

ภาคผนวก

ภาคผนวก ก
กราฟโปรตีนมาตรฐานเพื่อเทียบหาปริมาณโปรตีน

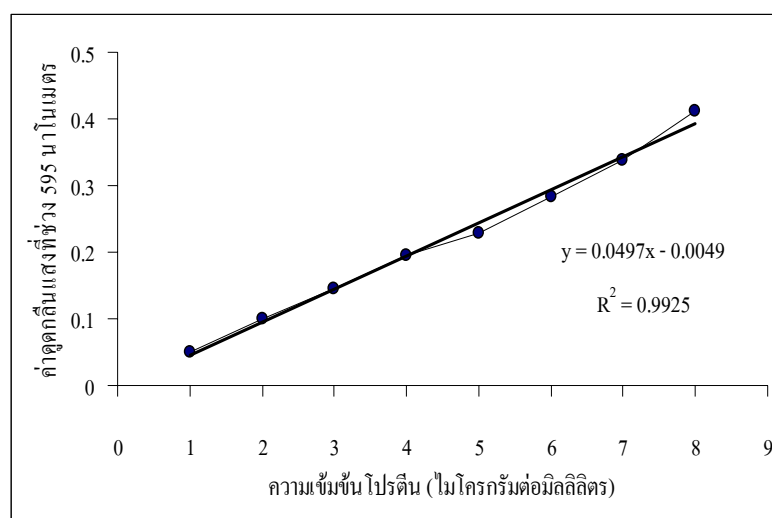
ตารางผนวกที่ 1 การเตรียมสารละลายโปรตีนมาตรฐาน

หลอดที่	ปริมาณโปรตีน (ไมโครกรัมต่อ มิลลิลิตร)	10 ไมโครกรัม ต่อมิลลิลิตร BSA (ไมโครลิตร)	0.01 โมลาร์ Tris- HCl, pH 7.6 (ไมโครลิตร)	Biorad Dye Reagent (ไมโครลิตร)	Abs 595
1	0	0	800	200	0.000
2	1	100	700	200	0.049
3	2	200	600	200	0.099
4	3	300	500	200	0.146
5	4	400	400	200	0.196
6	5	500	300	200	0.228
7	6	600	200	200	0.284
8	7	700	100	200	0.337
9	8	800	0	200	0.412

กราฟโปรตีนมาตรฐานตามวิธีของเบรดฟอร์ด(Bradford, 1976)

คำนวณหาความเข้มข้นของโปรตีนได้โดยแทนค่าใน สูตร

$$\text{ความเข้มข้นโปรตีน } (\mu\text{g/ml}) = (0.0497 + \text{ค่าดูดกลืนแสงที่ช่วง } 595 \text{ นาโนเมตร}) / 0.0497$$



ภาพผนวกที่ 1 กราฟโปรตีนมาตรฐานความสัมพันธ์ระหว่างความเข้มข้น โปรตีนกับค่าดูดกลืนแสง ช่วง 595 นาโนเมตร

ภาคผนวก ข

กราฟโปรตีนมาตรฐาน Gel Filtration Chromatography

กราฟโปรตีนมาตรฐาน Gel Filtration Chromatography

บรรจุ Sephacryl S-200 (Amersham Bioscience) ที่เตรียมได้ลงในคอลัมน์ขนาด 1.6 x 70 เซนติเมตร แล้วชะด้วยบัฟเฟอร์ 0.15 โมลาร์ NaCl ใน Tris-HCl 50 มิลลิโมลาร์ pH 7.1 โดยใช้อัตราการไหล 30 มิลลิลิตรต่อชั่วโมง นาน 12 ชั่วโมง จึงการแยกโปรตีนมาตรฐาน LMW-marker (Amersham Bioscience) ด้วยอัตราไหล 30 มิลลิลิตรต่อชั่วโมง และเก็บเฟลคชันละ 3 มิลลิลิตร ทำกราฟโปรตีนมาตรฐานที่ทราบน้ำหนักโมเลกุล โดยมีโปรตีน Blue dextran (2,000 kDa), Albumin (67 kDa), Chymotrypsinogen A (25 kDa), Ovalbumin (43 kDa) และ Ribonuclease (13.7 kDa) นำมาหาค่า K_{av} จากสูตร

