

Univerzita Karlova
Pedagogická fakulta
Katedra chemie a didaktiky chemie

PŘÍLOHY K DIPLOMOVÉ PRÁCE

Proteomická identifikace skořápkových plodů ve vybraných druzích cukroví

Proteomic identification of nuts in festive cookies

Bc. Lucie Kadeřábková

Vedoucí práce: doc. Mgr. Ing. Štěpánka Kučková, Ph.D.

Studijní program: Učitelství chemie pro 2. stupeň základní školy a střední školy
(N0114A300093)

Studijní obor: N CH-BI 20 (0114TA300093, 0114TA300088)

2024

Seznam příloh

Příloha 1: Složení zakoupeného vánočního cukroví (uváděné výrobcem).

Příloha 2: Hmotnostní spektra pro všech jedenáct skořápkových plodů (teplotně ošetřených).

Příloha 3: Vytipované hodnoty m/z pro jednotlivé vzorky analyzovaného vánočního cukroví, jež sloužily k porovnání s unikátními hodnotami m/z pro referenční skořápkové plody.

Příloha 4: Kompletní přehled dat získaných z měření LC-ESI-Q-TOF MS po srovnání s rostlinnou databází proteinů (UniProt).

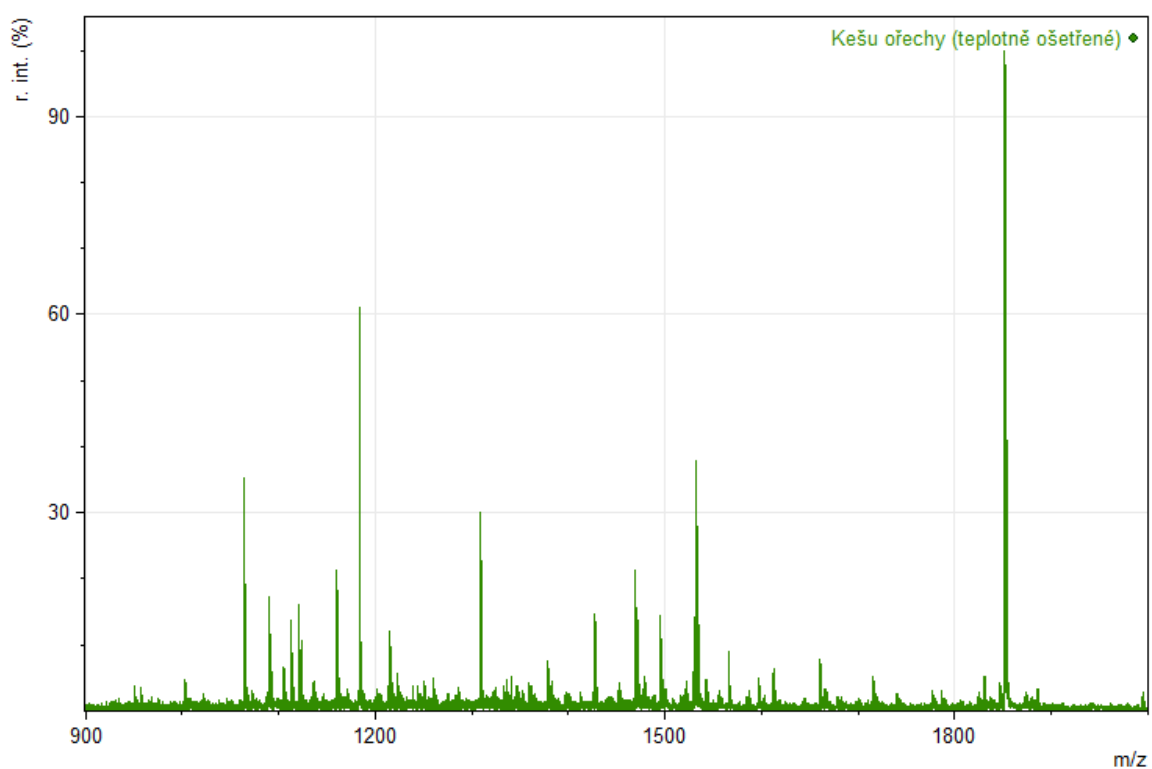
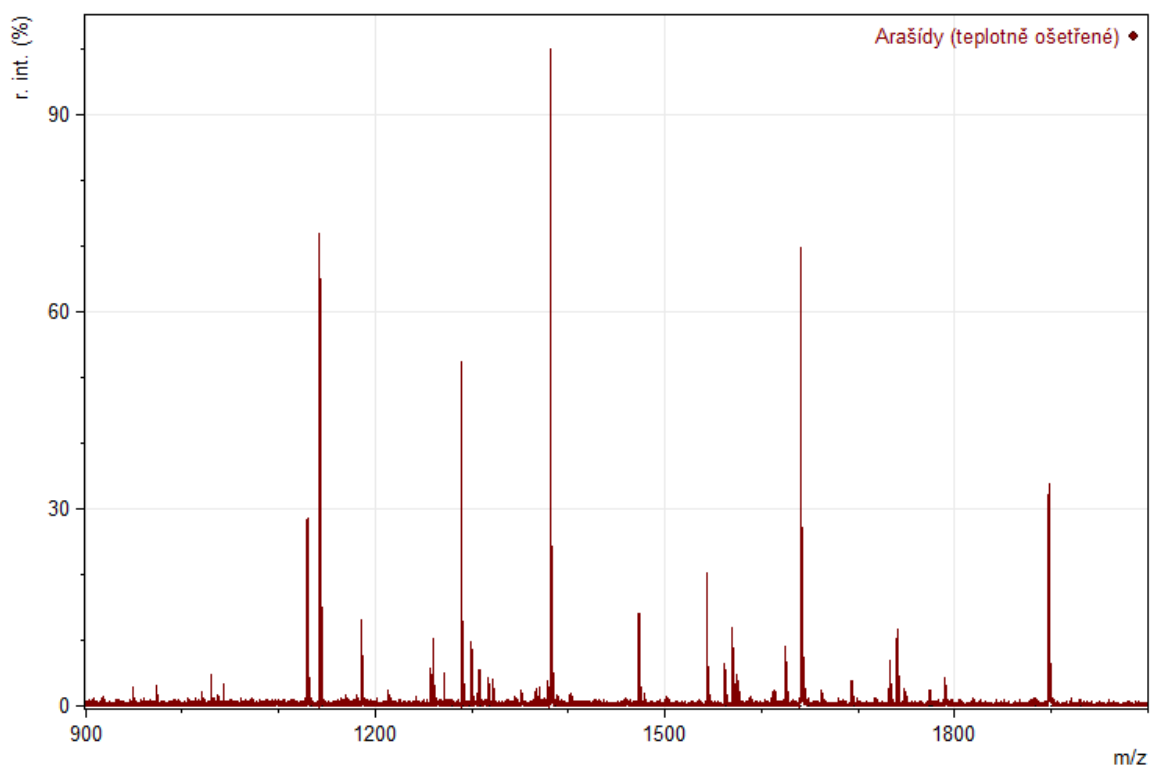
Přílohy

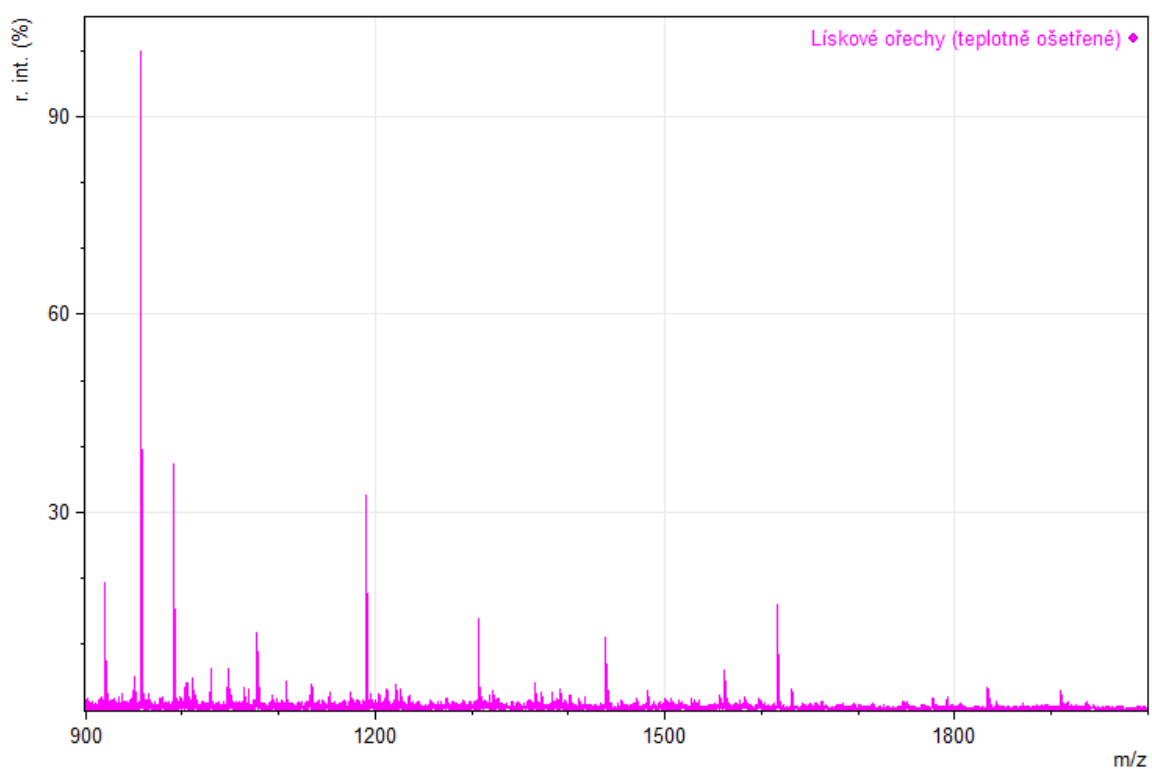
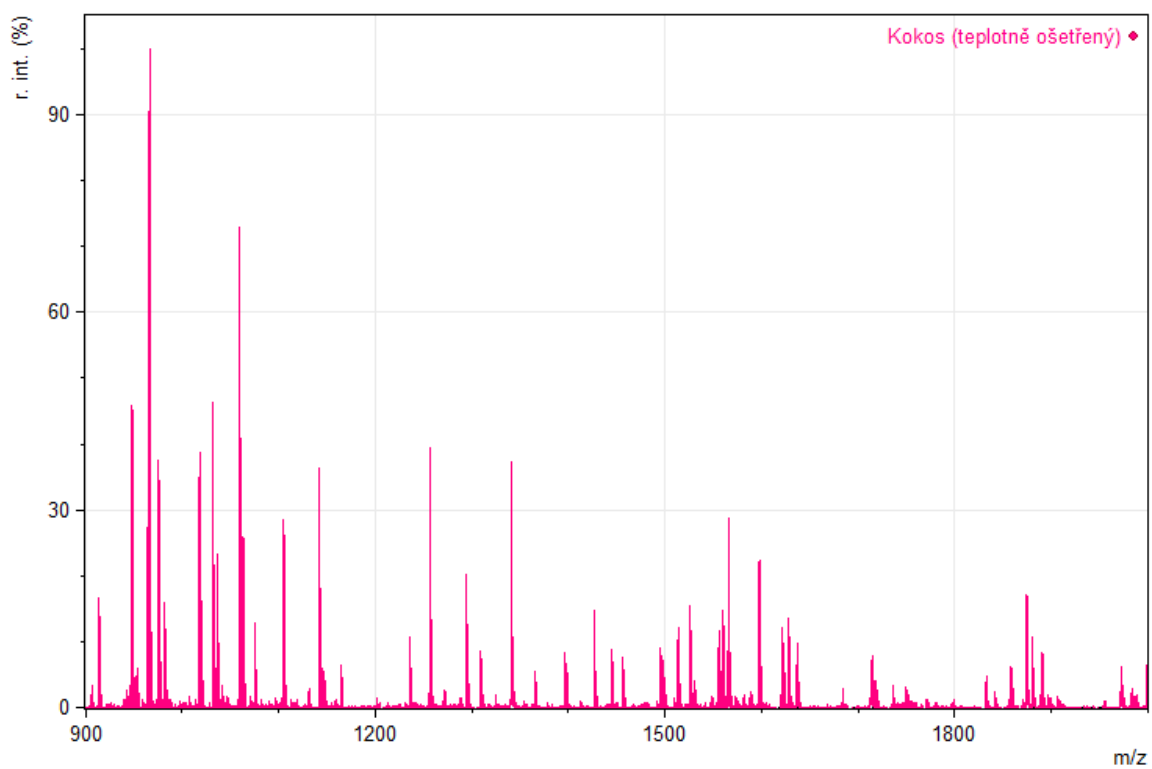
Příloha č. 1: Složení zakoupeného vánočního cukroví (uváděné výrobcem).

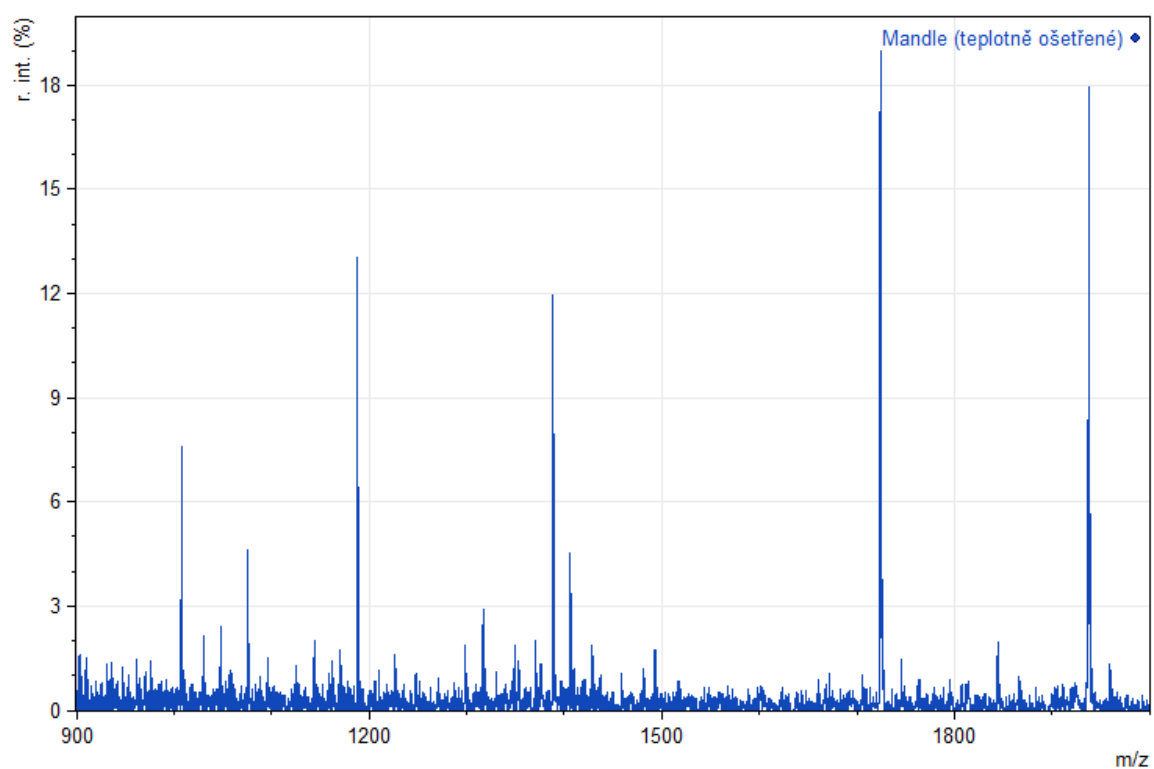
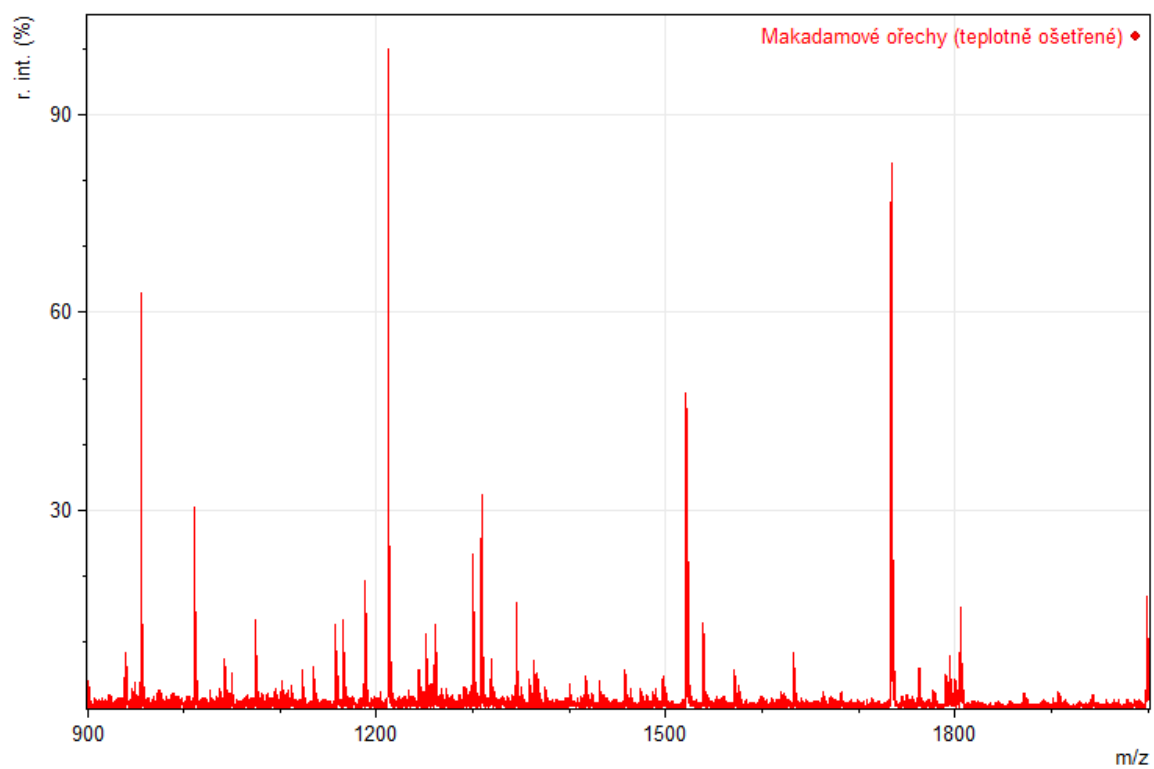
Název vánočního cukroví	Složení uváděné výrobcem
Kávové zrno	Cukr krupice, cukr vanilkový, vejce, rychlošlehačí pasta (voda, emulgátor: monoglyceridy a diglyceridy mastných kyselin, estery polyglycerolu s mastnými kyselinami, stabilizátor: sorbitol, přírodní pomerančové aroma), hladká mouka, kypřicí prášek do pečiva, řepkový olej, cukr moučka, vaječný koňak (líh, cukr, mléko, žloutek), kakao, přepuštěné máslo, <i>mandle loupané</i> , kávová pasta (glukózový sirup, kávový extrakt 10%, barvivo E150a (karamel), sušená káva (2,4 %), slunečnicový olej, aromata).
Kokoska	Ovocná náplň jahoda (ovocný protlak, jablka, aroma, jahoda, glukózový sirup), <i>kokosová moučka</i> , vaječný bílek, cukr krupice.
Kulička v kokosu	Cukr krupice, cukr vanilkový, vejce, rychlošlehačí pasta (voda, emulgátor: monoglyceridy a diglyceridy mastných kyselin, estery polyglycerolu s mastnými kyselinami, stabilizátor: sorbitol, přírodní pomerančové aroma), hladká mouka, kypřicí prášek do pečiva, řepkový olej, cukr moučka, žloutek, rum, kakao, <i>vlašská jádra</i> , <i>kokos</i> .
Skořicové pracny	Vanilkový cukr, cukr moučka, vaječný žloutek, hřebíček, skořice, citropasta (jablečná dřev, glukózový sirup, kukuřičný škrob, kyselina citrónová, citronové aroma), kakaový prášek, <i>vlašská jádra</i> , máslo, hladká mouka.
Vaflové rybičky	Hladká mouka, máslo, cukr moučka, vejce, <i>vlašská jádra</i> , <i>mandle loupané</i> , cukrářská kakaová poleva (palmojádrový tuk, sójový lecitin, polyglycerol kakao, aroma), ovocná náplň jahoda (ovocný protlak, jablka).
Vanilkové rohlíčky	<i>Vlašská jádra</i> , <i>lísková jádra</i> , cukr moučka, vepřové sádlo, vejce, mouka hladká, máslo, vanilkový cukr, škvařené sádlo.

