biosynthesis: the crystal structure of UDP-GalNAc:polypeptide α -N-acetyl-galactosaminyltransferase-T1. *Proc Natl Acad Sci USA.* 101:15307–15312.
- Gerken TA, Revoredo L, Thome JJ, Tabak LA, Vester-Christensen MB, Clausen H, Gahlay GK, Jarvis DL, Johnson RW, Moniz HA et al. 2013. The lectin domain of the polypeptide GalNAc transferase family of glycosyltransferases (ppGalNAcTs) acts as a switch directing glycopeptide substrate glycosylation in an N- or C-terminal direction, further controlling mucin type O-glycosylation. *J Biol Chem.* 288:19900–19914.
- Gerken TA, Jamison O, Perrine CL, Collette JC, Moinova H, Ravi L, Markowitz SD, Shen W, Patel H, Tabak LA. 2011. Emerging paradigms for the initiation of mucin-type protein O-glycosylation by the polypeptide GalNAc transferase family of glycosyltransferases. *J Biol Chem.* 286:14493–14507.
- Gerken TA, Ten Hagen KG, Jamison O. 2008. Conservation of peptide acceptor preferences between Drosophila and mammalian polypeptide-GalNAc transferase ortholog pairs. *Glycobiology.* 18:861–870.
- Gerken TA, Raman J, Fritz TA, Jamison O. 2006. Identification of common and unique peptide substrate preferences for the UDP-GalNAc:polypeptide α -N-acetyl-galactosaminyltransferases T1 and T2 derived from oriented random peptide substrates. *J Biol Chem.* 281:32403–32416.
- Gill DJ, Clausen H, Bard F. 2011. Location, location, location. New insights into O-GalNAc protein glycosylation. *Trends Cell Biol.* 21:149–158.
- Gomes J, Marcos NT, Berois N, Osinaga E, Magalhães A, Pinto-de-Sousa J, Almeida R, Gärtner F, Reis CA. 2009. Expression of UDP-N-acetyl-D-galactosamine: polypeptide N-acetyl-galactosaminyltransferase-6 in gastric mucosa, intestinal metaplasia, and gastric carcinoma. *J Histochem Cytochem.* 57:79–86.
- Gu C, Oyama T, Osaki T, Li J, Takenoyama M, Izumi H, Sugio K, Kohno K, Yasumoto K. 2004. Low expression of polypeptide GalNAc N-acetyl-galactosaminyl transferase-3 in lung adenocarcinoma: Impact on poor prognosis and early recurrence. *Br J Cancer.* 90:436–442.
- Hagen FK, Ten Hagen KG, Beres TM, Balys MM, VanWuyckhuysse BC, Tabak LA. 1997. cDNA cloning and expression of a novel UDP-N-acetyl-D-galactosamine:polypeptide N-acetyl-galactosaminyltransferase. *J Biol Chem.* 272:13843–13848.
- Hassan H, Reis CA, Bennett EP, Mirgorodskaya E, Roepstorff P, Hollingsworth MA, Burchell J, Taylor-Papadimitriou J, Clausen H. 2000. The lectin domain of UDP-N-acetyl-D-galactosamine: polypeptide N-acetyl-galactosaminyltransferase-T4 directs its glycopeptide specificities. *J Biol Chem.* 275:38197–38205.
- Hennet T, Hagen FK, Tabak LA, Marth JD. 1995. T-cell-specific deletion of a polypeptide N-acetyl-galactosaminyl-transferase gene by site-directed recombination. *Proc Natl Acad Sci USA.* 92:12070–12074.
- Hollingsworth MA, Swanson BJ. 2004. Mucins in cancer. Protection and control of the cell surface. *Nat Rev Cancer.* 4:45–60.