$$K_{av} = \frac{[V_e - V_o]}{[V_t - V_o]}$$

เมื่อ V_e = elution volume for the protein

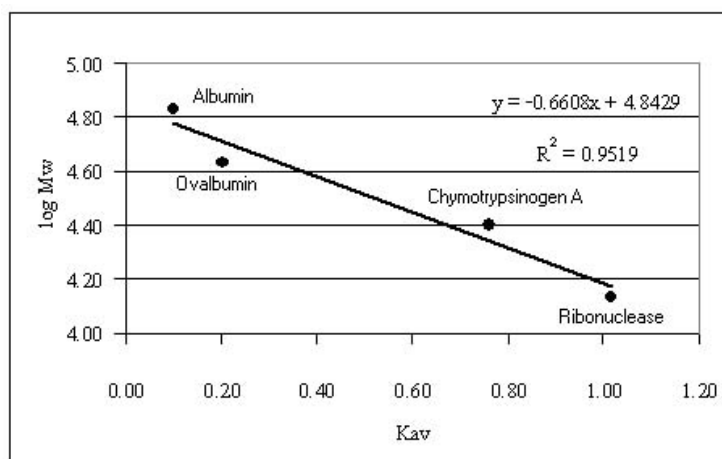
V_o = column void volume = elution volume for Blue Dextran

V_t = total bed volume

น้ำหนักโมเลกุลของโปรตีนหาได้จากค่า K_{av} แล้วนำมาเปรียบเทียบกับสมการที่ได้จากการทำ semilogarithmic plot ของ log ของน้ำหนักโมเลกุลของโปรตีนมาตรฐานกับค่า K_{av} คือ

$$\text{Log } M_w \text{ (kDa)} = -0.6608 (K_{av}) + 4.8429$$

คำนวณค่า K_{av} ของแต่ละกลุ่มโปรตีนแล้วนำมาเทียบกับสมการที่ได้จากกราฟมาตรฐาน แล้ว antilog เพื่อหาน้ำหนักโมเลกุลดังแสดงในตารางผนวกที่ 2



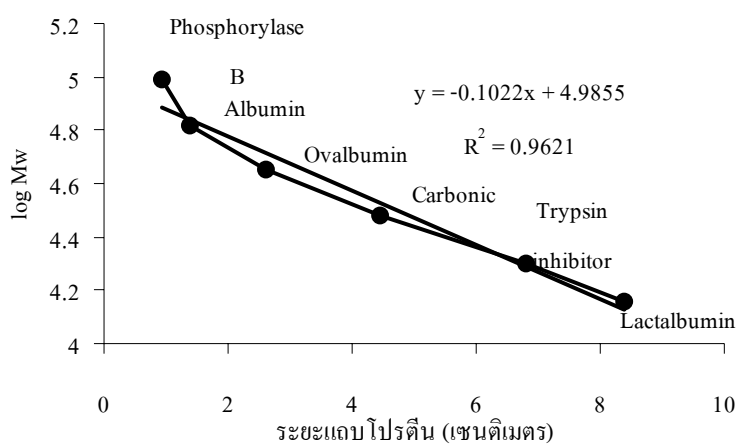
ภาพผนวกที่ 2 กราฟโปรตีนมาตรฐานที่ได้จากการแยกด้วย Sephacryl S-200 gel filtration Chromatography

ตารางผนวกที่ 2 น้ำหนักโมเลกุลของกลุ่มโปรตีนที่แยกได้จากเทคนิค gel filtration chromatography โดยคำนวณได้จากค่า Kav

ชุดการทดลอง	กลุ่มโปรตีน	ปริมาตรที่เก็บ (มิลลิลิตร)	Kav*	ปริมาณโปรตีน (มิลลิกรัมต่อมิลลิลิตร)	น้ำหนักโมเลกุล (กิโลดาลตัน)
1	P1	45	-0.10	4.813	81.3
	P2	54	0.05	0.658	64.5
	P3	102	0.86	0.071	18.7
	P4	108	0.97	0.061	16.0
2	P1	48	-0.05	4.664	75.3
	P2	57	0.10	0.624	59.7
	P3	102	0.86	0.090	18.7
	P4	111	1.02	0.080	14.8
3	P1	51	0.00	4.694	69.6
	P2	63	0.20	0.663	51.1
	P3	102	0.86	0.077	18.7
	P4	111	1.02	0.051	14.8