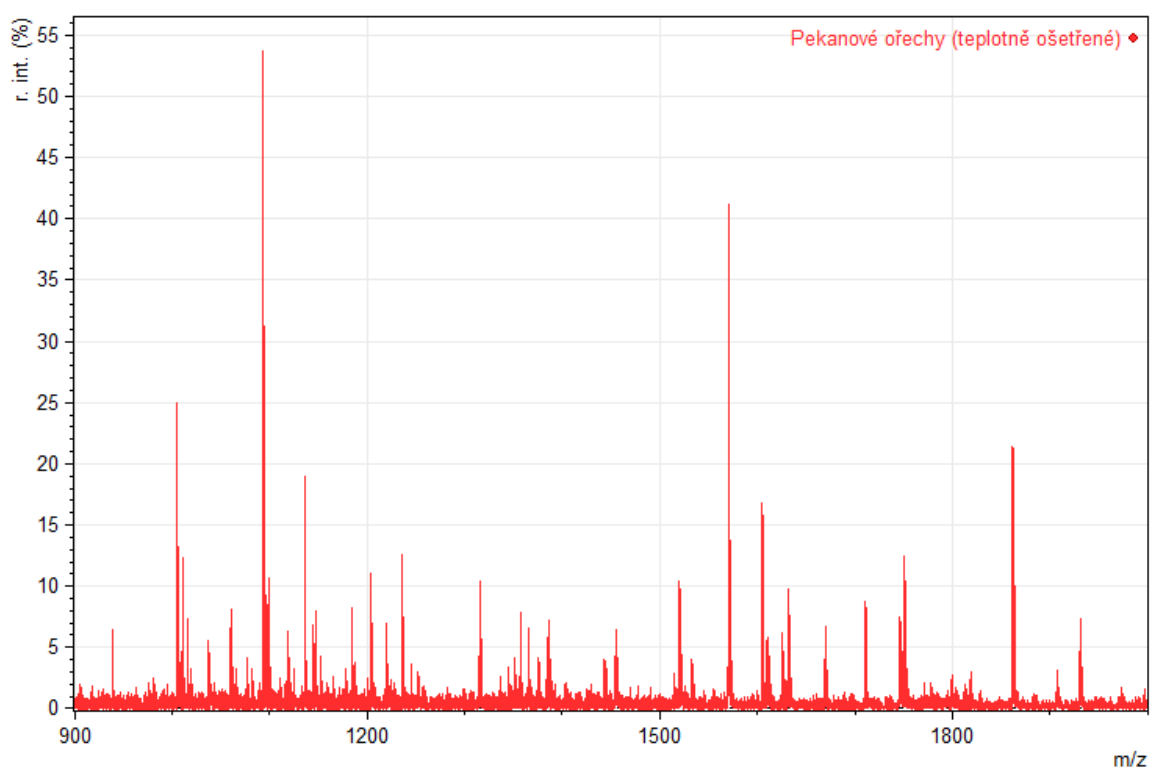
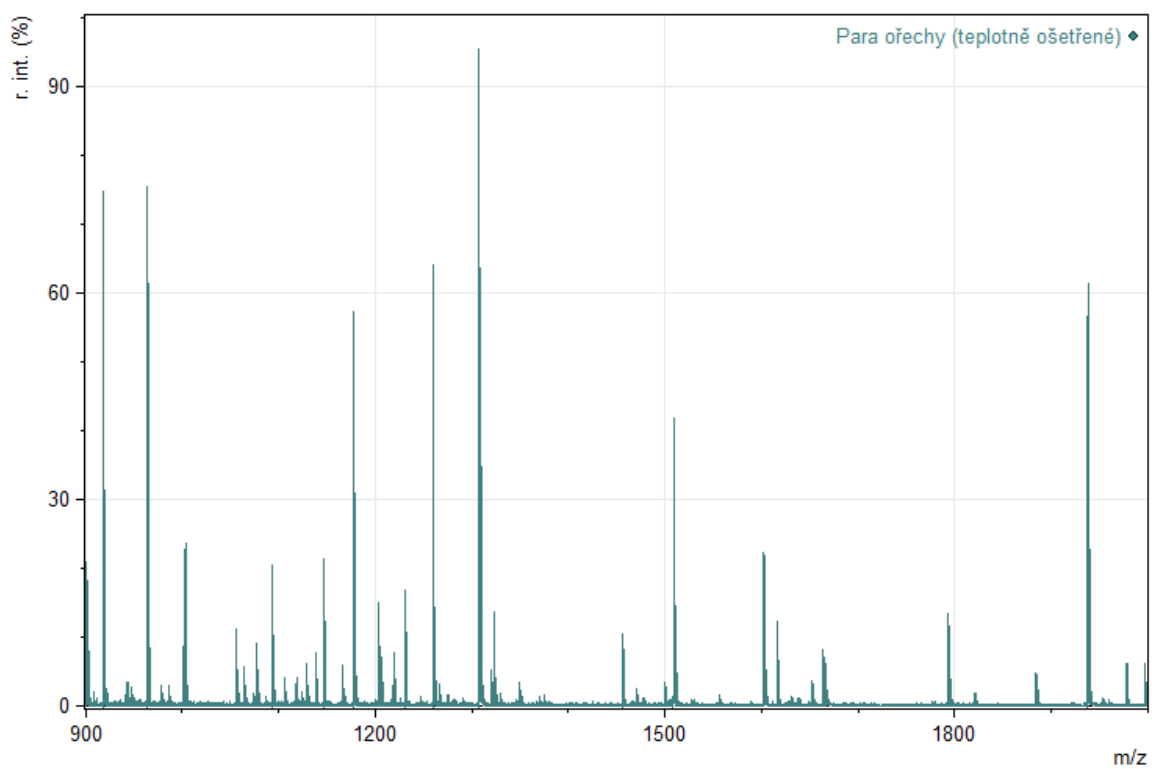
Pozn. zdroj: etiketa vánočního cukroví, výrobce: Pekárna Kabát s. r. o., Nad Zavázkou 5, 143 00, Praha 4, IČO 02050242, zakoupeno v prosinci 2022, datum spotřeby: 2.1.2023.

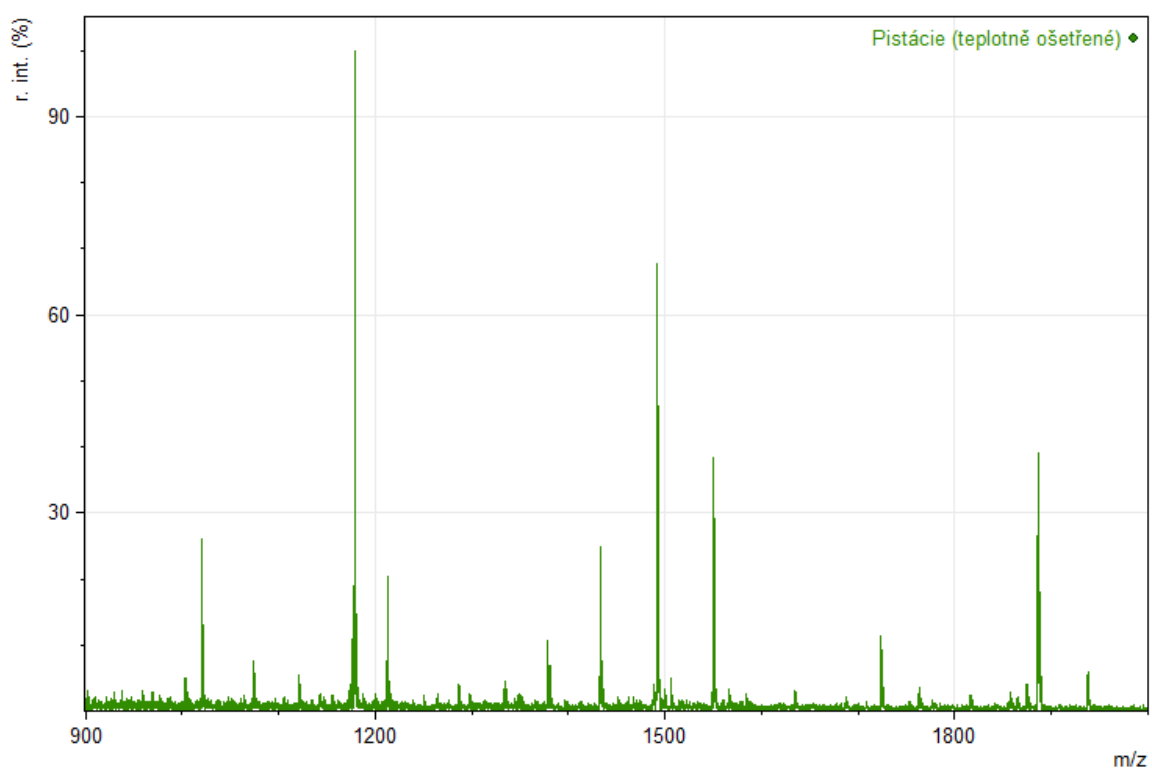
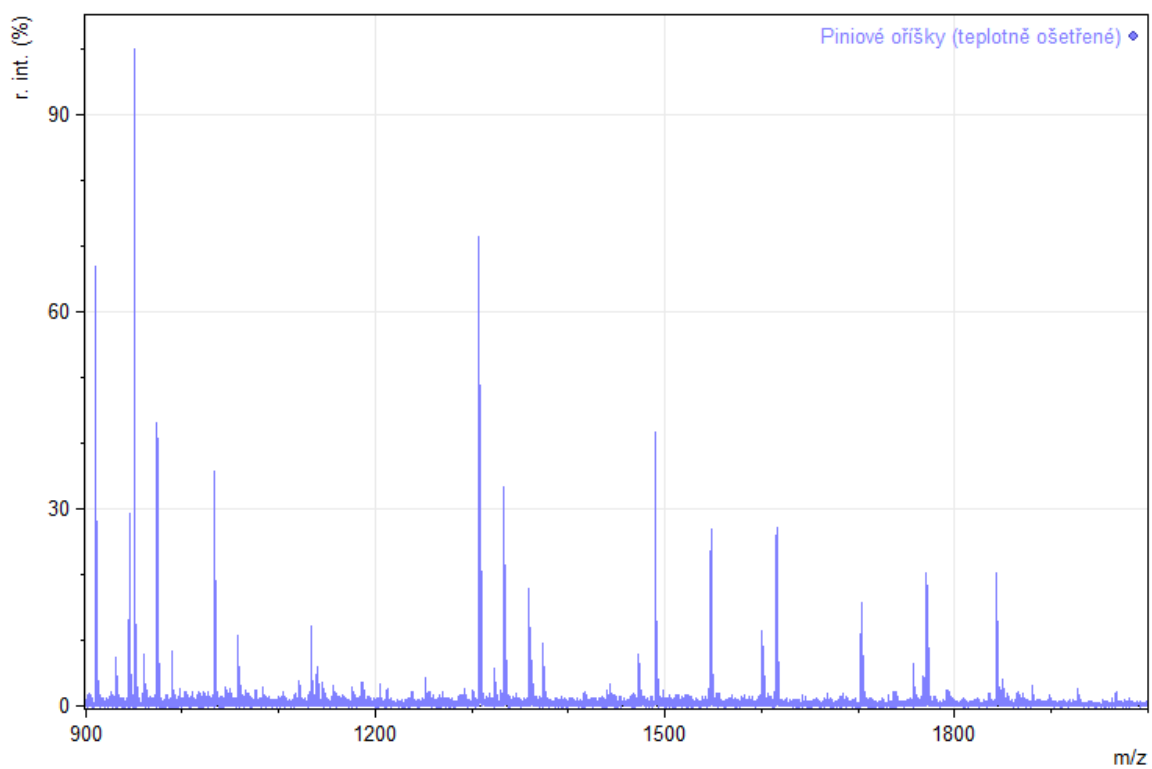
Příloha č. 2: Hmotnostní spektra pro všech jedenáct skořápkových plodů (teplotně ošetřených).

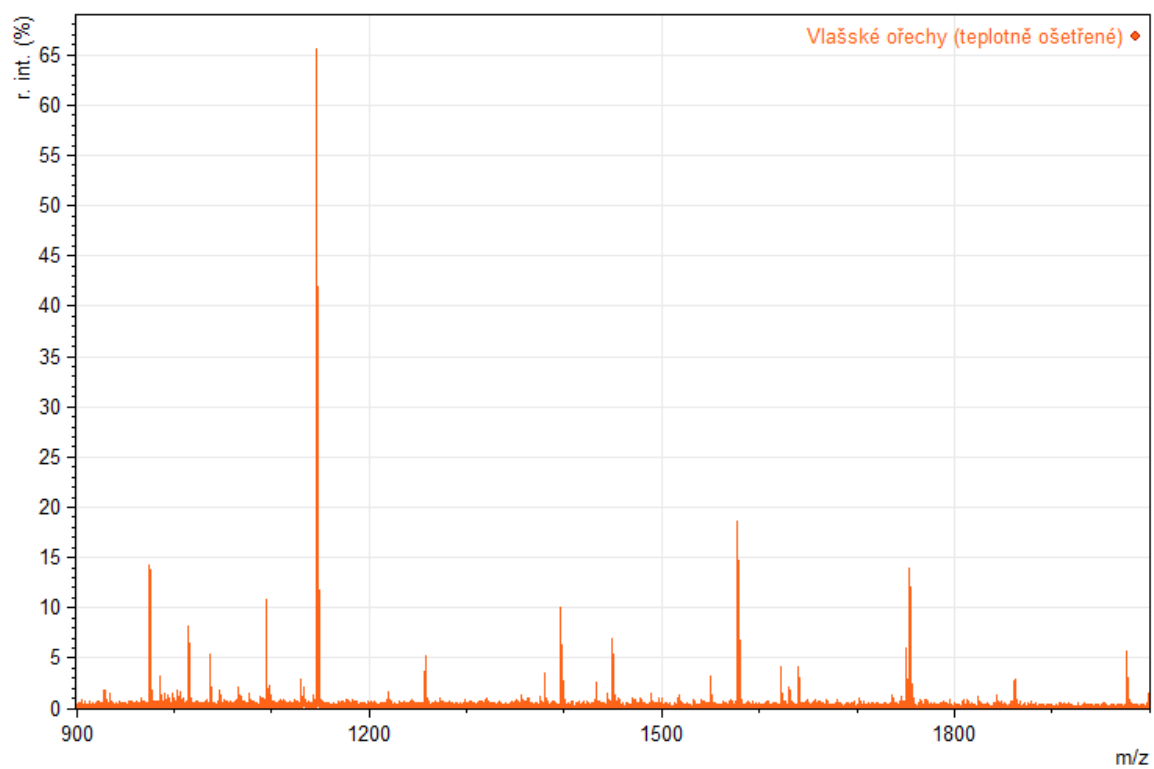












Příloha č. 3: Vytipované hodnoty m/z pro jednotlivé vzorky analyzovaného vánočního cukroví, jež sloužily k porovnání s unikátními hodnotami m/z pro referenční skořápkové plody.