- Inoue T, Eguchi T, Oda Y, Nishiyama K, Fujii K, Izumi H, Kohno K, Yamaguchi K, Tanaka M, Tsuneyoshi M. 2007. Expression of GalNAc-T3 and its relationships with clinicopathological factors in 61 extrahepatic bile duct carcinomas analyzed using stepwise sections—special reference to its association with lymph node metastases. *Mod Pathol.* 20:267–276.
- Ishikawa M, Kitayama J, Nariko H, Kohno K, Nagawa H. 2004. The expression pattern of UDP-N-acetyl- α -D-galactosamine:polypeptide N-acetyl-galactosaminyl transferase-3 in early gastric carcinoma. *J Surg Oncol.* 86:28–33.
- Kingsley PD, Hagen KG, Maltby KM, Zara J, Tabak LA. 2000. Diverse spatial expression patterns of UDP-GalNAc:polypeptide N-acetyl-galactosaminyl-transferase family member mRNAs during mouse development. *Glycobiology.* 10:1317–1323.
- Kohsaki T, Nishimori I, Nakayama H, Miyasaki E, Enzan H, Nomoto M, Hollingsworth MA, Onishi S. 2000. Expression of UDP-GalNAc: polypeptide N-acetyl-galactosaminyltransferase isozymes T1 and T2 in human colorectal cancer. *J Gastroenterol.* 35:840–848.
- Kong Y, Joshi HJ, Schjoldager KT, Madsen TD, Gerken TA, Vester-Christensen MB, Wandall HH, Bennett EP, Lavery SB, Vakhrushev SY et al. 2015. Probing polypeptide GalNAc-transferase isoform substrate specificities by *in vitro* analysis. *Glycobiology.* 25:55–65.
- Landers KA, Burger MJ, Tebay MA, Purdie DM, Scells B, Samarantunga H, Lavin MF, Gardiner RA. 2005. Use of multiple biomarkers for a molecular diagnosis of prostate cancer. *Int J Cancer.* 114:950–956.
- Laskowski RA, Rullmann JA, MacArthur MW, Kaptein R, Thornton JM. 1996. AQUA and PROCHECK-NMR: programs for checking the quality of protein structures solved by NMR. *J Biomol NMR.* 8:477–486.
- Li Z, Yamada S, Inenaga S, Imamura T, Wu Y, Wang KY, Shimajiri S, Nakano R, Izumi H, Kohno K et al. 2011. Polypeptide N-acetyl-galactosaminyltransferase 6 expression in pancreatic cancer is an independent prognostic factor indicating better overall survival. *Br J Cancer.* 104:1882–1889.
- Lira-Navarrete E, de Las Rivas M, Compañón I, Pallarés MC, Kong Y, Iglesias-Fernández J, Bernardes GJ, Peregrina JM, Rovira C, Bernadó P et al. 2015. Dynamic interplay between catalytic and lectin domains of GalNAc-transferases modulates protein O-glycosylation. *Nat Commun.* 6:6937.
- Lowe JB, Marth JD. 2003. A genetic approach to Mammalian glycan function. *Annu Rev Biochem.* 72:643–691.
- Mandel U, Hassan H, Therkildsen MH, Rygaard J, Jakobsen MH, Juhl BR, Dabelsteen E, Clausen H. 1999. Expression of polypeptide GalNAc-transferases in stratified epithelia and squamous cell carcinomas: immunohistological evaluation using monoclonal antibodies to three members of the GalNAc-transferase family. *Glycobiology.* 9:43–52.
- Marth JD. 1996. Complexity in O-linked oligosaccharide biosynthesis engendered by multiple polypeptide N-acetyl-galactosaminyltransferases. *Glycobiology.* 6:701–705.
- Matsumoto Y, Zhang Q, Akita K, Nakada H, Hamamura K, Tsuchida A, Okajima T, Furukawa K, Urano T, Furukawa K. 2013. Trimeric Tn antigen on syndecan 1 produced by ppGalNAc-T13 enhances cancer metastasis via a complex formation with integrin α 5 β 1 and matrix metalloproteinase 9. *J Biol Chem.* 288:24264–24276.