ภาคผนวก ค
กราฟโปรตีนมาตรฐานเทคนิค Electrophoresis

1. กราฟโปรตีนมาตรฐานเทคนิค Native-PAGE

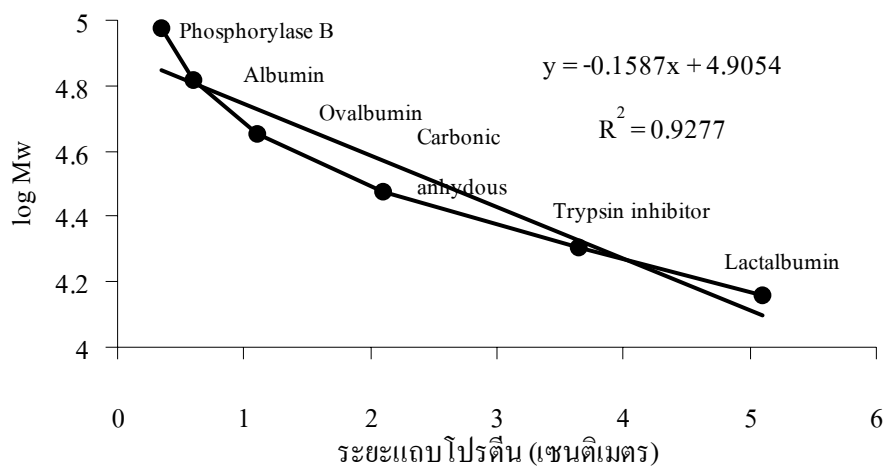


ภาพผนวกที่ 3 กราฟโปรตีนมาตรฐานที่ได้จากการแยกเทคนิค Electrophoresis แบบ Native-PAGE โดยใช้ LMW-marker

ตารางผนวกที่ 3 น้ำหนักโมเลกุลของกลุ่มโปรตีนที่แยกได้จากเทคนิค Electrophoresis แบบ Native-PAGE เทียบกับกราฟโปรตีนมาตรฐานของ LMW-marker

โปรตีน	แถบที่	ระยะแถบโปรตีน (เซนติเมตร)	log Mw	น้ำหนักโมเลกุล (กิโลดาลตัน)
P1	1	0.90	4.8935	78.3
	2	1.55	4.8271	67.2
	3	2.25	4.7556	57.0
	4	5.70	4.4030	25.3
P2	1	0.90	4.8935	78.3
	2	2.25	4.7556	57.0
	3	5.70	4.4030	25.3
P3	1	5.65	4.4081	25.6
P4	1	6.00	4.3723	23.6

2. แยกโปรตีนตามน้ำหนักโมเลกุลโดยใช้เทคนิค SDS-PAGE (Laemmli, 1970)



ภาพผนวกที่ 4 กราฟโปรตีนมาตรฐานที่ได้จากการแยกเทคนิค Electrophoresis แบบ SDS-PAGE โดยใช้ LMW-marker

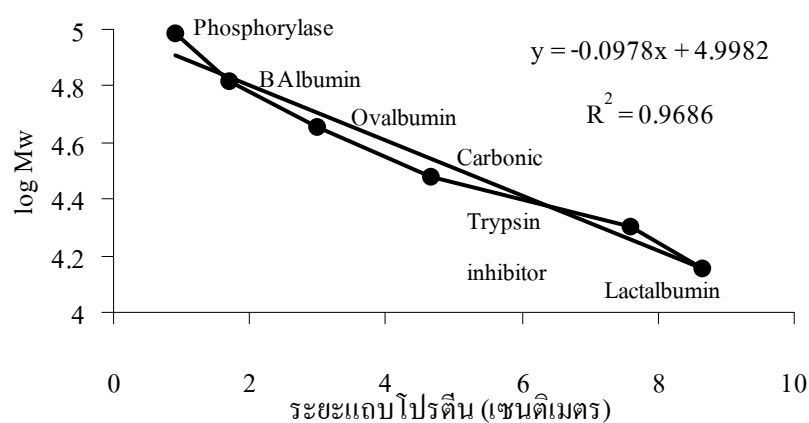
ตารางผนวกที่ 4 น้ำหนักโมเลกุลของกลุ่มโปรตีนที่แยกได้จากเทคนิค Electrophoresis แบบ SDS-PAGE เทียบกับกราฟโปรตีนมาตรฐานของ LMW-marker

โปรตีน	แถบที่	ระยะแถบโปรตีน (เซนติเมตร)	log Mw	น้ำหนักโมเลกุล (กิโลดาลตัน)
P1	1	0.50	4.8261	67.0
	2	0.75	4.7864	61.2
	3	1.15	4.7229	52.8
	4	2.30	4.5404	34.7
	5	3.40	4.3658	23.2
	6	4.00	4.2706	18.7
	7	4.60	4.1754	15.0
	8	5.00	4.1119	12.9
	9	5.70	4.0008	10.0