Název vánočního cukroví	Veškeré vytipované unikátní hodnoty m/z (přípustná odchylka $\pm 0,3 m/z$); hodnoty následně porovnávány s hodnotami referenčních skořápkových plodů											
Domácí ořechová sušenka	800,5	818,5	974,6	1130,8	1146,7	1217,8	1256,8	1370,9	1373,8	1430,8	1498,9	1516,9
(při analýze neznámý vzorek)	1672,9	1688,1	1829,1	1859,2	1916,2	1918,2	1975,2	1977,1	2064,2	2131,2		
Kávové zrno	701,2	780,2	818,1	827,2	830,2	860,3	906,2	933,3	979,3	991,4	1002,3	1016,4
	1023,3	1028,3	1035,3	1046,3	1050,4	1077,3	1085,4	1097,3	1110,3	1130,3	1145,3	1164,3
	1176,3	1187,4	1209,4	1218,4	1243,4	1256,4	1267,5	1271,5	1280,4	1313,5	1326,4	1345,5
	1373,5	1401,5	1431,4	1445,5	1454,5	1487,6	1530,6	1534,6	1548,4	1555,4	1560,4	1568,5
	1576,4	1581,4	1629,6	1641,5	1654,6	1667,6	1687,5	1700,5	1734,4	1743,5	1753,5	1759,7
	1769,6	1773,5	1806,6	1858,6	1860,7	1873,6	1890,6	1903,5	1905,6			
Kokoska	703,3	780,3	804,4	818,3	878,3	888,4	947,4	965,3	975,4	1016,5	1019,5	1025,4
	1032,4	1035,4	1045,4	1047,4	1058,5	1062,4	1105,4	1141,5	1178,6	1209,4	1255,6	1293,4
	1308,5	1340,6	1345,6	1364,5	1396,5	1412,6	1425,5	1428,5	1465,7	1495,5	1525,6	1534,7
	1555,6	1565,6	1581,6	1583,6	1627,6	1635,6	1637,6	1652,6	1668,7	1672,7	1675,6	1687,7
	1689,7	1717,6	1753,6	1773,7	1788,7	1841,8	1858,8	1860,8	1872,7	1880,8	2030,7	

Název vánočního cukroví	Veškeré vytipované unikátní hodnoty m/z (přípustná odchylka $\pm 0,3 m/z$); hodnoty následně porovnávány s hodnotami referenčních skořápkových plodů											
	Kulička v kokosu (A)	703,3	804,4	818,3	965,3	974,4	1016,5	1031,4	1035,4	1058,5	1062,4	1074,5
	1141,5	1293,5	1308,5	1332,6	1339,6	1364,6	1406,6	1425,5	1445,7	1496,6	1524,6	1554,6
	1560,7	1564,6	1581,6	1586,7	1591,6	1626,6	1635,7	1687,7	1788,8	1858,8	1872,7	1974,8
	2030,8											
Kulička v kokosu (B)	703,4	787,5	804,5	818,4	878,5	913,4	947,6	965,5	974,6	1016,6	1031,6	1035,6
	1058,6	1062,5	1074,6	1104,6	1163,6	1234,6	1255,6	1269,6	1293,5	1308,5	1332,6	1339,6
	1364,6	1395,6	1425,6	1449,8	1474,7	1494,6	1496,7	1524,6	1554,6	1564,6	1586,8	1593,8
	1618,8	1626,7	1635,7	1788,9	1824,9	1830,8	1872,8	1892,9	1900,8	2030,9		
Skořicové pracny	741,8	818,7	854,8	861,8	933,9	974,9	989,9	1002,9	1046,9	1064,9	1066,9	1093,9
	1110,9	1130,9	1145,9	1218,9	1257,1	1268,2	1272,2	1374,3	1379,1	1396,1	1431,2	1449,2
	1488,3	1531,3	1549,3	1577,3	1639,4	1655,5	1659,5	1668,5	1701,4	1744,5	1749,3	1753,5
	1769,4	1807,5	1818,4	1823,5	2226,5	2362,8	2364,8					
Vaflové rybičky	805,5	818,5	861,5	974,6	1006,9	1046,7	1050,7	1064,7	1095,5	1110,7	1124,6	1130,7
	1142,7	1145,7	1157,8	1225,2	1256,9	1267,8	1302,8	1313,9	1326,8	1355,7	1372,8	1396,8
	1428,8	1430,8	1448,9	1479,8	1516,8	1534,9	1581,8	1638,9	1659,9	1670,9	1672,9	1682,9
	1687,9	1749,2	1752,9	1770,1	1781,9	1822,9	1858,9	1860,9	1881,3	1910,2	1938,2	1956,1
	1974,9	1976,9										
Vanilkové rohlíčky	818,7	1002,9	1016,9	1110,8	1145,8	1157,8	1267,9	1346,2	1556,2	1582,2	1688,3	1859,5
	1861,6											

Zeleně potvrzena přítomnost deklarovaných plodů; žlutě označeno vždy po jedné shodě s nedeklarovanými druhy, v jednom případě s deklarovaným plodem.

Příloha č. 4: Kompletní přehled dat získaných z měření LC-ESI-Q-TOF MS po srovnání s rostlinnou databází proteinů (UniProt).

Označení vzorku	m/z	Mr	Kód proteinu	Název proteinu včetně pravděpodobného původu	Úsek sekvence aminokyselin	Aminokyselinová sekvence
C1a	705,3	704,3	ENO_ALNGL	Enolase OS=Alnus glutinosa GN=PGH1 PE=2 SV=1	435–440	R.TPVEPY.-
C1a	714,3	713,3	H4_ARATH	Histone H4 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g07660 PE=1 SV=2	97–103	R.TLYGFGG.-
C1a	406,2	810,4	G3PC2_HORVU	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 2, cytosolic (Fragment) OS=Hordeum vulgare GN=GAPC PE=2 SV=1	198–204	K.LTGMAFR.V
C1a	406,2	810,4	G3PC_GINBI	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Ginkgo biloba PE=2 SV=1	233–239	K.LTGMAFR.V
C1a	406,2	810,4	G3PC_MAGLI	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Magnolia liliiflora GN=GAPC PE=2 SV=1	232–238	K.LTGMAFR.V
C1a	406,3	810,5	G3PC_GINBI	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Ginkgo biloba PE=2 SV=1	225–232	K.VLPALNGK.L
C1a	406,3	810,5	G3PC_MAGLI	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Magnolia liliiflora GN=GAPC PE=2 SV=1	224–231	K.VLPALNGK.L
C1a	406,3	810,5	G3PC_PEA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Pisum sativum GN=GAPC1 PE=1 SV=1	223–230	K.VLPALNGK.L
C1a	407,8	813,5	G3PC2_HORVU	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 2, cytosolic (Fragment) OS=Hordeum vulgare GN=GAPC PE=2 SV=1	89–96	K.VIISAPSK.D
C1a	407,8	813,5	G3PC_ANTMA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Antirrhinum majus GN=GAPC PE=1 SV=1	121–128	K.VIISAPSK.D
C1a	407,8	813,5	G3PC_MAGLI	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Magnolia liliiflora GN=GAPC PE=2 SV=1	123–130	K.VIISAPSK.D
C1a	407,8	813,5	G3PC_PEA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Pisum sativum GN=GAPC1 PE=1 SV=1	122–129	K.VIISAPSK.D
C1a	409,7	817,4	AVLBA_WHEAT	Avenin-like b10 OS=Triticum aestivum PE=3 SV=1	248–254	R.MSLQALR.S
C1a	411,3	820,5	H2A1_PEA	Histone H2A.1 OS=Pisum sativum PE=2 SV=1	91–97	R.HLLLA VR.N
C1a	417,2	832,5	G3PC_ANTMA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Antirrhinum majus GN=GAPC PE=1 SV=1	6–13	K.IGINGFGR.I
C1a	417,2	832,5	G3PC_GINBI	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Ginkgo biloba PE=2 SV=1	9–16	K.IGINGFGR.I
C1a	417,2	832,5	G3PC_MAGLI	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Magnolia liliiflora GN=GAPC PE=2 SV=1	8–15	K.IGINGFGR.I
C1a	417,2	832,5	G3PC_PEA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Pisum sativum GN=GAPC1 PE=1 SV=1	7–14	K.IGINGFGR.I

Označení vzorku	m/z	Mr	Kód proteinu	Název proteinu včetně pravděpodobného původu	Úsek sekvence aminokyselin	Aminokyselinová sekvence
C1a	422,3	842,5	RIP1_HORVU	Protein synthesis inhibitor I OS=Hordeum vulgare GN=RIP30 PE=1 SV=2	128–135	K.LTNVALGR.Q
C1a	423,2	844,5	CHSJ_PETHY	Chalcone synthase J OS=Petunia hybrida GN=CHSJ PE=2 SV=2	2–8	M.VTVEEIR.R
C1a	428,8	855,5	AAT5_ARATH	Aspartate aminotransferase, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=ASP5 PE=2 SV=2	160–167	R.LAAALIER.Y
C1a	435,3	868,5	G3PC2_HORVU	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 2, cytosolic (Fragment) OS=Hordeum vulgare GN=GAPC PE=2 SV=1	190–197	K.VLPELNGK.L
C1a	445,8	889,5	EF2_BETVU	Elongation factor 2 OS=Beta vulgaris PE=2 SV=1	483–490	K.FSVSPVVR.V
C1a	450,8	899,5	CH60C_ARATH	Chaperonin CPN60-like 2, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=At3g13860 PE=1 SV=2	187–194	R.EIGELIAR.A
C1a	453,8	905,5	RS91_ARATH	40S ribosomal protein S9-1 OS=Arabidopsis thaliana GN=RPS9B PE=1 SV=1	32–39	K.LVGEYGLR.N
C1a	456,8	911,6	HSD5_ARATH	11-beta-hydroxysteroid dehydrogenase-like 5 OS=Arabidopsis thaliana GN=HSD5 PE=2 SV=1	73–81	R.GANLVLVAR.R
C1a	457,8	913,6	EF1A_MAIZE	Elongation factor 1-alpha OS=Zea mays GN=EF1A PE=3 SV=1	419–427	R.QTVAVGVIK.S
C1a	470,3	938,6	H2B10_ARATH	Histone H2B.10 OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g22880 PE=1 SV=3	121–129	R.LVLPGELAK.H
C1a	472,8	943,5	H2A1_PEA	Histone H2A.1 OS=Pisum sativum PE=2 SV=1	30–38	R.AGLQFPVGR.V
C1a	476,7	951,5	GLGL1_HORVU	Glucose-1-phosphate adenylyltransferase large subunit 1, chloroplastic/amyloplastic OS=Hordeum vulgare PE=2 SV=2	381–388	K.TPFFTSR.Y
C1a	481,3	960,5	IACX1_WHEAT	Trypsin/alpha-amylase inhibitor CMX1/CMX3 OS=Triticum aestivum PE=2 SV=1	112–120	R.EFIAGIVGR.E
C1a	481,8	961,5	AAT3_ARATH	Aspartate aminotransferase 3, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=ASP3 PE=1 SV=1	76–84	K.LNLVVGAYR.T
C1a	481,8	961,5	AATM_LUPAN	Aspartate aminotransferase P2, mitochondrial (Fragment) OS=Lupinus angustifolius PE=1 SV=1	81–89	K.LNLVVGAYR.T
C1a	481,8	961,5	AAT5_ARATH	Aspartate aminotransferase, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=ASP5 PE=2 SV=2	80–88	K.LNLVVGAYR.T
C1a	485,3	968,6	RL5_CUCSA	60S ribosomal protein L5 OS=Cucumis sativus GN=RPL5 PE=2 SV=1	143–151	R.ALLDVGLIR.T
C1a	488,3	974,5	CAPP1_SORBI	Phosphoenolpyruvate carboxylase 1 OS=Sorghum bicolor GN=PEPC PE=2 SV=1	720–727	R.SIVFQEPR.F
C1a	488,3	974,5	EF1A_MAIZE	Elongation factor 1-alpha OS=Zea mays GN=EF1A PE=3 SV=1	236–243	R.LPLQDVYK.I
C1a	489,8	977,5	ENO_ORYSJ	Enolase OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=ENO1 PE=1 SV=2	439–446	K.FRAPVEPY.-

Označení vzorku	m/z	Mr	Kód proteinu	Název proteinu včetně pravděpodobného původu	Úsek sekvence aminokyselin	Aminokyselinová sekvence
C1a	508,8	1015,5	AMYB_HORVS	Beta-amylase OS=Hordeum vulgare subsp. spontaneum GN=BMY1 PE=1 SV=1	411–418	K.LFGFTYLR.L
C1a	508,8	1015,5	AMYB_WHEAT	Beta-amylase OS=Triticum aestivum GN=BMY1 PE=2 SV=1	411–418	K.LFGFTYLR.L
C1a	509,8	1017,6	PUIB_WHEAT	Puroindoline-B OS=Triticum aestivum GN=PINB PE=1 SV=1	109–117	R.LGGFLGIWR.G
C1a	512,3	1022,5	IAC16_WHEAT	Alpha-amylase/trypsin inhibitor CM16 OS=Triticum aestivum PE=1 SV=1	108–115	R.EVQMDFVR.I
C1a	513,3	1024,6	EF1A_MAIZE	Elongation factor 1-alpha OS=Zea mays GN=EF1A PE=3 SV=1	244–254	K.IGGIGTVPVGR.V
C1a	513,7	1025,5	EF1A_MAIZE	Elongation factor 1-alpha OS=Zea mays GN=EF1A PE=3 SV=1	205–212	R.STNLDWYK.G
C1a	516,3	1030,6	GLRX_RICCO	Glutaredoxin OS=Ricinus communis PE=1 SV=1	66–75	R.TVPNVFIGGK.H
C1a	520,8	1039,6	RS6_ASPOF	40S ribosomal protein S6 OS=Asparagus officinalis GN=rps6 PE=2 SV=1	183–191	R.LVTPLTLQR.K
C1a	522,8	1043,5	GLT4_WHEAT	Glutenin, high molecular weight subunit PW212 OS=Triticum aestivum PE=3 SV=1	34–41	R.ELQELQER.E
C1a	525,8	1049,6	IAA2_WHEAT	Alpha-amylase inhibitor 0.28 OS=Triticum aestivum GN=IMA1 PE=1 SV=3	95–103	R.SVYQELGVR.E
C1a	526,3	1050,5	IAA2_WHEAT	Alpha-amylase inhibitor 0.28 OS=Triticum aestivum GN=IMA1 PE=1 SV=3	130–139	K.VPIPNSGDR.A
C1a	533,3	1064,6	UBIQ_AVESA	Ubiquitin OS=Avena sativa PE=1 SV=1	55–63	R.TLADYNIQK.E
C1a	534,3	1066,6	UBIQ_AVESA	Ubiquitin OS=Avena sativa PE=1 SV=1	64–72	K.ESTLHLVLR.L
C1a	534,8	1067,7	HSD5_ARATH	11-beta-hydroxysteroid dehydrogenase-like 5 OS=Arabidopsis thaliana GN=HSD5 PE=2 SV=1	72–81	K.RGANLVLVAR.R
C1a	537,3	1072,6	TIP31_ARATH	Aquaporin TIP3-1 OS=Arabidopsis thaliana GN=TIP3-1 PE=2 SV=1	211–220	R.AFGPALVGWR.W
C1a	539,8	1077,6	FRI_MALBX	Ferritin, chloroplastic OS=Malus baccata var. xiaojinensis PE=3 SV=1	225–233	K.ISEYVAQLR.R
C1a	555,8	1109,5	IAAC3_WHEAT	Alpha-amylase/trypsin inhibitor CM3 OS=Triticum aestivum PE=1 SV=1	133–140	R.EMQWDFVR.L
C1a	557,3	1112,6	GLT0_WHEAT	Glutenin, high molecular weight subunit DY10 OS=Triticum aestivum GN=GLU-D1-2B PE=3 SV=1	45–54	R.QVVDQQLAGR.L
C1a	561,3	1120,6	LGUL_ORYSJ	Lactoylglutathione lyase OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=GLX-I PE=1 SV=2	256–266	R.QPGPLPGLNTK.I
C1a	574,3	1146,6	ACT_GOSHI	Actin OS=Gossypium hirsutum PE=3 SV=1	318–328	K.EITALAPSSMK.I
C1a	576,3	1150,7	SPZ1A_WHEAT	Serpin-Z1A OS=Triticum aestivum GN=WZCI PE=1 SV=1	172–181	K.LVLANALYFK.G
C1a	588,3	1174,6	IAC16_WHEAT	Alpha-amylase/trypsin inhibitor CM16 OS=Triticum aestivum PE=1 SV=1	55–65	R.IETPGSPYLAK.Q

Označení vzorku	m/z	Mr	Kód proteinu	Název proteinu včetně pravděpodobného původu	Úsek sekvence aminokyselin	Aminokyselinová sekvence
C1a	588,8	1175,6	SPZ1A_WHEAT	Serpin-Z1A OS=Triticum aestivum GN=WZCI PE=1 SV=1	261–270	K.LSAEPDFLER.H
C1a	590,8	1179,6	H4_ARATH	Histone H4 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g07660 PE=1 SV=2	47–56	R.ISGLIYEETR.G
C1a	594,3	1186,6	GDB2_WHEAT	Gamma-gliadin OS=Triticum aestivum PE=3 SV=1	315–327	R.APFASIVAGIGGQ.-
C1a	594,8	1187,6	GLT0_WHEAT	Glutenin, high molecular weight subunit DY10 OS=Triticum aestivum GN=GLU-D1-2B PE=3 SV=1	55–64	R.LPWSTGLQMR.C
C1a	599,4	1196,7	MD37D_ARAT H	Probable mediator of RNA polymerase II transcription subunit 37c OS=Arabidopsis thaliana GN=MED37D PE=1 SV=2	164–175	K.DAGVIAGLNVLR.I
C1a	400,2	1197,7	ACT_GOSHI	Actin OS=Gossypium hirsutum PE=3 SV=1	31–41	R.AVFPSIVGRPR.H
C1a	600,3	1198,6	METE_MESCR	5-methyltetrahydropteroyltriglutamate--homocysteine methyltransferase OS=Mesembryanthemum crystallinum GN=METE PE=2 SV=1	19–28	K.FALESFWDGK.S
C1a	601,3	1200,6	GRDH_DAUCA	Glucose and ribitol dehydrogenase OS=Daucus carota GN=CAISE5 PE=2 SV=1	43–55	K.VALVTGGDSGIGR.S
C1a	609,3	1216,6	GDBB_WHEAT	Gamma-gliadin B OS=Triticum aestivum PE=3 SV=1	279–291	R.APFASIVASIGGQ.-
C1a	614,8	1227,6	HSP70_MAIZE	Heat shock 70 kDa protein OS=Zea mays GN=HSP70 PE=3 SV=2	28–38	R.VEIIANDQGNR.T
C1a	614,8	1227,6	MD37D_ARAT H	Probable mediator of RNA polymerase II transcription subunit 37c OS=Arabidopsis thaliana GN=MED37D PE=1 SV=2	29–39	R.VEIIANDQGNR.T
C1a	616,3	1230,7	HSP7E_ARATH	Heat shock 70 kDa protein 5 OS=Arabidopsis thaliana GN=HSP70-5 PE=2 SV=1	242–251	R.LVNHFVAEFR.R
C1a	618,3	1234,6	METE_MESCR	5-methyltetrahydropteroyltriglutamate--homocysteine methyltransferase OS=Mesembryanthemum crystallinum GN=METE PE=2 SV=1	100–111	R.GNASVPAMEMTK.W
C1a	627,8	1253,6	HSP7E_ARATH	Heat shock 70 kDa protein 5 OS=Arabidopsis thaliana GN=HSP70-5 PE=2 SV=1	28–38	R.VEIIANDQGNR.T
C1a	637,3	1272,6	LEA34_GOSHI	Late embryogenesis abundant protein D-34 OS=Gossypium hirsutum PE=4 SV=1	225–236	R.QDAEGVVSALR.N
C1a	639,8	1277,6	HSP70_MAIZE	Heat shock 70 kDa protein OS=Zea mays GN=HSP70 PE=3 SV=2	241–250	R.MVNHFVQEFK.R
C1a	639,8	1277,6	MD37D_ARAT H	Probable mediator of RNA polymerase II transcription subunit 37c OS=Arabidopsis thaliana GN=MED37D PE=1 SV=2	243–252	R.MVNHFVQEFK.R
C1a	640,9	1279,8	RUBB_BRANA	RuBisCO large subunit-binding protein subunit beta, chloroplastic OS=Brassica napus PE=2 SV=1	161–173	K.VVAAGANPVLITR.G
C1a	646,9	1291,7	SPZ1A_WHEAT	Serpin-Z1A OS=Triticum aestivum GN=WZCI PE=1 SV=1	289–300	K.ISFGIEASDLLK.C
C1a	646,9	1291,7	SPZ2A_WHEAT	Serpin-Z2A OS=Triticum aestivum PE=1 SV=1	289–300	K.ISFGIEASDLLK.H