- Matsumoto Y, Zhang Q, Akita K, Nakada H, Hamamura K, Tokuda N, Tsuchida A, Matsubara T, Hori T, Okajima T et al. 2012. pp-GalNAc-T13 induces high metastatic potential of murine Lewis lung cancer by generating trimeric Tn antigen. *Biochem Biophys Res Commun.* 419:7–13.
- Miyahara N, Shoda J, Kawamoto T, Furukawa M, Ueda T, Todoroki T, Tanaka N, Matsuo K, Yamada Y, Kohno K et al. 2004. Expression of UDP-N-acetyl- α -D-galactosamine-polypeptide N-acetyl-galactosaminyltransferase isozyme 3 in the subserosal layer correlates with postoperative survival of pathological tumor stage 2 carcinoma of the gallbladder. *Clin Cancer Res.* 10:2090–2099.
- Nehrke K, Hagen FK, Tabak LA. 1998. Isoform-specific O-glycosylation by murine UDP-GalNAc:polypeptide N-acetyl-galactosaminyltransferase-T3, *in vivo*. *Glycobiology.* 8:367–371.
- Nilsen TW, Graveley BR. 2010. Expansion of the eukaryotic proteome by alternative splicing. *Nature.* 463:457–463.
- Nogimori K, Hori T, Kawaguchi K, Fukui T, Mii S, Nakada H, Matsumoto Y, Yamauchi Y, Takahashi M, Furukawa K et al. 2016. Increased expression levels of ppGalNAc-T13 in lung cancers: significance in the prognostic diagnosis. *Int J Oncol.* 49:1369–1376.
- Notredame C, Higgins DG, Heringa J. 2000. T-Coffee: a novel method for fast and accurate multiple sequence alignment. *J Mol Biol.* 302:205–217.
- Pedersen NB, Wang S, Narimatsu Y, Yang Z, Halim A, Schjoldager KT, Madsen TD, Seidah NG, Bennett EP, Lavery SB et al. 2014. Low density

- lipoprotein receptor class A repeats are O-glycosylated in linker regions. *J Biol Chem.* 289:17312–17324.
- Pedersen JW, Bennett EP, Schjoldager KT, Meldal M, Holmér AP, Blixt O, Cló E, Levery SB, Clausen H, Wandall HH. 2011. Lectin domains of polypeptide GalNAc transferases exhibit glycopeptide binding specificity. *J Biol Chem.* 286:32684–32696.
- Peng C, Togayachi A, Kwon YD, Xie C, Wu G, Zou X, Sato T, Ito H, Tachibana K, Kubota T et al. 2010. Identification of a novel human UDP-GalNAc transferase with unique catalytic activity and expression profile. *Biochem Biophys Res Commun.* 402:680–686.
- Perrine CL, Ganguli A, Wu P, Bertozzi CR, Fritz TA, Raman J, Tabak LA, Gerken TA. 2009. Glycopeptide-preferring polypeptide GalNAc transferase 10 (ppGalNAc T10), involved in mucin-type O-glycosylation, has a unique GalNAc-O-Ser/Thr-binding site in its catalytic domain not found in ppGalNAc T1 or T2. *J Biol Chem.* 284:20387–20397.
- Raman J, Guan Y, Perrine CL, Gerken TA, Tabak LA. 2012. UDP-N-acetyl- α -D-galactosamine:polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferases: completion of the family tree. *Glycobiology.* 22:768–777.
- Raman J, Fritz TA, Gerken TA, Jamison O, Live D, Liu M, Tabak LA. 2008. The catalytic and lectin domains of UDP-GalNAc:polypeptide α -N-Acetylgalactosaminyltransferase function in concert to direct glycosylation site selection. *J Biol Chem.* 283:22942–22951.