ตารางผนวกที่ 4 (ต่อ) น้ำหนักโมเลกุลของกลุ่มโปรตีนที่แยกได้จากเทคนิค Electrophoresis แบบ SDS-PAGE เทียบกับกราฟโปรตีนมาตรฐานของ LMW-marker

โปรตีน	แถบที่	ระยะแถบโปรตีน (เซนติเมตร)	log Mw	น้ำหนักโมเลกุล (กิโลดาลตัน)
P2	1	0.75	4.7864	61.1
	2	1.15	4.7229	52.8
	3	2.30	4.5404	34.7
	4	3.40	4.3658	23.2
	5	4.00	4.2706	18.6
	6	4.60	4.1754	15.0
	7	5.00	4.1119	12.9
	8	5.70	4.0008	10.0
P3	1	2.25	4.5483	35.3
	2	3.20	4.3976	25.0
P4	1	2.25	4.5483	35.3

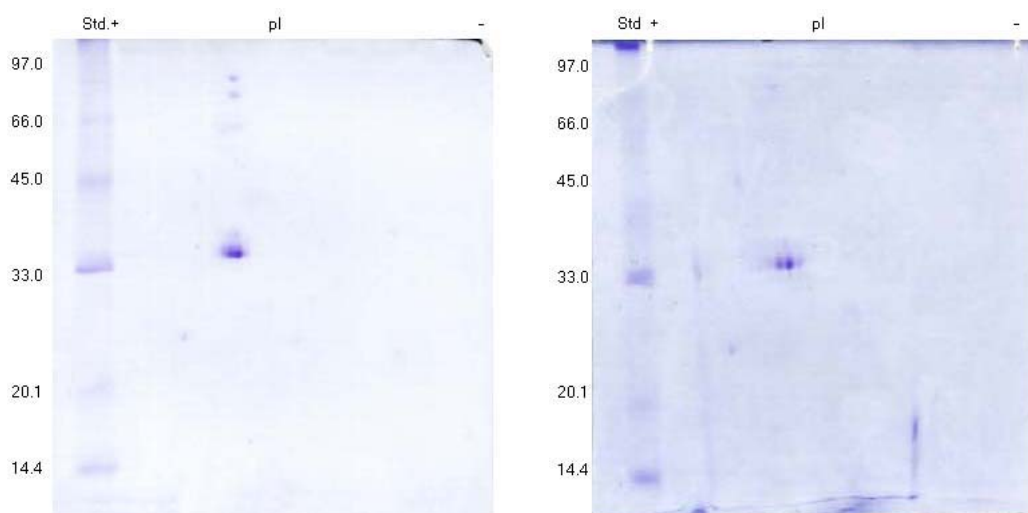
3. แยกโปรตีนตามน้ำหนักโมเลกุลโดยใช้เทคนิค 2D-PAGE



ภาพผนวกที่ 5 กราฟโปรตีนมาตรฐานที่ได้จากการแยกเทคนิค Electrophoresis แบบ 2D-PAGE โดยใช้ LMW-marker

ตารางผนวกที่ 5 น้ำหนักโมเลกุลของกลุ่มโปรตีนที่แยกได้จากเทคนิค Electrophoresis แบบ SDS-PAGE เทียบกับกราฟโปรตีนมาตรฐานของ LMW-marker

จุดโปรตีน	ระยะจุดโปรตีน (เซนติเมตร)	pI	ระยะจุดโปรตีน (เซนติเมตร)	log Mw	น้ำหนักโมเลกุล (กิโลดาลตัน)
spot 1	3.35	5.1	4.55	4.552	35.7
spot 2	3.55	5.3	4.55	4.552	35.7
spot 3	1.00	3.6	6.00	4.411	25.8
spot 4	3.20	5.0	6.00	4.411	25.8
spot 5	3.50	5.2	6.00	4.411	25.8



ภาพผนวกที่ 6 แสดงจุดโปรตีน spot 1, spot 2, spot 3, spot 4 และ spot 5 ที่ได้จากการแยกด้วยเทคนิค two dimension electrophoresis ตามค่า pI ในช่วง pI 3 ถึง 10 และตามน้ำหนักโมเลกุลโดยเทียบกับโปรตีนมาตรฐาน LMW-marker