Označení vzorku	m/z	Mr	Kód proteinu	Název proteinu včetně pravděpodobného původu	Úsek sekvence aminokyselin	Aminokyselinová sekvence
C1a	648,8	1295,7	HSD5_ARATH	11-beta-hydroxysteroid dehydrogenase-like 5 OS=Arabidopsis thaliana GN=HSD5 PE=2 SV=1	204–214	K.AALVNFYETLR.F
C1a	658,4	1314,7	MAOX_PHAVU	NADP-dependent malic enzyme OS=Phaseolus vulgaris GN=ME1 PE=1 SV=1	179–190	K.SIQVIVVTDGER.I
C1a	440,9	1319,7	ALF2_PEA	Fructose-bisphosphate aldolase, cytoplasmic isozyme 2 OS=Pisum sativum PE=1 SV=1	239–250	K.VAPEVIAEHTVR.A
C1a	663,4	1324,7	H4_ARATH	Histone H4 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g07660 PE=1 SV=2	25–36	R.DNIQGITKPAIR.R
C1a	663,8	1325,7	AMYB_HORVS	Beta-amylase OS=Hordeum vulgare subsp. spontaneum GN=BMV1 PE=1 SV=1	384–394	R.YDPTAYNTILR.N
C1a	673,4	1344,7	AATM_LUPAN	Aspartate aminotransferase P2, mitochondrial (Fragment) OS=Lupinus angustifolius PE=1 SV=1	147–160	R.VATVQGLSGTGLR.L
C1a	679,8	1357,6	HSP70_MAIZE	Heat shock 70 kDa protein OS=Zea mays GN=HSP70 PE=3 SV=2	542–552	K.NALENYAYNMR.N
C1a	679,8	1357,6	MD37D_ARATH	Probable mediator of RNA polymerase II transcription subunit 37c OS=Arabidopsis thaliana GN=MED37D PE=1 SV=2	546–556	K.NALENYAYNMR.N
C1a	682,4	1362,7	MDHC_MEDSA	Malate dehydrogenase, cytoplasmic OS=Medicago sativa GN=CMDH PE=1 SV=1	299–310	K.IVQGLSIDEFSR.K
C1a	704,9	1407,7	CYPH_LUPLU	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase OS=Lupinus luteus PE=2 SV=1	20–31	R.IVMELYADTTTPR.T
C1a	705,4	1408,8	ATPBM_HEVBR	ATP synthase subunit beta, mitochondrial OS=Hevea brasiliensis GN=ATPB PE=2 SV=1	156–169	R.VLNTGSPITVPVGR.A
C1a	717,9	1433,8	G3PC2_HORVU	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 2, cytosolic (Fragment) OS=Hordeum vulgare GN=GAPC PE=2 SV=1	171–185	R.AASFNIIPSSTGAAK.A
C1a	717,9	1433,8	G3PC_ANTMA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Antirrhinum majus GN=GAPC PE=1 SV=1	203–217	R.AASFNIIPSSTGAAK.A
C1a	717,9	1433,8	G3PC_PEA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Pisum sativum GN=GAPC1 PE=1 SV=1	204–218	R.AASFNIIPSSTGAAK.A
C1a	485,3	1452,8	AAT3_ARATH	Aspartate aminotransferase 3, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=ASP3 PE=1 SV=1	85–97	R.TEEGKPLVLNVVR.K
C1a	729,4	1456,8	HS181_ARATH	18.1 kDa class I heat shock protein OS=Arabidopsis thaliana GN=HSP18.1 PE=2 SV=1	131–144	K.ATMENGVLTVVVPK.A
C1a	729,9	1457,7	PDX1_GINBI	Probable pyridoxal biosynthesis protein PDX1 OS=Ginkgo biloba GN=PDX1 PE=2 SV=1	35–48	R.GGVIMDVVNAEQAR.I
C1a	730,3	1458,7	ACT_GOSHI	Actin OS=Gossypium hirsutum PE=3 SV=1	362–374	K.AEYDESGPSIVHR.K
C1a	744,4	1486,7	HSP7E_ARATH	Heat shock 70 kDa protein 5 OS=Arabidopsis thaliana GN=HSP70-5 PE=2 SV=1	39–51	R.TTPSYVAFTDTER.L

Označení vzorku	m/z	Mr	Kód proteinu	Název proteinu včetně pravděpodobného původu	Úsek sekvence aminokyselin	Aminokyselinová sekvence
C1a	744,4	1486,7	HSP70_MAIZE	Heat shock 70 kDa protein OS=Zea mays GN=HSP70 PE=3 SV=2	39–51	R.TTPSYVAFTDTER.L
C1a	749,9	1497,8	G3PC2_HORVU	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 2, cytosolic (Fragment) OS=Hordeum vulgare GN=GAPC PE=2 SV=1	205–218	R.VPTVDVSVVDLTVR.L
C1a	749,9	1497,8	G3PC_ANTMA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Antirrhinum majus GN=GAPC PE=1 SV=1	237–250	R.VPTVDVSVVDLTVR.L
C1a	749,9	1497,8	G3PC_MAGLI	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Magnolia liliiflora GN=GAPC PE=2 SV=1	239–252	R.VPTVDVSVVDLTVR.L
C1a	749,9	1497,8	G3PC_PEA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Pisum sativum GN=GAPC1 PE=1 SV=1	238–251	R.VPTVDVSVVDLTVR.L
C1a	758,4	1514,8	AMYB_HORVS	Beta-amylase OS=Hordeum vulgare subsp. spontaneum GN=BMV1 PE=1 SV=1	259–270	R.FFLAWYSNLIK.H
C1a	514,3	1539,8	HSP70_MAIZE	Heat shock 70 kDa protein OS=Zea mays GN=HSP70 PE=3 SV=2	304–315	R.ARFEELNMDLFR.K
C1a	779,9	1557,8	PSA4_PETHY	Proteasome subunit alpha type-4 OS=Petunia hybrida GN=PAC1 PE=2 SV=1	161–176	K.AAAIGANNQAAQSMK. Q
C1a	781,4	1560,8	SPZ1A_WHEAT	Serpin-Z1A OS=Triticum aestivum GN=WZCI PE=1 SV=1	138–151	K.AAEVTTQVNSWVEK.V
C1a	787,4	1572,8	PGKH_TOBAC	Phosphoglycerate kinase, chloroplastic OS=Nicotiana tabacum PE=1 SV=1	424–440	K.GVTTIIGGGDSVAAVEK.V
C1a	538,3	1611,7	IAA1_WHEAT	Alpha-amylase inhibitor 0.19 OS=Triticum aestivum PE=1 SV=1	67–82	K.EHGAQEGQAGTGAFPR.C
C1a	553,6	1657,8	METE_MESCR	5-methyltetrahydropteroyltriglutamate--homocysteine methyltransferase OS=Mesembryanthemum crystallinum GN=METE PE=2 SV=1	689–704	K.YGAGIGPGVYDIHSPR.I
C1a	829,9	1657,8	ALF_MAIZE	Fructose-bisphosphate aldolase, cytoplasmic isozyme OS=Zea mays PE=1 SV=1	40–53	R.LSSINVENVEENRR.A
C1a	833,4	1664,8	HSP70_MAIZE	Heat shock 70 kDa protein OS=Zea mays GN=HSP70 PE=3 SV=2	59–73	K.NQVAMNPTNTVFDK.R
C1a	559,2	1674,7	HSP7E_ARATH	Heat shock 70 kDa protein 5 OS=Arabidopsis thaliana GN=HSP70-5 PE=2 SV=1	226–241	K.ATAGDTHLGGEDFDNR.L
C1a	559,2	1674,7	HSP70_MAIZE	Heat shock 70 kDa protein OS=Zea mays GN=HSP70 PE=3 SV=2	225–240	K.ATAGDTHLGGEDFDNR. M
C1a	559,2	1674,7	MD37D_ARATH	Probable mediator of RNA polymerase II transcription subunit 37c OS=Arabidopsis thaliana GN=MED37D PE=1 SV=2	227–242	K.ATAGDTHLGGEDFDNR. M
C1a	561,3	1680,9	TPIS_COPJA	Triosephosphate isomerase, cytosolic OS=Coptis japonica PE=2 SV=1	176–190	K.VASPAQAQEVHFLR.K
C1a	850,0	1697,9	IAAC3_WHEAT	Alpha-amylase/trypsin inhibitor CM3 OS=Triticum aestivum PE=1 SV=1	101–115	R.YFIALPVSPQVDPR.S

Označení vzorku	m/z	Mr	Kód proteinu	Název proteinu včetně pravděpodobného původu	Úsek sekvence aminokyselin	Aminokyselinová sekvence
C1a	851,0	1699,9	RIP1_HORVU	Protein synthesis inhibitor I OS=Hordeum vulgare GN=RIP30 PE=1 SV=2	120–135	R.DLLGDTDKLTNVALGR.Q
C1a	854,0	1706,0	HSD5_ARATH	11-beta-hydroxysteroid dehydrogenase-like 5 OS=Arabidopsis thaliana GN=HSD5 PE=2 SV=1	181–195	R.IVVNASVENWLPLPR.M
C1a	855,9	1709,8	PSA1_ORYSJ	Proteasome subunit alpha type-1 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=PAF1 PE=2 SV=1	4–18	R.NQYDQVTTWSPAGR.L
C1a	865,4	1728,8	H2B10_ARATH	Histone H2B.10 OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g22880 PE=1 SV=3	79–93	K.AMGIMNSFINDIFEK.L
C1a	873,0	1743,9	CAPP2_CHLRE	Phosphoenolpyruvate carboxylase 2 OS=Chlamydomonas reinhardtii GN=Ppc2 PE=2 SV=1	799–814	K.GASDVMAVELLQREAR.M
C1a	877,0	1751,9	AMYB_HORVS	Beta-amylase OS=Hordeum vulgare subsp. spontaneum GN=BMY1 PE=1 SV=1	419–433	R.LSNQLVEGQNYVNFK.T
C1a	885,5	1768,9	AMYB_WHEAT	Beta-amylase OS=Triticum aestivum GN=BMY1 PE=2 SV=1	355–370	K.SAPEELVQQVLSAGWR.E
C1a	888,4	1774,8	G3PC2_HORVU	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 2, cytosolic (Fragment) OS=Hordeum vulgare GN=GAPC PE=2 SV=1	280–293	K.LVSWYDNEWGYSTR.V
C1a	888,4	1774,8	G3PC_ANTMA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Antirrhinum majus GN=GAPC PE=1 SV=1	312–325	K.LVSWYDNEWGYSTR.V
C1a	596,7	1787,0	HSP7E_ARATH	Heat shock 70 kDa protein 5 OS=Arabidopsis thaliana GN=HSP70-5 PE=2 SV=1	175–191	R.IINEPTAAAIAVGLDKK.G
C1a	596,7	1787,0	HSP70_MAIZE	Heat shock 70 kDa protein OS=Zea mays GN=HSP70 PE=3 SV=2	174–190	R.IINEPTAAAIAVGLDKK.A
C1a	596,7	1787,0	MD37D_ARATH	Probable mediator of RNA polymerase II transcription subunit 37c OS=Arabidopsis thaliana GN=MED37D PE=1 SV=2	176–192	R.IINEPTAAAIAVGLDKK.A
C1a	896,0	1789,9	ENO_ALNGL	Enolase OS=Alnus glutinosa GN=PGH1 PE=2 SV=1	35–52	R.AAVPSGASTGVYEALELR.D
C1a	896,0	1789,9	ENO_ORYSJ	Enolase OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=ENO1 PE=1 SV=2	36–53	R.AAVPSGASTGVYEALELR.D
C1a	632,6	1894,9	AL2B4_ARATH	Aldehyde dehydrogenase family 2 member B4, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=ALDH2B4 PE=2 SV=1	82–99	R.TGEVIAHVAEGDAEDINR.A
C1a	652,0	1953,1	ACT_GOSHI	Actin OS=Gossypium hirsutum PE=3 SV=1	98–115	R.VAPEEHPVLLTEAPLNPK.A
C1a	996,0	1990,0	GLT4_WHEAT	Glutenin, high molecular weight subunit PW212 OS=Triticum aestivum PE=3 SV=1	82–99	K.GGSFYPGETTPPQQLQQR.I
C1a	667,4	1999,1	MDHC_MEDSA	Malate dehydrogenase, cytoplasmic OS=Medicago sativa GN=CMDH PE=1 SV=1	8–27	R.VLVGTGAAGQIGYALVPMIAR.G

Označení vzorku	m/z	Mr	Kód proteinu	Název proteinu včetně pravděpodobného původu	Úsek sekvence aminokyselin	Aminokyselinová sekvence
C1a	678,4	2032,1	G3PC_ANTMA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Antirrhinum majus GN=GAPC PE=1 SV=1	170–188	R.FGIVEGLMTTVHSITATQK .T
C1a	678,4	2032,1	G3PC_GINBI	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Ginkgo biloba PE=2 SV=1	173–191	R.FGIVEGLMTTVHSITATQK .T
C1a	678,4	2032,1	G3PC_MAGLI	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Magnolia liliiflora GN=GAPC PE=2 SV=1	172–190	K.FGIVEGLMTTVHSITATQK .T
C1a	678,4	2032,1	G3PC_PEA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Pisum sativum GN=GAPC1 PE=1 SV=1	171–189	R.FGIVEGLMTTVHSITATQK .T
C1a	696,4	2086,0	AMYB_WHEAT	Beta-amylase OS=Triticum aestivum GN=BMV1 PE=2 SV=1	129–146	R.NIEYLTLGVDDQPLFHGR. T
C1a	1093,5	2185,0	G3PC_GINBI	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Ginkgo biloba PE=2 SV=1	277–296	K.GILGYTEDDVVSTDFIGDN R.S
C1a	747,1	2238,1	IAAC3_WHEAT	Alpha-amylase/trypsin inhibitor CM3 OS=Triticum aestivum PE=1 SV=1	61–80	K.LPEWMTSASIYSPGKPYLA K.L
C1a	820,8	2459,3	EF1A_MAIZE	Elongation factor 1-alpha OS=Zea mays GN=EF1A PE=3 SV=1	255–278	R.VETGVIKPGMVVTFGPTG LTTEVK.S
C1a	834,1	2499,3	SPZ2A_WHEAT	Serpin-Z2A OS=Triticum aestivum PE=1 SV=1	76–98	R.LHALAEQVVQFVLADASY ADSPR.V
C1a	1151,9	3452,6	GLT0_WHEAT	Glutenin, high molecular weight subunit DY10 OS=Triticum aestivum GN=GLU-D1-2B PE=3 SV=1	185–215	K.GQQGYPTSLQQPGQQG QGYPTSLQHTGQR.Q
C1a	1407,4	4219,0	GLT0_WHEAT	Glutenin, high molecular weight subunit DY10 OS=Triticum aestivum GN=GLU-D1-2B PE=3 SV=1	97–135	K.GGSFYPGETTPLQLQQG IFWGTSSQTVQGYYPGVTS P R.Q
C1b	661,4	660,4	GAT19_ARATH	GATA transcription factor 19 OS=Arabidopsis thaliana GN=GATA19 PE=2 SV=2	112–117	R.RASTAR.N
C1b	714,3	713,3	H4_ARATH	Histone H4 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g07660 PE=1 SV=2	97–103	R.TLYGFGG.-
C1b	748,4	747,4	FENR_MESCR	Ferredoxin--NADP reductase, chloroplastic OS=Mesembryanthemum crystallinum GN=PETH PE=2 SV=1	205–210	K.EMLMPK.D
C1b	404,2	806,5	G3PC3_MAIZE	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 3, cytosolic OS=Zea mays GN=GAPC3 PE=2 SV=1	68–74	K.TLLFGEK.E
C1b	404,2	806,5	G3PC_TAXBA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Taxus baccata PE=2 SV=1	71–77	K.TLLFGEK.H
C1b	407,8	813,5	G3PC_ANTMA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Antirrhinum majus GN=GAPC PE=1 SV=1	121–128	K.VIISAPSK.D