- Relógio A, Ben-Dov C, Baum M, Riggiu M, Gemund C, Benes V, Darnell RB, Valcárcel J. 2005. Alternative splicing microarrays reveal functional expression of neuron-specific regulators in Hodgkin lymphoma cells. *J Biol Chem.* 280:4779–4784.
- Revoredo L, Wang S, Bennett EP, Clausen H, Moremen KW, Jarvis DL, Ten Hagen KG, Tabak LA, Gerken TA. 2016. Mucin-type O-glycosylation is controlled by short- and long-range glycopeptide substrate recognition that varies among members of the polypeptide GalNAc transferase family. *Glycobiology.* 26:360–376.
- Sali A, Potterton L, Yuan F, van Vlijmen H, Karplus M. 1995. Evaluation of comparative protein modeling by MODELLER. *Proteins.* 23:318–326.
- Schjoldager KT, Joshi HJ, Kong Y, Goth CK, King SL, Wandall HH, Bennett EP, Vakhrushev SY, Clausen H. 2015. Deconstruction of O-glycosylation-GalNAc-T isoforms direct distinct subsets of the O-glycoproteome. *EMBO Rep.* 16:1713–1722.
- Schjoldager KT, Clausen H. 2012. Site-specific protein O-glycosylation modulates proprotein processing – deciphering specific functions of the large polypeptide GalNAc-transferase gene family. *Biochim Biophys Acta.* 1820:2079–2094.
- Schwientek T, Bennett EP, Flores C, Thacker J, Hollmann M, Reis CA, Behrens J, Mandel U, Keck B, Schäfer MA et al. 2002. Functional conservation of subfamilies of putative UDP-N-acetylgalactosamine:polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferases in *Drosophila*, *Caenorhabditis elegans*, and mammals. One subfamily composed of I(2)35Aa is essential in *Drosophila*. *J Biol Chem.* 277:22623–22638.
- Shibao K, Izumi H, Nakayama Y, Ohta R, Nagata N, Nomoto M, Matsuo K, Yamada Y, Kitazato K, Itoh H et al. 2002. Expression of UDP-N-acetyl- α -D-galactosamine-polypeptide GalNAc N-acetylgalactosaminyl transferase-3 in relation to differentiation and prognosis in patients with colorectal carcinoma. *Cancer.* 94:1939–1946.
- Steenfot C, Vakhrushev SY, Joshi HJ, Kong Y, Vester-Christensen MB, Schjoldager KT, Lavrsen K, Dabelsteen S, Pedersen NB, Marcos-Silva L et al. 2013. Precision mapping of the human O-GalNAc glycoproteome through SimpleCell technology. *EMBO J.* 32:1478–1488.
- Tarp MA, Clausen H. 2008. Mucin-type O-glycosylation and its potential use in drug and vaccine development. *Biochim Biophys Acta.* 1780:546–563.
- Ten Hagen KG, Hagen FK, Balys MM, Beres TM, Van Wuyckhuysse B, Tabak LA. 1998. Cloning and expression of a novel, tissue specifically expressed member of the UDP-GalNAc:polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase family. *J Biol Chem.* 273:27749–27754.
- Tenno M, Ohtsubo K, Hagen FK, Ditto D, Zarbock A, Schaeferli P, von Andrian UH, Ley K, Le D, Tabak LA et al. 2007. Initiation of protein O-glycosylation by the polypeptide GalNAcT-1 in vascular biology and humoral immunity. *Mol Cell Biol.* 27:8783–8796.
- Tenno M, Saeki A, Késdy FJ, Elhammer AP, Kurosaka A. 2002. The lectin domain of UDP-GalNAc:polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase 1 is involved in O-glycosylation of a polypeptide with multiple acceptor sites. *J Biol Chem.* 277:47088–47096.
- Tran DT, Zhang L, Zhang Y, Tian E, Earl LA, Ten Hagen KG. 2012. Multiple members of the UDP-GalNAc: polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase family are essential for viability in *Drosophila*. *J Biol Chem.* 287:5243–5252.