ภาคผนวก ง

น้ำหนักโมเลกุลของชิ้นส่วนที่แตกตัวของโปรตีนที่ได้จากการวิเคราะห์ด้วยเทคนิค LC-MS/MS

ตารางผนวกที่ 6 น้ำหนักโมเลกุลของส่วนที่แตกตัวของโปรตีนส่วนที่ 1 จุดโปรตีน spot 2

N-terminal ions										
b ions										
363.18	477.22	590.3	705.33	792.36	905.44	1018.5	1089.6	1218.6	1317.7	1445.8
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
	N	L/I	D	S	L/I	L/I	A	E	V	K
11	10	9	8	7	6	5	4	3	2	1
1636.65	1522.6	1409.5	1294.6	1207.5	1094.4	981.51	910.27	781.23	686.16	554.07
y ions										
C-terminal ions										

ตารางผนวกที่ 7 น้ำหนักโมเลกุลของส่วนที่แตกตัวของโปรตีนส่วนที่ 2 จุดโปรตีน spot 2

N-terminal ions						
b ions						
657.22	771.26	884.34	955.31	1056.36	1170.4	1257.43
1	2	3	4	5	6	7
	N	L/I	A	T	N	S
1165.51	1051.47	938.39	867.33	766.28	652.24	565.21
7	6	5	4	3	2	1
y ions						
C-terminal ions						

ตารางผนวกที่ 8 น้ำหนักโมเลกุลของส่วนที่แตกตัวของโปรตีนส่วนที่ 3 จุดโปรตีน spot 2

N-terminal ions								
b ions								
415.14	514.21	643.25	756.33	853.38	956.39	1071.42	1184.5	1299.53
1	2	3	4	5	6	7	8	9
	V	E	L/I	P	C	D	L/I	D
9	8	7	6	5	4	3	2	1
1216.455	1117.388	988.34	875.26	778.21	675.2	560.1	447.09	332.06
y ions								
C-terminal ions								

ตารางผนวกที่ 9 น้ำหนักโมเลกุลของส่วนที่แตกตัวของโปรตีนส่วนที่ 4 จุดโปรตีน spot 2

N-terminal ions					
b ions					
591.04	648.06	761.14	917.24	1032.27	1119.3
1	2	3	4	5	6
	G	L/I	R	D	S
6	5	4	3	2	1
1075.55	1018.53	905.45	749.35	634.32	547.29
y ions					
C-terminal ions					

ตารางผนวกที่ 10 น้ำหนักโมเลกุลของส่วนที่แตกตัวของโปรตีนส่วนที่ 5 จุดโปรตีน spot 2

N-terminal ions									
b ions									
99.07	237.2	294.22	381.25	494.33	623.37	770.41	907.47	1035.53	1191.63
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
	H	G	S	L/I	E	M _n	H	Q	R
10	9	8	7	6	5	4	3	2	1
1209.66	1110.59	973.53	916.51	829.48	716.4	587.36	440.32	303.26	175.2
y ions									
C-terminal ions									

ตารางผนวกที่ 11 น้ำหนักโมเลกุลของส่วนที่แตกตัวของโปรตีนส่วนที่ 1 จุดโปรตีน spot 3

N-terminal ions								
b ions								
163.84	278.87	406.93	535.97	649.12	780.09	894.20	993.20	1121.29
1	2	3	4	5	6	7	8	9
	D	K	E	L/I	M	N	V	K
9	8	7	6	5	4	3	2	1
976.43	861.40	733.31	604.27	491.27	360.18	246.14	147.07	18.98
y ions								
C-terminal ions								

ตารางผนวกที่ 12 นำหนักโมเลกุลของส่วนที่แตกตัวของโปรตีนส่วนที่ 2 จุดโปรตีน spot 3

N-terminal ions							
b ions							
113.95	242.99	356.07	443.1	572.14	685.22	799.30	955.4
1	2	3	4	5	6	7	8
	E	L/I	S	E	L/I	N	S
8	7	6	5	4	3	2	1
860.43	731.44	618.31	531.28	402.24	289.16	175.12	19.02
y ions							
C-terminal ions							

ตารางผนวกที่ 13 นำหนักโมเลกุลของส่วนที่แตกตัวของโปรตีนส่วนที่ 3 จุดโปรตีน spot 3

N-terminal ions									
b ions									
147.11	246.18	375.22	446.26	559.31	673.38	760.41	875.44	988.52	1144.62
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
	V	E	A	L/I	N	S	D	L/I	R
10	9	8	7	6	5	4	3	2	1
1157.38	1058.31	929.27	858.23	745.15	631.11	544.08	429.05	315.97	159.87
y ions									
C-terminal ions									