Označení vzorku	m/z	Mr	Kód proteinu	Název proteinu včetně pravděpodobného původu	Úsek sekvence aminokyselin	Aminokyselinová sekvence
C1b	411,3	820,5	H2A1_PEA	Histone H2A.1 OS=Pisum sativum PE=2 SV=1	91–97	R.HLLLAVR.N
C1b	414,2	826,4	GLT1_WHEAT	Glutenin, high molecular weight subunit PC256 (Fragment) OS=Triticum aestivum PE=3 SV=1	11–16	R.QWLQPR.Q
C1b	417,2	832,5	G3PC3_MAIZE	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 3, cytosolic OS=Zea mays GN=GAPC3 PE=2 SV=1	6–13	K.IGINGFGR.I
C1b	417,2	832,5	G3PC_ANTMA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Antirrhinum majus GN=GAPC PE=1 SV=1	6–13	K.IGINGFGR.I
C1b	417,2	832,5	G3PC_TAXBA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Taxus baccata PE=2 SV=1	9–16	K.IGINGFGR.I
C1b	420,3	838,5	G3PC3_MAIZE	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 3, cytosolic OS=Zea mays GN=GAPC3 PE=2 SV=1	222–229	K.VLPVLNGK.L
C1b	420,3	838,5	G3PC_TAXBA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Taxus baccata PE=2 SV=1	225–232	K.VLPVLNGK.L
C1b	428,8	855,5	CHIA_SECCE	Basic endochitinase A OS=Secale cereale GN=rscA PE=1 SV=1	209–216	R.AIGVDLLR.N
C1b	442,8	883,5	RS16_FRIAG	40S ribosomal protein S16 OS=Fritillaria agrestis GN=RPS16 PE=2 SV=1	117–124	R.TLLVADPR.R
C1b	444,8	887,6	RK22_AGRST	50S ribosomal protein L22, chloroplastic OS=Agrostis stolonifera GN=rpl22 PE=3 SV=1	6–12	K.LVKYIPR.I
C1b	457,8	913,6	EF1A1_ARATH	Elongation factor 1-alpha 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=A1 PE=1 SV=1	419–427	R.QTVAVGVK.S
C1b	458,3	914,5	ADH1_ARATH	Alcohol dehydrogenase class-P OS=Arabidopsis thaliana GN=ADH1 PE=1 SV=2	58–65	K.GQTPLFPR.I
C1b	467,8	933,5	PLY7_ARATH	Probable pectate lyase 7 OS=Arabidopsis thaliana GN=At3g01270 PE=2 SV=1	163–170	R.IYVVTSPR.D
C1b	470,3	938,6	H2B10_ARATH	Histone H2B.10 OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g22880 PE=1 SV=3	121–129	R.LVLPGELAK.H
C1b	472,8	943,5	H2A1_PEA	Histone H2A.1 OS=Pisum sativum PE=2 SV=1	30–38	R.AGLQFPVGR.V
C1b	472,8	943,6	DHAR2_ARATH	Glutathione S-transferase DHAR2 OS=Arabidopsis thaliana GN=DHAR2 PE=1 SV=1	26–33	R.VLLTLEEK.K
C1b	481,3	960,5	IACX1_WHEAT	Trypsin/alpha-amylase inhibitor CMX1/CMX3 OS=Triticum aestivum PE=2 SV=1	112–120	R.EFIAGIVGR.E
C1b	482,2	962,5	NDKA_FLABI	Nucleoside diphosphate kinase A OS=Flaveria bidentis PE=2 SV=1	103–111	R.GDFAIDIGR.N
C1b	482,3	962,5	SUS1_ORYSJ	Sucrose synthase 1 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=SUS1 PE=1 SV=1	236–243	R.FQELGLEK.G
C1b	485,3	968,6	RL5_CUCSA	60S ribosomal protein L5 OS=Cucumis sativus GN=RPL5 PE=2 SV=1	143–151	R.ALLDVGLIR.T

Označení vzorku	m/z	Mr	Kód proteinu	Název proteinu včetně pravděpodobného původu	Úsek sekvence aminokyselin	Aminokyselinová sekvence
C1b	486,8	971,5	ATPAM_BETVU	ATP synthase subunit alpha, mitochondrial OS=Beta vulgaris GN=ATPA PE=3 SV=1	33–42	R.VVSVGDGIAR.V
C1b	493,7	985,5	PGMC_PEA	Phosphoglucomutase, cytoplasmic OS=Pisum sativum GN=PGM1 PE=1 SV=1	512–519	R.YLFEDGSR.L
C1b	508,8	1015,5	AMYB_HORVS	Beta-amylase OS=Hordeum vulgare subsp. spontaneum GN=BMY1 PE=1 SV=1	411–418	K.LFGFTYLR.L
C1b	508,8	1015,5	AMYB_WHEAT	Beta-amylase OS=Triticum aestivum GN=BMY1 PE=2 SV=1	411–418	K.LFGFTYLR.L
C1b	509,8	1017,6	PER26_ARATH	Probable peroxidase 26 OS=Arabidopsis thaliana GN=PER26 PE=2 SV=2	104–113	R.GLGGFVLIDK.I
C1b	512,3	1022,5	IAC16_WHEAT	Alpha-amylase/trypsin inhibitor CM16 OS=Triticum aestivum PE=1 SV=1	108–115	R.EVQMDFVR.I
C1b	513,3	1024,6	EF1A1_ARATH	Elongation factor 1-alpha 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=A1 PE=1 SV=1	244–254	K.IGGIGTVPVGR.V
C1b	513,8	1025,6	ATPAM_BETVU	ATP synthase subunit alpha, mitochondrial OS=Beta vulgaris GN=ATPA PE=3 SV=1	154–163	K.AVDSLVIPIGR.G
C1b	516,3	1030,5	PGMC_PEA	Phosphoglucomutase, cytoplasmic OS=Pisum sativum GN=PGM1 PE=1 SV=1	55–65	R.GATLVVSGDGR.Y
C1b	522,8	1043,5	GLT4_WHEAT	Glutenin, high molecular weight subunit PW212 OS=Triticum aestivum PE=3 SV=1	34–41	R.ELQELQER.E
C1b	523,8	1045,6	RLK1_ARATH	G-type lectin S-receptor-like serine/threonine-protein kinase RLK1 OS=Arabidopsis thaliana GN=RLK1 PE=2 SV=2	125–135	R.ALSGGSVSRGR.F
C1b	525,8	1049,6	IAA2_WHEAT	Alpha-amylase inhibitor 0.28 OS=Triticum aestivum GN=IMA1 PE=1 SV=3	95–103	R.SVYQELGVR.E
C1b	534,3	1066,6	UBIQ_AVESA	Ubiquitin OS=Avena sativa PE=1 SV=1	64–72	K.ESTLHLVLR.L
C1b	536,3	1070,6	RRAA1_ARATH	Regulator of ribonuclease-like protein 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=At3g02770 PE=2 SV=1	66–76	R.VLVVDGGGSLR.C
C1b	540,3	1078,5	OLEO3_MAIZE	Oleosin Zm-II OS=Zea mays GN=OLE18 PE=1 SV=1	133–141	R.TPDYVEEAR.R
C1b	553,8	1105,6	RL34_PEA	60S ribosomal protein L34 OS=Pisum sativum GN=RPL34 PE=2 SV=1	77–88	R.AYGGVLSGGAVR.E
C1b	555,8	1109,5	IAAC3_WHEAT	Alpha-amylase/trypsin inhibitor CM3 OS=Triticum aestivum PE=1 SV=1	133–140	R.EMQWDFVR.L
C1b	557,3	1112,6	GLT0_WHEAT	Glutenin, high molecular weight subunit DY10 OS=Triticum aestivum GN=GLU-D1-2B PE=3 SV=1	45–54	R.QVVDQQLAGR.L
C1b	573,8	1145,6	HSP7M_PEA	Heat shock 70 kDa protein, mitochondrial OS=Pisum sativum GN=HSP1 PE=1 SV=1	608–617	K.EIEDAVSDLR.T

Označení vzorku	m/z	Mr	Kód proteinu	Název proteinu včetně pravděpodobného původu	Úsek sekvence aminokyselin	Aminokyselinová sekvence
C1b	579,8	1157,6	PRS6A_BRACM	26S protease regulatory subunit 6A homolog OS=Brassica campestris GN=TBP1 PE=2 SV=1	207–218	K.GVLLYGPPGTGK.T
C1b	581,3	1160,6	G3PC_ANTMA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Antirrhinum majus GN=GAPC PE=1 SV=1	301–311	K.AGIALNDNFVK.L
C1b	581,3	1160,6	G3PC_TAXBA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Taxus baccata PE=2 SV=1	304–314	K.AGIALNDNFVK.L
C1b	588,3	1174,6	IAC16_WHEAT	Alpha-amylase/trypsin inhibitor CM16 OS=Triticum aestivum PE=1 SV=1	55–65	R.IETPGSPYLAK.Q
C1b	588,8	1175,6	SPZ1A_WHEAT	Serpin-Z1A OS=Triticum aestivum GN=WZCI PE=1 SV=1	261–270	K.LSAEPDFLER.H
C1b	590,8	1179,6	H4_ARATH	Histone H4 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g07660 PE=1 SV=2	47–56	R.ISGLIYEETR.G
C1b	594,3	1186,6	GDB2_WHEAT	Gamma-gliadin OS=Triticum aestivum PE=3 SV=1	315–327	R.APFASIVAGIGGQ.-
C1b	594,8	1187,6	GLTO_WHEAT	Glutenin, high molecular weight subunit DY10 OS=Triticum aestivum GN=GLU-D1-2B PE=3 SV=1	55–64	R.LPWSTGLQMR.C
C1b	594,8	1187,6	GLTO_WHEAT	Glutenin, high molecular weight subunit DY10 OS=Triticum aestivum GN=GLU-D1-2B PE=3 SV=1	87–96	R.QYEQTVVPPK.G
C1b	400,2	1197,7	ACT_CHLRE	Actin OS=Chlamydomonas reinhardtii PE=1 SV=1	31–41	R.AVFPSIVGRPR.H
C1b	409,2	1224,7	SUS1_ORYSJ	Sucrose synthase 1 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=SUS1 PE=1 SV=1	513–523	R.VVHGIDVDFPK.F
C1b	627,3	1252,6	SPZ1A_WHEAT	Serpin-Z1A OS=Triticum aestivum GN=WZCI PE=1 SV=1	127–137	K.AETQSVDFQTK.A
C1b	637,3	1272,6	LEA34_GOSHI	Late embryogenesis abundant protein D-34 OS=Gossypium hirsutum PE=4 SV=1	225–236	R.QDAEGVVSaelR.N
C1b	425,9	1274,7	SUS1_ORYSJ	Sucrose synthase 1 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=SUS1 PE=1 SV=1	359–369	K.VLGTEHTILR.V
C1b	653,3	1304,6	G3PC3_MAIZE	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 3, cytosolic OS=Zea mays GN=GAPC3 PE=2 SV=1	129–140	K.DAPMFVVGvNEK.E
C1b	653,3	1304,6	G3PC_ANTMA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Antirrhinum majus GN=GAPC PE=1 SV=1	129–140	K.DAPMFVVGvNEK.E
C1b	658,3	1314,7	LE19A_HORVU	Late embryogenesis abundant protein B19.1A OS=Hordeum vulgare GN=B19.1A PE=2 SV=1	30–41	K.SLEAQQNLAEGR.S
C1b	658,8	1315,6	EM1_WHEAT	Em protein OS=Triticum aestivum GN=EM PE=2 SV=1	30–41	K.SLEAQENLAEGR.S
C1b	663,8	1325,7	AMYB_HORVS	Beta-amylase OS=Hordeum vulgare subsp. spontaneum GN=BMY1 PE=1 SV=1	384–394	R.YDPTAYNTILR.N
C1b	705,4	1408,8	ATPBM_HEVBR	ATP synthase subunit beta, mitochondrial OS=Hevea brasiliensis GN=ATPB PE=2 SV=1	156–169	R.VLNTGSPITVPVGR.A

Označení vzorku	m/z	Mr	Kód proteinu	Název proteinu včetně pravděpodobného původu	Úsek sekvence aminokyselin	Aminokyselinová sekvence
C1b	711,9	1421,8	PXG3_ARATH	Probable peroxygenase 3 OS=Arabidopsis thaliana GN=PXG3 PE=1 SV=1	146–157	R.YVPVNLENIFSK.Y
C1b	717,9	1433,8	G3PC3_MAIZE	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 3, cytosolic OS=Zea mays GN=GAPC3 PE=2 SV=1	203–217	R.AASFNIIPSSTGAAK.A
C1b	717,9	1433,8	G3PC_ANTMA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Antirrhinum majus GN=GAPC PE=1 SV=1	203–217	R.AASFNIIPSSTGAAK.A
C1b	749,9	1497,8	G3PC3_MAIZE	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 3, cytosolic OS=Zea mays GN=GAPC3 PE=2 SV=1	237–250	R.VPTVDVSVVDLTVR.L
C1b	749,9	1497,8	G3PC_ANTMA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Antirrhinum majus GN=GAPC PE=1 SV=1	237–250	R.VPTVDVSVVDLTVR.L
C1b	508,6	1522,8	BIP_SOLLC	Luminal-binding protein OS=Solanum lycopersicum PE=1 SV=1	332–343	R.ARFEELNNDLFR.K
C1b	778,9	1555,9	AMPL1_ARATH	Leucine aminopeptidase 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=PM25 PE=2 SV=1	32–46	K.GDILVVGVTEDLAK.D
C1b	781,4	1560,8	SPZ1A_WHEAT	Serpin-Z1A OS=Triticum aestivum GN=WZCI PE=1 SV=1	138–151	K.AAEVTTQVNSWVEK.V
C1b	797,0	1591,9	MDHM_CITLA	Malate dehydrogenase, mitochondrial OS=Citrullus lanatus GN=MMDH PE=1 SV=1	99–114	K.ALEGSDVVIIPAGVPR.K
C1b	535,6	1603,8	YCF1_SOYBN	Putative membrane protein ycf1 OS=Glycine max GN=yfc1-A PE=3 SV=1	708–720	K.IEKPLFFSDFSFK.S
C1b	538,3	1611,7	IAA1_WHEAT	Alpha-amylase inhibitor 0.19 OS=Triticum aestivum PE=1 SV=1	67–82	K.EHGAQEGQAGTGAFPR.C
C1b	808,4	1614,8	SODM_ORYSJ	Superoxide dismutase [Mn], mitochondrial OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=SODA PE=2 SV=2	167–181	K.LSVETTANQDPLVTK.G
C1b	820,4	1638,9	RR19_AGRST	30S ribosomal protein S19, chloroplastic OS=Agrostis stolonifera GN=rps19 PE=3 SV=1	55–68	K.EHIPIYITNPMVGR.K
C1b	553,6	1657,8	METE_CATRO	5-methyltetrahydropteroyltriglutamate--homocysteine methyltransferase OS=Catharanthus roseus GN=METE PE=2 SV=1	689–704	K.YGAGIGPGVYDIHSPR.I
C1b	850,0	1697,9	IAAC3_WHEAT	Alpha-amylase/trypsin inhibitor CM3 OS=Triticum aestivum PE=1 SV=1	101–115	R.YFIALPVPSQPVDPR.S
C1b	851,0	1699,9	RIP1_HORVU	Protein synthesis inhibitor I OS=Hordeum vulgare GN=RIP30 PE=1 SV=2	120–135	R.DLLGDTDKLTNVALGR.Q
C1b	872,4	1742,8	CHIA_SECCE	Basic endochitinase A OS=Secale cereale GN=rscA PE=1 SV=1	193–208	R.GPIQLSHNYNYGPAGR.A
C1b	877,0	1751,9	AMYB_HORVS	Beta-amylase OS=Hordeum vulgare subsp. spontaneum GN=BMV1 PE=1 SV=1	419–433	R.LSNQLVEGQNYVNFK.T
C1b	885,5	1768,9	AMYB_WHEAT	Beta-amylase OS=Triticum aestivum GN=BMV1 PE=2 SV=1	355–370	K.SAPEELVQQVLSAGWR.E

Označení vzorku	m/z	Mr	Kód proteinu	Název proteinu včetně pravděpodobného původu	Úsek sekvence aminokyselin	Aminokyselinová sekvence
C1b	996,0	1990,0	GLT4_WHEAT	Glutenin, high molecular weight subunit PW212 OS=Triticum aestivum PE=3 SV=1	82–99	K.GGSFYPGETTPPQQLQQR .I
C1b	1000,6	1999,1	MDHC_BETVU	Malate dehydrogenase, cytoplasmic OS=Beta vulgaris GN=NR1 PE=1 SV=1	8–27	R.VLVTGAAGQIGYALVPMI AR.G
C1b	678,4	2032,1	G3PC_ANTMA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Antirrhinum majus GN=GAPC PE=1 SV=1	170–188	R.FGIVEGLMTTVHSITATQK .T
C1b	678,4	2032,1	G3PC_TAXBA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Taxus baccata PE=2 SV=1	173–191	R.FGIVEGLMTTVHSITATQK .T
C1b	696,4	2086,0	AMYB_WHEAT	Beta-amylase OS=Triticum aestivum GN=BMV1 PE=2 SV=1	129–146	R.NIEYLTLGVDDQPLFHGR. T
C2a	732,3	731,3	PP16A_CUCMA	16 kDa phloem protein 1 OS=Cucurbita maxima GN=PP16-1 PE=1 SV=3	108–113	K.SEMPPR.M
C2a	404,2	806,5	G3PC2_HORVU	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 2, cytosolic (Fragment) OS=Hordeum vulgare GN=GAPC PE=2 SV=1	36–42	K.TLLFGEK.E
C2a	404,2	806,5	G3PC3_MAIZE	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 3, cytosolic OS=Zea mays GN=GAPC3 PE=2 SV=1	68–74	K.TLLFGEK.E
C2a	407,8	813,5	G3PC2_HORVU	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 2, cytosolic (Fragment) OS=Hordeum vulgare GN=GAPC PE=2 SV=1	89–96	K.VIISAPSK.D
C2a	413,8	825,6	YCF2_ANTFO	Protein ycf2 OS=Anthoceros formosae GN=ycf2 PE=2 SV=1	1,161–1,167	K.LLNLLIK.I
C2a	414,2	826,4	GLT1_WHEAT	Glutenin, high molecular weight subunit PC256 (Fragment) OS=Triticum aestivum PE=3 SV=1	11–16	R.QWLQPR.Q
C2a	416,2	830,5	H3L3_ARATH	Histone H3-like 3 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g75600 PE=2 SV=3	58–64	K.STELLIR.K
C2a	417,2	832,5	G3PC3_MAIZE	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 3, cytosolic OS=Zea mays GN=GAPC3 PE=2 SV=1	6–13	K.IGINGFGR.I
C2a	420,3	838,5	G3PC3_MAIZE	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 3, cytosolic OS=Zea mays GN=GAPC3 PE=2 SV=1	222–229	K.VLPVLNGK.L
C2a	435,3	868,5	G3PC2_HORVU	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 2, cytosolic (Fragment) OS=Hordeum vulgare GN=GAPC PE=2 SV=1	190–197	K.VLPELNGK.L
C2a	435,8	869,5	YCF1_MESVI	Putative membrane protein ycf1 OS=Mesostigma viride GN=ycf1 PE=3 SV=1	402–408	R.IQNIINR.R
C2a	457,8	913,6	EF1A1_ARATH	Elongation factor 1-alpha 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=A1 PE=1 SV=1	419–427	R.QTVAVGVIK.S
C2a	470,8	939,6	RSSA_BRANA	40S ribosomal protein SA OS=Brassica napus GN=LRP PE=2 SV=1	122–129	R.LLILTDPR.T