- Vester-Christensen MB, Bennett EP, Clausen H, Mandel U. 2013. Generation of monoclonal antibodies to native active human glycosyltransferases. *Methods Mol Biol.* 1022:403–420.
- Wandall HH, Irazoqui F, Tarp MA, Bennett EP, Mandel U, Takeuchi H, Kato K, Irimura T, Suryanarayanan G, Hollingsworth MA et al. 2007a. The lectin domains of polypeptide GalNAc-transferases exhibit carbohydrate-binding specificity for GalNAc: lectin binding to GalNAc-glycopeptide substrates is required for high density GalNAc-O-glycosylation. *Glycobiology.* 17: 374–387.
- Wandall HH, Dabelsteen S, Sørensen JA, Krogdahl A, Mandel U, Dabelsteen E. 2007b. Molecular basis for the presence of glycosylated onco-fetal fibronectin in oral carcinomas: the production of glycosylated onco-fetal fibronectin by carcinoma cells. *Oral Oncol.* 43:301–309.
- Wandall HH, Hassan H, Mirgorodskaya E, Kristensen AK, Roepstorff P, Bennett EP, Nielsen PA, Hollingsworth MA, Burchell J, Taylor-Papadimitriou J et al. 1997. Substrate specificities of three members of the human UDP-N-acetyl- α -D-galactosamine:Polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase family, GalNAc-T1, -T2, and -T3. *J Biol Chem.* 272:23503–23514.
- Wang H, Tachibana K, Zhang Y, Iwasaki H, Kameyama A, Cheng L, Guo JM, Hiruma T, Togayachi A, Kudo T et al. 2003. Cloning and characterization of a novel UDP-GalNAc:polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase, pp-GalNAc-T14. *Biochem Biophys Res Commun.* 300:738–744.
- Wang X, Vertino A, Eddy RL, Byers MG, Jani-Sait SN, Shows TB, Lau JT. 1993. Chromosome mapping and organization of the human beta-galactoside α 2,6-sialyltransferase gene. Differential and cell-type specific usage of upstream exon sequences in B-lymphoblastoid cells. *J Biol Chem.* 268:4355–4361.
- Wu C, Guo X, Wang W, Wang Y, Shan Y, Zhang B, Song W, Ma S, Ge J, Deng H et al. 2010. N-Acetylgalactosaminyltransferase-14 as a potential biomarker for breast cancer by immunohistochemistry. *BMC Cancer.* 10:123.
- Xu Y, Pang W, Lu J, Shan A, Zhang Y. 2016. Polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase 13 contributes to neurogenesis via stabilizing the mucin-type O-glycoprotein podoplanin. *J Biol Chem.* 291: 23477–23488.
- Yamamoto S, Nakamori S, Tsujie M, Takahashi Y, Nagano H, Dono K, Umeshita K, Sakon M, Tomita Y, Hoshida Y et al. 2004. Expression of uridine diphosphate N-acetyl- α -D-galactosamine:polypeptide N-acetylgalactosaminyl transferase 3 in adenocarcinoma of the pancreas. *Pathobiology.* 71:12–18.
- Young WW Jr, Holcomb DR, Ten Hagen KG, Tabak LA. 2003. Expression of UDP-GalNAc:polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase isoforms in murine tissues determined by real-time PCR: a new view of a large family. *Glycobiology.* 13:549–557.
- Zhang Y, Iwasaki H, Wang H, Kudo T, Kalka TB, Hennen T, Kubota T, Cheng L, Inaba N, Gotoh M et al. 2003. Cloning and characterization of a new human UDP-N-acetyl- α -D-galactosamine:polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase, designated pp-GalNAc-T13, that is specifically expressed in neurons and synthesizes GalNAc α -serine/threonine antigen. *J Biol Chem.* 278:573–584.