ตารางผนวกที่ 14 นำหนักโมเลกุลของส่วนที่แตกตัวของโปรตีนส่วนที่ 4 จุดโปรตีน spot 3

N-terminal ions									
b ions									
185.02	298.1	413.13	510.18	623.26	752.3	839.33	940.38	1103.44	1259.54
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
	L/I	D	P	L/I	E	S	T	Y	R
10	9	8	7	6	5	4	3	2	1
1093.51	980.43	865.4	768.35	655.27	526.23	439.2	338.15	175.19	18.99
y ions									
C-terminal ions									

ตารางผนวกที่ 15 น้ำหนักโมเลกุลของส่วนที่แตกตัวของโปรตีนส่วนที่ 5 จุดโปรตีน spot 3

N-terminal ions									
b ions									
424.02	511.05	598.08	711.16	839.22	968.26	1081.34	1195.38	1309.42	1537.53
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
	S	S	L/I	K	E	L/I	N	N	D
10	9	8	7	6	5	4	3	2	1
1687.46	1600.43	1513.4	1400.32	1272.26	1143.22	1030.14	917.06	688.98	573.95
y ions									
C-terminal ions									

ตารางผนวกที่ 16 น้ำหนักโมเลกุลของส่วนที่แตกตัวของโปรตีนส่วนที่ 6 จุดโปรตีน spot 3

N-terminal ions									
b ions									
227.11	342.14	443.19	556.27	719.33	820.38	983.44	1146.5	1261.53	1358.58
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
	D	T	L/I	Y	T	Y	Y	D	P
10	9	8	7	6	5	4	3	2	1
1457.59	1342.56	1241.51	1128.43	965.37	864.32	701.26	538.2	423.17	326.12
y ions									
C-terminal ions									

ตารางผนวกที่ 17 น้ำหนักโมเลกุลของส่วนที่แตกตัวของโปรตีนส่วนที่ 7 จุดโปรตีน spot 3

N-terminal ions									
b ions									
247.09	362.12	490.18	619.22	732.3	879.37	993.28	1092.3	1220.57	
1	2	3	4	5	6	7	8	9	
	D	K	E	L/I	F	N	V	K	
9	8	7	6	5	4	3	2	1	
1096.56	981.53	853.47	924.43	611.35	464.28	350.24	251.17	123.08	
y ions									
C-terminal ions									

ตารางผนวกที่ 18 น้ำหนักโมเลกุลของส่วนที่แตกตัวของโปรตีนส่วนที่ 8 จุดโปรตีน spot 3

N-terminal ions									
b ions									
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
	L/I	D	V	E	L/I	A	T	Y	R
184.98	298.06	413.09	512.16	641.2	754.28	825.32	926.37	1089.43	1245.53
1079.48	966.4	851.37	752.3	623.26	510.18	439.14	338.09	175.03	18.93

y ions
C-terminal ions

ตารางผนวกที่ 19 น้ำหนักโมเลกุลของส่วนที่แตกตัวของโปรตีนส่วนที่ 9 จุดโปรตีน spot 3

N-terminal ions									
b ions									
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
	A	N	L/I	M _n	K	E	N	G	E
218.18	289.22	403.26	516.34	663.34	791.44	920.48	1034.52	1091.54	1220.58
1557.4	1486.36	1372.32	1259.24	1112.2	984.14	855.1	741.06	684.04	550.0

y ions
C-terminal ions

ตารางผนวกที่ 20 น้ำหนักโมเลกุลของส่วนที่แตกตัวของโปรตีนส่วนที่ 10 จุดโปรตีน spot 3

N-terminal ions								
b ions								
1	2	3	4	5	6	7	8	9
	A	E	S	L/I	Y	K	S	K
200.94	271.98	401.02	488.05	601.13	764.19	892.25	979.28	1107.34
925.33	854.35	725.31	638.28	525.2	362.08	234.08	147.05	18.99

y ions
C-terminal ions

ตารางผนวกที่ 21 นำหนักโมเลกุลของส่วนที่แตกตัวของโปรตีนส่วนที่ 11 จุดโปรตีน spot 3

N-terminal ions						
b ions						
149.13	262.21	391.25	577.33	706.31	793.34	949.44
1	2	3	4	5	6	7
	L/I	E	W	E	S	R
7	6	5	4	3	2	1
885.34	772.26	643.22	457.14	328.1	241.07	84.97
						y ions
						C-terminal ions