Označení vzorku	m/z	Mr	Kód proteinu	Název proteinu včetně pravděpodobného původu	Úsek sekvence aminokyselin	Aminokyselinová sekvence
C2a	472,8	943,5	H2A1_ARATH	Probable histone H2A.1 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g51060 PE=1 SV=1	23–31	K.AGLQFPVGR.I
C2a	475,2	948,5	NDK1_SACOF	Nucleoside diphosphate kinase 1 OS=Saccharum officinarum GN=NDPK1 PE=1 SV=1	103–111	R.GDFAVDIGR.N
C2a	481,3	960,5	IACX1_WHEAT	Trypsin/alpha-amylase inhibitor CMX1/CMX3 OS=Triticum aestivum PE=2 SV=1	112–120	R.EFIAGIVGR.E
C2a	502,3	1002,6	H4_ARATH	Histone H4 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g07660 PE=1 SV=2	61–68	K.IFLENVIR.D
C2a	508,8	1015,5	AMYB_HORVS	Beta-amylase OS=Hordeum vulgare subsp. spontaneum GN=BMV1 PE=1 SV=1	411–418	K.LFGFTYLR.L
C2a	508,8	1015,5	AMYB_WHEAT	Beta-amylase OS=Triticum aestivum GN=BMV1 PE=2 SV=1	411–418	K.LFGFTYLR.L
C2a	512,2	1022,5	IAAB_HORVU	Alpha-amylase/trypsin inhibitor CMb OS=Hordeum vulgare GN=IAT2 PE=1 SV=2	108–115	R.EVQMDFVR.I
C2a	513,3	1024,6	EF1A1_ARATH	Elongation factor 1-alpha 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=A1 PE=1 SV=1	244–254	K.IGGIGTVPVGR.V
C2a	522,8	1043,5	GLT4_WHEAT	Glutenin, high molecular weight subunit PW212 OS=Triticum aestivum PE=3 SV=1	34–41	R.ELQELQER.E
C2a	525,8	1049,6	IAA2_WHEAT	Alpha-amylase inhibitor 0.28 OS=Triticum aestivum GN=IMA1 PE=1 SV=3	95–103	R.SVYQELGVR.E
C2a	534,3	1066,6	UBIQ_AVESA	Ubiquitin OS=Avena sativa PE=1 SV=1	64–72	K.ESTLHLVLR.L
C2a	540,3	1078,5	OLEO3_MAIZE	Oleosin Zm-II OS=Zea mays GN=OLE18 PE=1 SV=1	133–141	R.TPDYVEEAR.R
C2a	555,8	1109,5	IAAC3_WHEAT	Alpha-amylase/trypsin inhibitor CM3 OS=Triticum aestivum PE=1 SV=1	133–140	R.EMQWDFVR.L
C2a	557,3	1112,6	GLT0_WHEAT	Glutenin, high molecular weight subunit DY10 OS=Triticum aestivum GN=GLU-D1-2B PE=3 SV=1	45–54	R.QVVDQQLAGR.L
C2a	579,4	1156,7	GLT4_WHEAT	Glutenin, high molecular weight subunit PW212 OS=Triticum aestivum PE=3 SV=1	100–109	R.IFWGIPALLK.R
C2a	588,8	1175,6	SPZ1A_WHEAT	Serpin-Z1A OS=Triticum aestivum GN=WZCI PE=1 SV=1	261–270	K.LSAEPDFLER.H
C2a	590,8	1179,6	H4_ARATH	Histone H4 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g07660 PE=1 SV=2	47–56	R.ISGLIYEETR.G
C2a	594,3	1186,6	GDB2_WHEAT	Gamma-gliadin OS=Triticum aestivum PE=3 SV=1	315–327	R.APFASIVAGIGGQ.-
C2a	594,8	1187,6	GLT0_WHEAT	Glutenin, high molecular weight subunit DY10 OS=Triticum aestivum GN=GLU-D1-2B PE=3 SV=1	55–64	R.LPWSTGLQMR.C
C2a	594,8	1187,6	GLT0_WHEAT	Glutenin, high molecular weight subunit DY10 OS=Triticum aestivum GN=GLU-D1-2B PE=3 SV=1	87–96	R.QYEQTVPVPPK.G

Označení vzorku	m/z	Mr	Kód proteinu	Název proteinu včetně pravděpodobného původu	Úsek sekvence aminokyselin	Aminokyselinová sekvence
C2a	602,3	1202,7	ATPAM_HELAN	ATP synthase subunit alpha, mitochondrial OS=Helianthus annuus GN=ATPA PE=3 SV=1	7–17	R.AAELTTLLESR.I
C2a	609,3	1216,6	GDBB_WHEAT	Gamma-gliadin B OS=Triticum aestivum PE=3 SV=1	279–291	R.APFASIVASIGGQ.-
C2a	663,8	1325,7	AMYB_HORVS	Beta-amylase OS=Hordeum vulgare subsp. spontaneum GN=BMV1 PE=1 SV=1	384–394	R.YDPTAYNTILR.N
C2a	457,2	1368,6	Y2641_ORYSJ	B3 domain-containing protein Os02g0764100 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os02g0764100 PE=3 SV=2	162–173	R.AVEMGQEAFLMK.R
C2a	701,4	1400,7	IF4A1_ARATH	Eukaryotic initiation factor 4A-1 OS=Arabidopsis thaliana GN=TIF4A-1 PE=1 SV=1	76–89	K.GLDVIQQAQSGTGK.T
C2a	702,9	1403,7	IAMT1_ORYSJ	Indole-3-acetate O-methyltransferase 1 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=IAMT1 PE=1 SV=1	311–323	R.DVVRADGAFADR.L
C2a	711,9	1421,8	PXG3_ARATH	Probable peroxygenase 3 OS=Arabidopsis thaliana GN=PXG3 PE=1 SV=1	146–157	R.YVPVNLENIFSK.Y
C2a	717,9	1433,8	G3PC2_HORVU	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 2, cytosolic (Fragment) OS=Hordeum vulgare GN=GAPC PE=2 SV=1	171–185	R.AASFNIIPSSTGAAK.A
C2a	717,9	1433,8	G3PC3_MAIZE	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 3, cytosolic OS=Zea mays GN=GAPC3 PE=2 SV=1	203–217	R.AASFNIIPSSTGAAK.A
C2a	538,3	1611,7	IAA1_WHEAT	Alpha-amylase inhibitor 0.19 OS=Triticum aestivum PE=1 SV=1	67–82	K.EHGAQEGQAGTGAFPR.C
C2a	850,0	1697,9	IAAC3_WHEAT	Alpha-amylase/trypsin inhibitor CM3 OS=Triticum aestivum PE=1 SV=1	101–115	R.YFIALPVPSQPVDPR.S
C2a	567,6	1699,9	RIP1_HORVU	Protein synthesis inhibitor I OS=Hordeum vulgare GN=RIP30 PE=1 SV=2	120–135	R.DLLGDTDKLTNVALGR.Q
C2a	582,0	1742,8	CHIA_SECCE	Basic endochitinase A OS=Secale cereale GN=rsca PE=1 SV=1	193–208	R.GPIQLSHNYNYGPAGR.A
C2a	885,5	1768,9	AMYB_WHEAT	Beta-amylase OS=Triticum aestivum GN=BMV1 PE=2 SV=1	355–370	K.SAPEELVQQVLSAGWR.E
C2a	962,0	1922,0	SPZ2B_WHEAT	Serpin-Z2B OS=Triticum aestivum PE=1 SV=1	335–353	K.AFVEVNETGTEAAATTIAK.V
C2a	664,3	1990,0	GLT4_WHEAT	Glutenin, high molecular weight subunit PW212 OS=Triticum aestivum PE=3 SV=1	82–99	K.GGSFYPPGETTPPQQLQQR.I
C2a	696,4	2086,0	AMYB_WHEAT	Beta-amylase OS=Triticum aestivum GN=BMV1 PE=2 SV=1	129–146	R.NIEYLTLGVDDQPLFHGR.T
C2a	982,7	3926,9	GDBB_WHEAT	Gamma-gliadin B OS=Triticum aestivum PE=3 SV=1	82–114	R.QPFPQQPQQPYPQQPQ.QPFPQTQQPQQPFPQSK.Q

Označení vzorku	m/z	Mr	Kód proteinu	Název proteinu včetně pravděpodobného původu	Úsek sekvence aminokyselin	Aminokyselinová sekvence
C2a	1407,4	4219,0	GLT0_WHEAT	Glutenin, high molecular weight subunit DY10 OS=Triticum aestivum GN=GLU-D1-2B PE=3 SV=1	97–135	K.GGSFYPGETTPLQLQQG IFWGTSSQTVQGYYPGVTSP R.Q
C2b	714,3	713,3	H4_ARATH	Histone H4 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g07660 PE=1 SV=2	97–103	R.TLYGFGG.-
C2b	404,2	806,5	G3PC2_ORYSJ	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 2, cytosolic OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=GAPC2 PE=1 SV=1	68–74	K.TLLFGEK.E
C2b	404,2	806,5	G3PC3_MAIZE	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 3, cytosolic OS=Zea mays GN=GAPC3 PE=2 SV=1	68–74	K.TLLFGEK.E
C2b	406,2	810,4	G3PC3_MAIZE	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 3, cytosolic OS=Zea mays GN=GAPC3 PE=2 SV=1	230–236	K.LTGMSFR.V
C2b	406,2	810,4	G3PC_PEA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Pisum sativum GN=GAPC1 PE=1 SV=1	231–237	K.LTGMSFR.V
C2b	406,3	810,5	G3PC2_ORYSJ	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 2, cytosolic OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=GAPC2 PE=1 SV=1	222–229	K.VLPALNGK.L
C2b	406,3	810,5	G3PC_PEA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Pisum sativum GN=GAPC1 PE=1 SV=1	223–230	K.VLPALNGK.L
C2b	407,8	813,5	G3PC_PEA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Pisum sativum GN=GAPC1 PE=1 SV=1	122–129	K.VIISAPSK.D
C2b	415,3	828,5	RS13_MAIZE	40S ribosomal protein S13 OS=Zea mays GN=RPS13 PE=2 SV=1	115–121	R.LILVESR.I
C2b	416,2	830,5	H3L3_ARATH	Histone H3-like 3 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g75600 PE=2 SV=3	58–64	K.STELLIR.K
C2b	417,2	832,5	G3PC2_ORYSJ	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 2, cytosolic OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=GAPC2 PE=1 SV=1	6–13	K.IGINGFGR.I
C2b	417,2	832,5	G3PC3_MAIZE	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 3, cytosolic OS=Zea mays GN=GAPC3 PE=2 SV=1	6–13	K.IGINGFGR.I
C2b	417,2	832,5	G3PC_PEA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Pisum sativum GN=GAPC1 PE=1 SV=1	7–14	K.IGINGFGR.I
C2b	420,3	838,5	G3PC3_MAIZE	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 3, cytosolic OS=Zea mays GN=GAPC3 PE=2 SV=1	222–229	K.VLPVLNGK.L
C2b	421,8	841,5	BRE1A_ORYSI	E3 ubiquitin-protein ligase BRE1-like 1 OS=Oryza sativa subsp. indica GN=BRE1A PE=3 SV=2	461–468	K.ALVSSIPR.E
C2b	422,7	843,5	RHM2_ARATH	Probable rhamnose biosynthetic enzyme 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=RHM2 PE=1 SV=1	420–427	R.ASLVADIR.S
C2b	424,7	847,5	AATC_DAUCA	Aspartate aminotransferase, cytoplasmic OS=Daucus carota PE=2 SV=1	113–120	R.VGGEFLAR.H

Označení vzorku	m/z	Mr	Kód proteinu	Název proteinu včetně pravděpodobného původu	Úsek sekvence aminokyselin	Aminokyselinová sekvence
C2b	428,8	855,5	AAT5_ARATH	Aspartate aminotransferase, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=ASP5 PE=2 SV=2	160–167	R.LAAALIER.Y
C2b	433,8	865,6	RL23_ARATH	60S ribosomal protein L23 OS=Arabidopsis thaliana GN=RPL23A PE=2 SV=3	76–83	K.VLPAVIVR.Q
C2b	435,8	869,5	HSP7F_ARATH	Heat shock 70 kDa protein 6, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=HSP70-6 PE=1 SV=1	236–243	R.IAGLEVLR.I
C2b	436,3	870,5	HSP7M_PEA	Heat shock 70 kDa protein, mitochondrial OS=Pisum sativum GN=HSP1 PE=1 SV=1	210–217	R.IAGLDVQR.I
C2b	439,8	877,5	CYNS_MEDTR	Cyanate hydratase OS=Medicago truncatula GN=CYN PE=1 SV=1	136–143	R.VVLTFDGK.Y
C2b	441,3	880,5	RL12_CHLRE	60S ribosomal protein L12 (Fragment) OS=Chlamydomonas reinhardtii GN=RPL12 PE=1 SV=1	23–31	K.IGPLGLSPK.K
C2b	441,3	880,6	ENO_ALNGL	Enolase OS=Alnus glutinosa GN=PGH1 PE=2 SV=1	73–81	K.IIGPALIGK.D
C2b	445,8	889,5	EF2_BETVU	Elongation factor 2 OS=Beta vulgaris PE=2 SV=1	483–490	K.FVSPVVR.V
C2b	447,2	892,5	AAT1_MEDSA	Aspartate aminotransferase 1 OS=Medicago sativa GN=AAT-1 PE=1 SV=2	393–401	R.ISMAGLSSK.T
C2b	447,2	892,5	AAT3_ARATH	Aspartate aminotransferase 3, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=ASP3 PE=1 SV=1	424–432	R.ISMAGLSSK.T
C2b	450,3	898,5	R15A1_ARATH	40S ribosomal protein S15a-1 OS=Arabidopsis thaliana GN=RPS15AA PE=2 SV=2	61–68	K.IVVELNGR.L
C2b	457,8	913,6	EF1A1_ARATH	Elongation factor 1-alpha 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=A1 PE=1 SV=1	419–427	R.QTVAVGVK.S
C2b	457,8	913,6	EF1A1_HORVU	Elongation factor 1-alpha OS=Hordeum vulgare PE=1 SV=1	419–427	R.QTVAVGVK.S
C2b	458,3	914,5	ADH1_ARATH	Alcohol dehydrogenase class-P OS=Arabidopsis thaliana GN=ADH1 PE=1 SV=2	58–65	K.GQTPLFPR.I
C2b	470,3	938,6	H2B10_ARATH	Histone H2B.10 OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g22880 PE=1 SV=3	121–129	R.LVLPGELAK.H
C2b	470,8	939,6	RSSA_BRANA	40S ribosomal protein SA OS=Brassica napus GN=LRP PE=2 SV=1	122–129	R.LLILTDP.R.T
C2b	472,8	943,5	H2A1_ARATH	Probable histone H2A.1 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g51060 PE=1 SV=1	23–31	K.AGLQFPVGR.I
C2b	481,3	960,5	IACX1_WHEAT	Trypsin/alpha-amylase inhibitor CMX1/CMX3 OS=Triticum aestivum PE=2 SV=1	112–120	R.EFIAGIVGR.E
C2b	481,8	961,5	AAT1_MEDSA	Aspartate aminotransferase 1 OS=Medicago sativa GN=AAT-1 PE=1 SV=2	45–53	K.LNLGVGAYR.T
C2b	481,8	961,5	AAT3_ARATH	Aspartate aminotransferase 3, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=ASP3 PE=1 SV=1	76–84	K.LNLGVGAYR.T

Označení vzorku	m/z	Mr	Kód proteinu	Název proteinu včetně pravděpodobného původu	Úsek sekvence aminokyselin	Aminokyselinová sekvence
C2b	481,8	961,5	AATC_DAUCA	Aspartate aminotransferase, cytoplasmic OS=Daucus carota PE=2 SV=1	32–40	K.LNLGVGAYR.T
C2b	481,8	961,5	AAT5_ARATH	Aspartate aminotransferase, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=ASP5 PE=2 SV=2	80–88	K.LNLGVGAYR.T
C2b	488,3	974,6	PUM17_ARATH	Putative pumilio homolog 17 OS=Arabidopsis thaliana GN=APUM17 PE=5 SV=2	321–329	K.IVAILGSMR.V
C2b	508,8	1015,5	AMYB_SECCE	Beta-amylase (Fragment) OS=Secale cereale GN=BMY1 PE=2 SV=1	107–114	K.LFGFTYLR.L
C2b	508,8	1015,5	AMYB_HORVS	Beta-amylase OS=Hordeum vulgare subsp. spontaneum GN=BMY1 PE=1 SV=1	411–418	K.LFGFTYLR.L
C2b	508,8	1015,5	AMYB_WHEAT	Beta-amylase OS=Triticum aestivum GN=BMY1 PE=2 SV=1	411–418	K.LFGFTYLR.L
C2b	511,3	1020,5	RBL_ABIFI	Ribulose biphosphate carboxylase large chain (Fragment) OS=Abies firma GN=rbcL PE=3 SV=1	26–34	K.DTDILAAFR.V
C2b	511,3	1020,5	METE_CATRO	5-methyltetrahydropteroyltriglutamate--homocysteine methyltransferase OS=Catharanthus roseus GN=METE PE=2 SV=1	349–357	K.SWLAFAAQK.V
C2b	511,3	1020,5	METE_PLESU	5-methyltetrahydropteroyltriglutamate--homocysteine methyltransferase OS=Plectranthus scutellarioides GN=MET PE=1 SV=2	348–356	K.SWLAFAAQK.I
C2b	512,2	1022,5	IAC16_WHEAT	Alpha-amylase/trypsin inhibitor CM16 OS=Triticum aestivum PE=1 SV=1	108–115	R.EVQMDFVR.I
C2b	513,3	1024,6	EF1A1_ARATH	Elongation factor 1-alpha 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=A1 PE=1 SV=1	244–254	K.IGGIGTVPVGR.V
C2b	513,3	1024,6	EF1A1_HORVU	Elongation factor 1-alpha OS=Hordeum vulgare PE=1 SV=1	244–254	K.IGGIGTVPVGR.V
C2b	516,3	1030,6	GLRX_RICCO	Glutaredoxin OS=Ricinus communis PE=1 SV=1	66–75	R.TVPNVFIGGK.H
C2b	520,8	1039,6	RS6_ASPOF	40S ribosomal protein S6 OS=Asparagus officinalis GN=rps6 PE=2 SV=1	183–191	R.LVTPLTLQR.K
C2b	522,3	1042,6	PGMC1_MAIZE	Phosphoglucomutase, cytoplasmic 1 OS=Zea mays PE=2 SV=2	426–434	K.LTVEDIVR.Q
C2b	522,8	1043,5	GLT4_WHEAT	Glutenin, high molecular weight subunit PW212 OS=Triticum aestivum PE=3 SV=1	34–41	R.ELQELQER.E
C2b	525,8	1049,6	IAA2_WHEAT	Alpha-amylase inhibitor 0.28 OS=Triticum aestivum GN=IMA1 PE=1 SV=3	95–103	R.SVYQELGVR.E
C2b	534,3	1066,6	UBIQ_AVESA	Ubiquitin OS=Avena sativa PE=1 SV=1	64–72	K.ESTLHLVLR.L
C2b	536,3	1070,6	RRAA1_ARATH	Regulator of ribonuclease-like protein 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=At3g02770 PE=2 SV=1	66–76	R.VLVVDGGGSLR.C