ภาคผนวก จ

ลำดับกรดอะมิโนของโปรตีน P3 เทียบกับฐานข้อมูลโปรตีน nrFasta

ตารางผนวกที่ 22 การเปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนของโปรตีนกลุ่ม P3 จุดโปรตีน spot 2 แต่ละส่วนที่
คำนวณได้กับฐานข้อมูลโปรตีน nrFasta โดยใช้โปรแกรม Search for short,
nearly exact matches ของ NCBI

ส่วนที่	ลำดับกรดอะมิโน	accession no.	โปรตีน	E-value
1	DLDSLAEVK	BAB63946.1	keratin 8 [<i>Rana catesbeiana</i>]	11
	DLDSLIAEVK	AAH39148.1	Keratin 6L [<i>Homo sapiens</i>]	7.9
	DLDSILAEVK	BAB63946.1	keratin 8 [<i>Rana catesbeiana</i>]	0.75
	DLDSIIAEVK	AAH39148.1	Keratin 6L [<i>Homo sapiens</i>]	0.56
	DIDSLAEVK	AAB82603.1	Pet122p [<i>Saccharomyces kluyveri</i>]	14
	DIDSLIAEVK	CAI87405.1	DNA topoisomerase III [<i>Pseudoalteromonas haloplanktis TAC125</i>]	34
	DIDSILAEVK	BAB63946.1	keratin 8 [<i>Rana catesbeiana</i>]	7.9
	DIDSIIAEVK	AAH39148.1	Keratin 6L [<i>Homo sapiens</i>]	5.9
2	NLATNS	CAI75431.1	T-complex protein 1 subunit, putative [<i>Theileria annulata</i>]	3054
	NIATNS	XP_447548.1	unnamed protein product [<i>Candida glabrata</i>]	2276
3	VEALPCDLD	AAF63781.1	hypothetical protein [<i>Arabidopsis thaliana</i>]	100
	VEALPCDID	NP_911866.1	putative phosphoglycerate dehydrogenase [<i>Oryza sativa</i> (japonica cultivar-group)]	75
	VEAIPCDLD	AAS94932.1	phospholipase D-like protein [lumpy skin disease virus]	9.5
	VEAIPCDID	AAN02873.1	sensor/response regulator [<i>Desulfovibrio vulgaris subsp. vulgaris str. Hildenborough</i>]	42
4	GLRDS	ZP_00596298.1	regulatory protein, LuxR: Bacterial regulatory protein, LuxR [<i>Ralstonia metallidurans</i> CH34]	19929
	GIRDS	ZP_00595703.1	Helix-turn-helix, Fis-type [<i>Ralstonia metallidurans</i> CH34]	14852
5	VHGSIEM*HQR	AAT44352.1	cavortin [<i>Crassostrea gigas</i>]	2.7

ตารางผนวกที่ 23 การเปรียบเทียบลำดับกรดอะมิโนของโปรตีนกลุ่ม P3 จุดโปรตีน spot 3 แต่ละส่วน ที่
คำนวณได้กับฐานข้อมูลโปรตีน nrFasta โดยใช้โปรแกรม Search for short,
nearly exact matches ของ NCBI

ส่วนที่	ลำดับกรดอะมิโน	accession no.	โปรตีน	E-value
1	DQELMNVK	CAG00393.1	unnamed protein product [<i>Tetraodon nigroviridis</i>]	49
	DQEIMNVK	BAE30371.1	unnamed protein product [<i>Mus musculus</i>]	160
	DKELMNVK	XP_656326.1	hypothetical protein 14.t00029 [<i>Entamoeba histolytica</i> HM-1:IMSS]	289
	DKEIMNVK	BAB82037.1	two-component sensor histidine kinase [<i>Clostridium perfringens</i> str. 13]	215
2	ELSELNR	ZP_00834614.1	Predicted membrane protein [<i>Yersinia intermedia</i> ATCC 29909]	188
4	ELSEINR	CAE78091.1	hypothetical protein Bd3280 [<i>Bdellovibrio bacteriovorus</i> HD100]	140
	EISELNR	AAK55108.1	keratin protein K6irs [<i>Homo sapiens</i>]	140
	EISEINR	CAA31376.1	cytokeratin 8 (279 AA) [<i>Homo sapiens</i>]	105
5	VEALNSDL-R	CAD26064.1	HEXOKINASE [<i>Encephalitozoon cuniculi</i>]	180
	VEALNSDI-R	EAL93215.1	hypothetical protein Afu2g09190 [<i>Aspergillus</i>]	100
	SSLQEINNDIET-K	AAZ43555.1	conserved hypothetical protein [<i>Mycoplasma synoviae</i> 53]	4.4
	SSIKELNNDLET-K	CAI74654.1	apurinic/apyrimidinic endonuclease Apn1-like, putative [<i>Theileria annulata</i>]	11
	SSIKELNNDIET-K	YP_204952.1	hypothetical protein VF1569 [<i>Vibrio fischeri</i> ES114]	25