Označení vzorku	m/z	Mr	Kód proteinu	Název proteinu včetně pravděpodobného původu	Úsek sekvence aminokyselin	Aminokyselinová sekvence
C2b	548,8	1095,6	METE_CATRO	5-methyltetrahydropteroyltriglutamate--homocysteine methyltransferase OS=Catharanthus roseus GN=METE PE=2 SV=1	287–296	K.YLFAGVVDGR.N
C2b	548,8	1095,6	METE_PLESU	5-methyltetrahydropteroyltriglutamate--homocysteine methyltransferase OS=Plectranthus scutellarioides GN=MET PE=1 SV=2	286–295	K.YLFAGVVDGR.N
C2b	550,8	1099,6	PGKH_WHEAT	Phosphoglycerate kinase, chloroplastic OS=Triticum aestivum PE=2 SV=1	155–164	R.LSELLGIEVK.K
C2b	551,3	1100,6	PSA7A_ARATH	Proteasome subunit alpha type-7-A OS=Arabidopsis thaliana GN=PAD1 PE=1 SV=1	193–203	R.ALLEVVESGGK.N
C2b	551,8	1101,6	PGKH_WHEAT	Phosphoglycerate kinase, chloroplastic OS=Triticum aestivum PE=2 SV=1	263–273	K.RPFAAIVGGSK.V
C2b	573,8	1145,6	HSP7M_PEA	Heat shock 70 kDa protein, mitochondrial OS=Pisum sativum GN=HSP1 PE=1 SV=1	608–617	K.EIEDAVSDLR.T
C2b	581,3	1160,6	G3PC2_ORYSJ	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 2, cytosolic OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=GAPC2 PE=1 SV=1	301–311	K.AGIALNDNFVK.L
C2b	588,3	1174,6	IAC16_WHEAT	Alpha-amylase/trypsin inhibitor CM16 OS=Triticum aestivum PE=1 SV=1	55–65	R.IETPGSPYLAK.Q
C2b	588,3	1174,7	G3PC_PEA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Pisum sativum GN=GAPC1 PE=1 SV=1	302–312	K.AGIALNDKFVK.L
C2b	588,8	1175,6	SPZ1A_WHEAT	Serpin-Z1A OS=Triticum aestivum GN=WZCI PE=1 SV=1	261–270	K.LSAEPDFLER.H
C2b	594,3	1186,6	GDB2_WHEAT	Gamma-gliadin OS=Triticum aestivum PE=3 SV=1	315–327	R.APFASIVAGIGGQ.-
C2b	600,3	1198,6	14333_ORYSJ	14-3-3-like protein GF14-C OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=GF14C PE=1 SV=1	144–154	K.EAAESTMVAYK.A
C2b	610,4	1218,7	MDHM_BRAN A	Malate dehydrogenase, mitochondrial OS=Brassica napus GN=MDH PE=2 SV=1	171–181	K.LFGVTTLDVVR.V
C2b	617,8	1233,6	THI42_VITVI	Thiamine thiazole synthase 2, chloroplastic OS=Vitis vinifera GN=THI1-2 PE=3 SV=1	251–262	K.SIGMIDSVPGMK.A
C2b	618,3	1234,6	METE_CATRO	5-methyltetrahydropteroyltriglutamate--homocysteine methyltransferase OS=Catharanthus roseus GN=METE PE=2 SV=1	100–111	R.GNASVPAMEMTK.W
C2b	618,3	1234,6	METE_PLESU	5-methyltetrahydropteroyltriglutamate--homocysteine methyltransferase OS=Plectranthus scutellarioides GN=MET PE=1 SV=2	99–110	R.GNASVPAMEMTK.W
C2b	412,9	1235,7	ACEA_ARATH	Isocitrate lyase OS=Arabidopsis thaliana GN=ICL PE=1 SV=2	220–230	K.VLVAVSEHINR.L

Označení vzorku	m/z	Mr	Kód proteinu	Název proteinu včetně pravděpodobného původu	Úsek sekvence aminokyselin	Aminokyselinová sekvence
C2b	637,3	1272,6	LEA34_GOSHI	Late embryogenesis abundant protein D-34 OS=Gossypium hirsutum PE=4 SV=1	225–236	R.QDAEGVVSAELR.N
C2b	653,3	1304,6	G3PC2_ORYSJ	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 2, cytosolic OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=GAPC2 PE=1 SV=1	129–140	K.DAPMFVVGVNEK.E
C2b	653,3	1304,6	G3PC3_MAIZE	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 3, cytosolic OS=Zea mays GN=GAPC3 PE=2 SV=1	129–140	K.DAPMFVVGVNEK.E
C2b	653,8	1305,7	GPX4_CITSI	Probable phospholipid hydroperoxide glutathione peroxidase OS=Citrus sinensis GN=CSA PE=1 SV=1	147–158	R.YAPTTSPLSIEK.D
C2b	663,8	1325,7	AMYB_SECCE	Beta-amylase (Fragment) OS=Secale cereale GN=BMV1 PE=2 SV=1	80–90	R.YDPTAYNTILR.N
C2b	663,8	1325,7	AMYB_HORVS	Beta-amylase OS=Hordeum vulgare subsp. spontaneum GN=BMV1 PE=1 SV=1	384–394	R.YDPTAYNTILR.N
C2b	666,9	1331,7	ALF_CICAR	Fructose-bisphosphate aldolase, cytoplasmic isozyme OS=Cicer arietinum GN=ALDC PE=1 SV=1	25–38	K.GILAADESTGTIGK.R
C2b	679,8	1357,6	MD37C_ARATH	Probable mediator of RNA polymerase II transcription subunit 37c OS=Arabidopsis thaliana GN=MED37C PE=1 SV=1	546–556	K.NALENYAYNMR.N
C2b	709,9	1417,7	THI42_VITVI	Thiamine thiazole synthase 2, chloroplastic OS=Vitis vinifera GN=THI1-2 PE=3 SV=1	263–275	K.ALDMNTAEDAIVR.L
C2b	710,4	1418,8	RS5_CICAR	40S ribosomal protein S5 (Fragment) OS=Cicer arietinum GN=RPS5 PE=2 SV=1	140–152	R.VNQAIYLLTTGAR.E
C2b	711,9	1421,8	PXG3_ARATH	Probable peroxygenase 3 OS=Arabidopsis thaliana GN=PXG3 PE=1 SV=1	146–157	R.YVPVNLENIFSK.Y
C2b	715,4	1428,7	RS14_LUPLU	40S ribosomal protein S14 OS=Lupinus luteus GN=RPS14 PE=1 SV=1	128–140	R.IEDVTPIPSDSTR.R
C2b	715,9	1429,8	MDARF_CUCS A	Monodehydroascorbate reductase, fruit isozyme (Fragments) OS=Cucumis sativus PE=1 SV=1	1–13	-.EAVAPYERPALSK.N
C2b	717,9	1433,8	G3PC2_ORYSJ	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 2, cytosolic OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=GAPC2 PE=1 SV=1	203–217	R.AASFNIIPSSTGAAK.A
C2b	717,9	1433,8	G3PC3_MAIZE	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 3, cytosolic OS=Zea mays GN=GAPC3 PE=2 SV=1	203–217	R.AASFNIIPSSTGAAK.A
C2b	717,9	1433,8	G3PC_PEA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Pisum sativum GN=GAPC1 PE=1 SV=1	204–218	R.AASFNIIPSSTGAAK.A
C2b	725,3	1448,7	APM1A_ORYSJ	Aminopeptidase M1-A OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os02g0218200 PE=2 SV=1	138–150	K.NMAVTQFEPADAR.R
C2b	485,3	1452,8	AAT3_ARATH	Aspartate aminotransferase 3, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=ASP3 PE=1 SV=1	85–97	R.TEEGKPLVLNVVR.K

Označení vzorku	m/z	Mr	Kód proteinu	Název proteinu včetně pravděpodobného původu	Úsek sekvence aminokyselin	Aminokyselinová sekvence
C2b	735,4	1468,8	METE_PLESU	5-methyltetrahydropteroyltriglutamate--homocysteine methyltransferase OS=Plectranthus scutellarioides GN=MET PE=1 SV=2	596–609	K.AGITVIQIDEAALR.E
C2b	739,9	1477,8	AAT1_MEDSA	Aspartate aminotransferase 1 OS=Medicago sativa GN=AAT-1 PE=1 SV=2	81–93	K.EYIPIVGLADFNK.L
C2b	739,9	1477,8	AATC_DAUCA	Aspartate aminotransferase, cytoplasmic OS=Daucus carota PE=2 SV=1	68–80	K.EYLPIVGLADFNK.L
C2b	749,9	1497,8	G3PC2_ORYSJ	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 2, cytosolic OS>Oryza sativa subsp. japonica GN=GAPC2 PE=1 SV=1	237–250	R.VPTVDVSVVDLTVR.L
C2b	749,9	1497,8	G3PC3_MAIZE	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 3, cytosolic OS=Zea mays GN=GAPC3 PE=2 SV=1	237–250	R.VPTVDVSVVDLTVR.L
C2b	749,9	1497,8	G3PC_PEA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Pisum sativum GN=GAPC1 PE=1 SV=1	238–251	R.VPTVDVSVVDLTVR.L
C2b	503,6	1507,7	CALS7_ARATH	Callose synthase 7 OS=Arabidopsis thaliana GN=CALS7 PE=3 SV=3	604–615	K.FFSSWVGSWLHR.S
C2b	825,4	1648,8	MD37C_ARATH	Probable mediator of RNA polymerase II transcription subunit 37c OS=Arabidopsis thaliana GN=MED37C PE=1 SV=1	60–74	K.NQVAMNPNTVFDAR.R
C2b	559,2	1674,7	MD37C_ARATH	Probable mediator of RNA polymerase II transcription subunit 37c OS=Arabidopsis thaliana GN=MED37C PE=1 SV=1	227–242	K.ATAGDTHLGGEDFDNR.M
C2b	850,0	1697,9	IAAC3_WHEAT	Alpha-amylase/trypsin inhibitor CM3 OS=Triticum aestivum PE=1 SV=1	101–115	R.YFIALPVPSQPVDPR.S
C2b	877,0	1751,9	AMYB_HORVS	Beta-amylase OS=Hordeum vulgare subsp. spontaneum GN=BMY1 PE=1 SV=1	419–433	R.LSNQLVEGQNYVNFK.T
C2b	927,9	1853,9	ENO_ALNGL	Enolase OS=Alnus glutinosa GN=PGH1 PE=2 SV=1	418–434	R.IEEELGSEAVYAGANFR.T
C2b	996,0	1990,0	GLT4_WHEAT	Glutenin, high molecular weight subunit PW212 OS=Triticum aestivum PE=3 SV=1	82–99	K.GGSFYPGETTPPQLQQR.I
C2b	667,4	1999,1	MDHC_BETVU	Malate dehydrogenase, cytoplasmic OS=Beta vulgaris GN=NR1 PE=1 SV=1	8–27	R.VLVTGAAGQIGYALVPMIAR.G
C2b	678,4	2032,1	G3PC_PEA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Pisum sativum GN=GAPC1 PE=1 SV=1	171–189	R.FGIVEGLMTTVHSITATQK.T
C2b	696,4	2086,0	AMYB_WHEAT	Beta-amylase OS=Triticum aestivum GN=BMY1 PE=2 SV=1	129–146	R.NIEYLTGLVDDQPLFHGR.T
C2b	820,8	2459,3	EF1A1_HORVU	Elongation factor 1-alpha OS=Hordeum vulgare PE=1 SV=1	255–278	R.VETGVIKPGMVVTFGPTGLTTEVK.S

Označení vzorku	m/z	Mr	Kód proteinu	Název proteinu včetně pravděpodobného původu	Úsek sekvence aminokyselin	Aminokyselinová sekvence
C3a	408,2	814,5	COG4_ARATH	Conserved oligomeric Golgi complex subunit 4 OS=Arabidopsis thaliana GN=COG4 PE=2 SV=1	126–132	R.IDAIVER.G
C3a	416,7	831,5	U496E_ORYSI	Putative UPF0496 protein 5 OS=Oryza sativa subsp. indica GN=OsI_032118 PE=3 SV=1	72–79	R.SLSLGLSR.E
C3a	421,8	841,5	BRE1A_ORYSI	E3 ubiquitin-protein ligase BRE1-like 1 OS=Oryza sativa subsp. indica GN=BRE1A PE=3 SV=2	461–468	K.ALVSSIPR.E
C3a	421,8	841,5	UP12_PSEMZ	Unknown protein 12 (Fragment) OS=Pseudotsuga menziesii PE=1 SV=1	1–8	-.SLVASIPR.-
C3a	456,8	911,6	LBD25_ARATH	LOB domain-containing protein 25 OS=Arabidopsis thaliana GN=LBD25 PE=2 SV=3	124–130	R.QVLRQLR.E
C3a	465,2	928,4	PUB20_ARATH	U-box domain-containing protein 20 OS=Arabidopsis thaliana GN=PUB20 PE=2 SV=1	403–409	K.MMNKVMK.M
C3a	472,8	943,5	H2A1_ARATH	Probable histone H2A.1 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g51060 PE=1 SV=1	23–31	K.AGLQFPVGR.I
C3a	488,3	974,6	HLTT_LUPAL	13-hydroxylupanine O-tigloyltransferase OS=Lupinus albus GN=HMT/HLT PE=1 SV=1	286–293	R.LLYILNAR.Y
C3a	490,8	979,5	CAP9_ARATH	Putative clathrin assembly protein At1g14910 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g14910 PE=2 SV=2	119–126	R.IMQISNFK.D
C3a	508,8	1015,6	QPCT_ARATH	Glutaminyl-peptide cyclotransferase OS=Arabidopsis thaliana GN=QCT PE=1 SV=1	121–129	R.TGKVEILEK.M
C3a	551,6	1651,8	MTP7_ORYSJ	Metal tolerance protein 7 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=MTP7 PE=2 SV=1	210–224	K.ELWMIGSMSSVAVVK.F
C3a	551,6	1651,8	MTP7_ORYSJ	Metal tolerance protein 7 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=MTP7 PE=2 SV=1	210–224	K.ELWMIGSMSSVAVVK.F
C3b	406,3	810,5	G3PC_PEA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Pisum sativum GN=GAPC1 PE=1 SV=1	223–230	K.VLPALNGK.L
C3b	407,8	813,5	G3PC_PEA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Pisum sativum GN=GAPC1 PE=1 SV=1	122–129	K.VIISAPSK.D
C3b	409,7	817,4	11SB_CUCMA	11S globulin subunit beta OS=Cucurbita maxima PE=1 SV=1	317–323	R.ADVFNPR.G
C3b	417,2	832,5	G3PC_PEA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Pisum sativum GN=GAPC1 PE=1 SV=1	7–14	K.IGINGFGR.I
C3b	424,7	847,4	AB10A_ARATH	ABC transporter A family member 10 OS=Arabidopsis thaliana GN=ABCA10 PE=1 SV=2	565–571	K.TDVTQER.E