ตารางผนวกที่ 23 (ต่อ)

ส่วนที่	ลำดับกรดอะมิโน	accession no.	โปรตีน	E-value
5	SSIKEINNDLET-K	CAI74654.1	apurinic/aprimidinic endonuclease Apn1-like, putative [<i>Theileria annulata</i>]	5.8
	SSIKEINNDIET-K	BAE05022.1	dihydroorotase [<i>Staphylococcus haemolyticus</i> JCSC1435]	
6	DTLYTTYDPR	YP_098796.1	ABC transporter permease [<i>Bacteroides fragilis</i> YCH46]	19
	DTIYTTYDPR	ZP_00108530.1	Signal transduction histidine kinase [<i>Nostoc punctiforme</i> PCC 73102]	19
7	DQELFNVK	XP_657535.1	importin alpha, putative [<i>Entamoeba histolytica</i> HM]	89
	DQEIFNVK	CAA24313.1	unnamed protein product [<i>Mice minute virus</i>]	66
	DKELFNVK	AAP42197.1	Serum opacity factor precursor [<i>Streptococcus pyogenes</i>]	89
	DKEIFNVK	CAD61054.1	Beta-2 toxin [<i>Clostridium perfringens</i>]	66
8	LDVELATYR	AAV6488.1	Keratin 6L [<i>Homo sapiens</i>]	23
	LDVEIATYR	AAH39148.1	Keratin 6L [<i>Homo sapiens</i>]	1.6
	IDVELATYR	ZP_00766149.1	Alpha amylase, catalytic subdomain [<i>Chloroflexus aurantiacus</i> J-10-fl]	75
	IDVEIATYR	AAH39148.1	Keratin 6L [<i>Homo sapiens</i>]	13
9	ANLQENGEIV— K	AAM79773.1	putative isoleucyl-tRNA synthetase [<i>Streptococcus pyogenes</i> MGAS315]	4.4
	ANLQENGEIV— K	ZP_00505108.1	Protein of unknown function DUF467 [<i>Clostridium thermocellum</i> ATCC 27405]	25
	ANLQENGEIV— K	EAL88444.1	RNA12 protein, putative [<i>Aspergillus fumigatus</i> Af293]	19

ตารางผนวกที่ 23 (ต่อ)

ส่วนที่	ลำดับกรดอะมิโน	accession no.	โปรตีน	E-value
9	ANIFQENGEIV—K	CAE55711.1	FocB protein [<i>Escherichia coli</i> Nissle 1917]	46
	ANIFQENGELV—K	AAS21452.1	hypothetical protein 006-10 [<i>Oikopleura dioica</i>]	79
	ANIFKENGEIV—K	ZP_00675405.1	Sulfotransferase:TPR repeat [<i>Trichodesmium erythraeum</i> IMS101]	3.3
	ANIFQENGELV—K	CAA99815.1	hypothetical protein C54G4.2 [<i>Caenorhabditis elegans</i>]	5.9
	ANLFQENGELV—K	ZP_00505108.1	Protein of unknown function DUF467 [<i>Clostridium thermocellum</i> ATCC 27405]	25
10	AESLYQSK	KRHU2	keratin 1, type II, cytoskeletal - human	37
	AESLYKSK	XP_445351.1	unnamed protein product [<i>Candida glabrata</i>]	215
	AESLYKSK	EAA12933.2	ENSANGP00000004936 [<i>Anopheles gambiae</i> str. PEST]	289
	AESLYQSK	EAA08901.2	ENSANGP00000010406 [<i>Anopheles gambiae</i> str. PEST]	160
11	LEWESR	NP_683758.1	sorting nexin 1 isoform b [Homo sapiens]	291
	IEWESR	AAR21639.1	putative protocatechuate 3,4 dioxygenase alpha subunit [Roseovarius nubinhibens]	217