Označení vzorku	m/z	Mr	Kód proteinu	Název proteinu včetně pravděpodobného původu	Úsek sekvence aminokyselin	Aminokyselinová sekvence
C3b	444,8	887,6	RK22_AGRST	50S ribosomal protein L22, chloroplastic OS=Agrostis stolonifera GN=rpl22 PE=3 SV=1	6–12	K.LVKYIPR.I
C3b	489,8	977,5	ENO_ORYSJ	Enolase OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=ENO1 PE=1 SV=2	439–446	K.FRAPVEPY.-
C3b	493,3	984,6	SPL12_ARATH	Squamosa promoter-binding-like protein 12 OS=Arabidopsis thaliana GN=SPL12 PE=1 SV=1	114–123	K.TKLGGGIPSR.A
C3b	508,8	1015,6	NAC6_ARATH	NAC domain-containing protein 6 OS=Arabidopsis thaliana GN=NAC006 PE=1 SV=1	1–9	-.MKILPVGSR.F
C3b	508,8	1015,6	QPCT_ARATH	Glutaminyl-peptide cyclotransferase OS=Arabidopsis thaliana GN=QCT PE=1 SV=1	121–129	R.TGKVEILEK.M
C3b	579,8	1157,6	REF_HEVBR	Rubber elongation factor protein OS=Hevea brasiliensis PE=1 SV=2	100–110	K.DASIQVVS AIR.A
C3b	589,8	1177,6	MATK_CASCR	Maturase K OS=Castanea crenata GN=matK PE=3 SV=1	2–11	M.LLENIGYDNK.S
C3b	717,9	1433,8	G3PC_PEA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Pisum sativum GN=GAPC1 PE=1 SV=1	204–218	R.AASFNIIPSSTGA AK.A
C3b	531,6	1591,8	4CL2_TOBAC	4-coumarate--CoA ligase 2 OS=Nicotiana tabacum GN=4CL2 PE=2 SV=1	351–365	K.EPFEIKSGACGTVVR.N
C3b	903,0	1803,9	ENO_RICCO	Enolase OS=Ricinus communis PE=2 SV=1	36–53	R.AAVPSGASTGIYEAL LR.D
C3b	639,3	2553,2	CERK1_ORYSJ	Chitin elicitor receptor kinase 1 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=CERK1 PE=1 SV=1	275–298	R.KATSRPSPEETSHLDDASQ AEGIK.V
C4a	648,4	647,4	UBIQ_AVESA	Ubiquitin OS=Avena sativa PE=1 SV=1	43–48	R.LIFAGK.Q
C4a	404,2	806,5	G3PC_DIACA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Dianthus caryophyllus GN=GAPC PE=1 SV=1	68–74	K.TLLFGEK.A
C4a	407,8	813,5	G3PC_DIACA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Dianthus caryophyllus GN=GAPC PE=1 SV=1	121–128	K.VIISAPSK.D
C4a	408,2	814,5	FB285_ARATH	F-box protein At5g46170 OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g46170 PE=2 SV=1	1–7	-.MAVIIPR.S
C4a	409,7	817,4	AVLBA_WHEAT	Avenin-like b10 OS=Triticum aestivum PE=3 SV=1	248–254	R.MSLQALR.S
C4a	411,3	820,5	H2A1_PEA	Histone H2A.1 OS=Pisum sativum PE=2 SV=1	91–97	R.HLLAVR.N
C4a	414,2	826,4	GLT1_WHEAT	Glutenin, high molecular weight subunit PC256 (Fragment) OS=Triticum aestivum PE=3 SV=1	11–16	R.QWLQPR.Q
C4a	416,3	830,5	H3L3_ARATH	Histone H3-like 3 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g75600 PE=2 SV=3	58–64	K.STELLIR.K
C4a	417,2	832,5	G3PC1_HORVU	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 1, cytosolic OS=Hordeum vulgare GN=GAPC PE=2 SV=1	6–13	K.IGINGFGR.I

Označení vzorku	m/z	Mr	Kód proteinu	Název proteinu včetně pravděpodobného původu	Úsek sekvence aminokyselin	Aminokyselinová sekvence
C4a	417,2	832,5	G3PC_DIACA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Dianthus caryophyllus GN=GAPC PE=1 SV=1	6–13	K.IGINGFGR.I
C4a	428,8	855,5	CHIA_SECCE	Basic endochitinase A OS=Secale cereale GN=rscA PE=1 SV=1	209–216	R.AIGVDLLR.N
C4a	435,3	868,5	G3PC1_HORVU	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 1, cytosolic OS=Hordeum vulgare GN=GAPC PE=2 SV=1	222–229	K.VLPELNGK.L
C4a	436,8	871,5	HSP21_MAIZE	17.5 kDa class II heat shock protein OS=Zea mays PE=2 SV=1	87–94	R.VLVISGER.R
C4a	444,8	887,6	RK22_AGRST	50S ribosomal protein L22, chloroplastic OS=Agrostis stolonifera GN=rpl22 PE=3 SV=1	6–12	K.LVKYIPR.I
C4a	457,8	913,6	EF1A1_ARATH	Elongation factor 1-alpha 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=A1 PE=1 SV=1	419–427	R.QTVAVGVK.S
C4a	467,8	933,5	PLY7_ARATH	Probable pectate lyase 7 OS=Arabidopsis thaliana GN=At3g01270 PE=2 SV=1	163–170	R.IYVVTSPR.D
C4a	470,3	938,6	H2B10_ARATH	Histone H2B.10 OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g22880 PE=1 SV=3	121–129	R.LVLPGELAK.H
C4a	470,8	939,6	RSSA_BRANA	40S ribosomal protein SA OS=Brassica napus GN=LRP PE=2 SV=1	122–129	R.LLILT DPR.T
C4a	472,8	943,5	H2A1_PEA	Histone H2A.1 OS=Pisum sativum PE=2 SV=1	30–38	R.AGLQFPVGR.V
C4a	472,8	943,5	H2A1_ARATH	Probable histone H2A.1 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g51060 PE=1 SV=1	23–31	K.AGLQFPVGR.I
C4a	472,8	943,6	DHAR2_ARATH	Glutathione S-transferase DHAR2 OS=Arabidopsis thaliana GN=DHAR2 PE=1 SV=1	26–33	R.VLLTLEEK.K
C4a	480,8	959,5	ALA2_HORVU	Alanine aminotransferase 2 OS=Hordeum vulgare PE=1 SV=1	123–132	R.DAIASGIASR.D
C4a	481,3	960,5	GBB_NICPL	Guanine nucleotide-binding protein subunit beta OS=Nicotiana glauca GN=GBB PE=2 SV=1	2–9	M.SVTELKER.H
C4a	481,3	960,5	IACX1_WHEAT	Trypsin/alpha-amylase inhibitor CMX1/CMX3 OS=Triticum aestivum PE=2 SV=1	112–120	R.EFIAGIVGR.E
C4a	482,3	962,5	RLA03_ARATH	60S acidic ribosomal protein P0-3 OS=Arabidopsis thaliana GN=RPP0C PE=1 SV=1	269–276	K.EFLKDPK.F
C4a	485,3	968,5	PPAF1_IPOBA	Purple acid phosphatase 1 OS=Ipomoea batatas GN=PAP1 PE=1 SV=1	107–115	R.AMGTVVYK.Y
C4a	486,8	971,5	ATPAM_BETVU	ATP synthase subunit alpha, mitochondrial OS=Beta vulgaris GN=ATPA PE=3 SV=1	33–42	R.VVSVGDIAR.V
C4a	488,3	974,5	EF1A1_ARATH	Elongation factor 1-alpha 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=A1 PE=1 SV=1	236–243	R.LPLQDVYK.I
C4a	489,3	976,5	XIP1_WHEAT	Xylanase inhibitor protein 1 OS=Triticum aestivum GN=XIPI PE=1 SV=2	205–213	R.ALATGIFER.V

Označení vzorku	m/z	Mr	Kód proteinu	Název proteinu včetně pravděpodobného původu	Úsek sekvence aminokyselin	Aminokyselinová sekvence
C4a	502,3	1002,6	H4_ARATH	Histone H4 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g07660 PE=1 SV=2	61–68	K.IFLENVIR.D
C4a	508,8	1015,5	AMYB_HORVS	Beta-amylase OS=Hordeum vulgare subsp. spontaneum GN=BMV1 PE=1 SV=1	411–418	K.LFGFTYLR.L
C4a	508,8	1015,5	AMYB_WHEAT	Beta-amylase OS=Triticum aestivum GN=BMV1 PE=2 SV=1	411–418	K.LFGFTYLR.L
C4a	509,8	1017,6	PUIB_WHEAT	Puroindoline-B OS=Triticum aestivum GN=PINB PE=1 SV=1	109–117	R.LGGFLGIWR.G
C4a	512,3	1022,5	IAC16_WHEAT	Alpha-amylase/trypsin inhibitor CM16 OS=Triticum aestivum PE=1 SV=1	108–115	R.EVQMDFVR.I
C4a	513,3	1024,6	EF1A1_ARATH	Elongation factor 1-alpha 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=A1 PE=1 SV=1	244–254	K.IGGIGTVPVGR.V
C4a	520,3	1038,5	IAC16_WHEAT	Alpha-amylase/trypsin inhibitor CM16 OS=Triticum aestivum PE=1 SV=1	108–115	R.EVQMDFVR.I
C4a	522,8	1043,5	GLT4_WHEAT	Glutenin, high molecular weight subunit PW212 OS=Triticum aestivum PE=3 SV=1	34–41	R.ELQELQER.E
C4a	525,8	1049,6	IAA2_WHEAT	Alpha-amylase inhibitor 0.28 OS=Triticum aestivum GN=IMA1 PE=1 SV=3	95–103	R.SVYQELGVR.E
C4a	534,3	1066,6	UBIQ_AVESA	Ubiquitin OS=Avena sativa PE=1 SV=1	64–72	K.ESTLHLVLR.L
C4a	540,3	1078,5	OLEO3_MAIZE	Oleosin Zm-II OS=Zea mays GN=OLE18 PE=1 SV=1	133–141	R.TPDYVEEAR.R
C4a	548,8	1095,6	METE_CATRO	5-methyltetrahydropteroyltriglutamate--homocysteine methyltransferase OS=Catharanthus roseus GN=METE PE=2 SV=1	287–296	K.YLFAGVVDGR.N
C4a	555,8	1109,5	IAAC3_WHEAT	Alpha-amylase/trypsin inhibitor CM3 OS=Triticum aestivum PE=1 SV=1	133–140	R.EMQWDFVR.L
C4a	556,8	1111,5	NLT2G_WHEAT	Non-specific lipid-transfer protein 2G OS=Triticum aestivum PE=1 SV=2	70–78	K.DPTYGQYIR.S
C4a	557,3	1112,6	GLT0_WHEAT	Glutenin, high molecular weight subunit DY10 OS=Triticum aestivum GN=GLU-D1-2B PE=3 SV=1	45–54	R.QVVDQQLAGR.L
C4a	557,8	1113,7	IF4A1_ARATH	Eukaryotic initiation factor 4A-1 OS=Arabidopsis thaliana GN=TIF4A-1 PE=1 SV=1	331–340	R.VLITDILLAR.G
C4a	558,3	1114,6	APX5_ARATH	L-ascorbate peroxidase 5, peroxisomal OS=Arabidopsis thaliana GN=APX5 PE=2 SV=2	202–211	K.TDKALLDDPK.F
C4a	563,8	1125,5	IAAC3_WHEAT	Alpha-amylase/trypsin inhibitor CM3 OS=Triticum aestivum PE=1 SV=1	133–140	R.EMQWDFVR.L
C4a	566,8	1131,5	ACT_CHLRE	Actin OS=Chlamydomonas reinhardtii PE=1 SV=1	199–208	R.GYSFTTTAER.E
C4a	579,8	1157,6	VCL_THECC	Vicilin OS=Theobroma cacao GN=CSV PE=2 SV=1	302–310	K.LEEILEEQR.G

Označení vzorku	m/z	Mr	Kód proteinu	Název proteinu včetně pravděpodobného původu	Úsek sekvence aminokyselin	Aminokyselinová sekvence
C4a	588,3	1174,6	IAC16_WHEAT	Alpha-amylase/trypsin inhibitor CM16 OS=Triticum aestivum PE=1 SV=1	55–65	R.IETPGSPYLAK.Q
C4a	588,8	1175,6	SPZ1B_WHEAT	Serpin-Z1B OS=Triticum aestivum PE=1 SV=1	262–271	K.LSAEPDFLER.H
C4a	590,8	1179,6	H4_ARATH	Histone H4 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g07660 PE=1 SV=2	47–56	R.ISGLIYEETR.G
C4a	593,3	1184,7	GL19_ORYSJ	19 kDa globulin OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os05g0499100 PE=1 SV=2	50–59	R.QVLDRQLTGR.E
C4a	594,3	1186,6	GDB2_WHEAT	Gamma-gliadin OS=Triticum aestivum PE=3 SV=1	315–327	R.APFASIVAGIGGQ.-
C4a	594,8	1187,6	GLT0_WHEAT	Glutenin, high molecular weight subunit DY10 OS=Triticum aestivum GN=GLU-D1-2B PE=3 SV=1	55–64	R.LPWSTGLQMR.C
C4a	594,8	1187,6	GLT0_WHEAT	Glutenin, high molecular weight subunit DY10 OS=Triticum aestivum GN=GLU-D1-2B PE=3 SV=1	87–96	R.QYEQTVVPPK.G
C4a	400,2	1197,7	ACT_CHLRE	Actin OS=Chlamydomonas reinhardtii PE=1 SV=1	31–41	R.AVFPSIVGRPR.H
C4a	609,3	1216,6	GDBB_WHEAT	Gamma-gliadin B OS=Triticum aestivum PE=3 SV=1	279–291	R.APFASIVASIGGQ.-
C4a	609,8	1217,6	AAIP_WHEAT	Abscisic acid-inducible protein kinase (Fragment) OS=Triticum aestivum PE=2 SV=1	28–37	R.GHKIDEHVQR.E
C4a	627,3	1252,6	SPZ1B_WHEAT	Serpin-Z1B OS=Triticum aestivum PE=1 SV=1	127–137	K.AETQSVDFQTK.A
C4a	650,3	1298,7	BARW_HORVU	Barwin OS=Hordeum vulgare PE=1 SV=1	69–81	R.VTNPATGAQITAR.I
C4a	438,6	1312,8	GLT4_WHEAT	Glutenin, high molecular weight subunit PW212 OS=Triticum aestivum PE=3 SV=1	100–110	R.IFWGIPALLKR.Y
C4a	658,3	1314,7	LE19A_HORVU	Late embryogenesis abundant protein B19.1A OS=Hordeum vulgare GN=B19.1A PE=2 SV=1	30–41	K.SLEAQQLAEGR.S
C4a	663,4	1324,7	H4_ARATH	Histone H4 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g07660 PE=1 SV=2	25–36	R.DNIQGITKPAIR.R
C4a	663,8	1325,7	AMYB_HORVS	Beta-amylase OS=Hordeum vulgare subsp. spontaneum GN=BMY1 PE=1 SV=1	384–394	R.YDPTAYNTILR.N
C4a	671,8	1341,6	TBB_CICAR	Tubulin beta chain OS=Cicer arietinum GN=TUBB PE=2 SV=1	49–60	R.INVYYNEASGGR.Y
C4a	468,6	1402,8	XIP1_WHEAT	Xylanase inhibitor protein 1 OS=Triticum aestivum GN=XIPI PE=1 SV=2	180–193	R.GGPGKPLHLTATVR.C
C4a	704,9	1407,7	GNK2_GINBI	Antifungal protein ginkbilobin-2 OS=Ginkgo biloba GN=GNK2 PE=1 SV=1	71–85	K.TSRAGSGGAPTAYGR.A
C4a	712,9	1423,7	CYPH_MAIZE	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase OS=Zea mays GN=CYP PE=1 SV=1	6–19	R.VFFDMTVGGAPAGR.I
C4a	717,9	1433,8	G3PC1_HORVU	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 1, cytosolic OS=Hordeum vulgare GN=GAPC PE=2 SV=1	203–217	R.AASFNIIPSSTGAAK.A

Označení vzorku	m/z	Mr	Kód proteinu	Název proteinu včetně pravděpodobného původu	Úsek sekvence aminokyselin	Aminokyselinová sekvence
C4a	717,9	1433,8	G3PC_DIACA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Dianthus caryophyllus GN=GAPC PE=1 SV=1	203–217	R.AASFNIIPSSTGAAK.A
C4a	744,4	1486,7	HSP7E_ARATH	Heat shock 70 kDa protein 5 OS=Arabidopsis thaliana GN=HSP70-5 PE=2 SV=1	39–51	R.TTPSYVAFTDTER.L
C4a	744,9	1487,8	ASP_THECC	21 kDa seed protein OS=Theobroma cacao GN=ASP PE=2 SV=1	100–112	R.VSTDVNIEFVPIR.D
C4a	749,9	1497,8	G3PC1_HORVU	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 1, cytosolic OS=Hordeum vulgare GN=GAPC PE=2 SV=1	237–250	R.VPTVDVSVVDLTVR.T
C4a	749,9	1497,8	G3PC_DIACA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Dianthus caryophyllus GN=GAPC PE=1 SV=1	237–250	R.VPTVDVSVVDLTVR.I
C4a	781,4	1560,8	SPZ1B_WHEAT	Serpin-Z1B OS=Triticum aestivum PE=1 SV=1	138–151	K.AAEVTTQVNSWVEK.V
C4a	529,6	1585,9	GATB2_MICSR	Glutamyl-tRNA(Gln) amidotransferase subunit B-2, chloroplastic/mitochondrial OS=Micromonas sp. (strain RCC299 / NOUM17) GN=GATB-2 PE=3 SV=1	10–24	R.SSEAAIISTRVSLPR.G
C4a	802,4	1602,8	PYM_ARATH	Protein POLYCHOME OS=Arabidopsis thaliana GN=PYM PE=1 SV=1	106–119	R.ARASNSVLPSWYPR.T
C4a	538,3	1611,7	IAA1_WHEAT	Alpha-amylase inhibitor 0.19 OS=Triticum aestivum PE=1 SV=1	67–82	K.EHGAQEGQAGTGAFPR.C
C4a	556,0	1664,9	SPZ2B_WHEAT	Serpin-Z2B OS=Triticum aestivum PE=1 SV=1	261–274	K.LSAEPEFLEQHPR.Q
C4a	850,0	1697,9	IAAC3_WHEAT	Alpha-amylase/trypsin inhibitor CM3 OS=Triticum aestivum PE=1 SV=1	101–115	R.YFIALPVPSQPVDPR.S
C4a	567,6	1699,9	RIP1_HORVU	Protein synthesis inhibitor I OS=Hordeum vulgare GN=RIP30 PE=1 SV=2	120–135	R.DLLGDTDKLTNVALGR.Q
C4a	582,0	1742,8	CHIA_SECCE	Basic endochitinase A OS=Secale cereale GN=rscs PE=1 SV=1	193–208	R.GPIQLSHNYNYGPAGR.A
C4a	877,0	1751,9	AMYB_HORVS	Beta-amylase OS=Hordeum vulgare subsp. spontaneum GN=BMY1 PE=1 SV=1	419–433	R.LSNQLVEGQNYVNFK.T
C4a	885,5	1768,9	AMYB_WHEAT	Beta-amylase OS=Triticum aestivum GN=BMY1 PE=2 SV=1	355–370	K.SAPEELVQQVLSAGWR.E
C4a	996,0	1990,0	GLT4_WHEAT	Glutenin, high molecular weight subunit PW212 OS=Triticum aestivum PE=3 SV=1	82–99	K.GGSFYPGETTPPQQLQQR.I
C4a	678,4	2032,1	G3PC_DIACA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Dianthus caryophyllus GN=GAPC PE=1 SV=1	170–188	R.FGIVEGLMTTVHSITATQK.T
C4a	696,4	2086,0	AMYB_WHEAT	Beta-amylase OS=Triticum aestivum GN=BMY1 PE=2 SV=1	129–146	R.NIEYLTLGVDDQPLFHGR.T
C4a	895,8	2684,4	SPZ1B_WHEAT	Serpin-Z1B OS=Triticum aestivum PE=1 SV=1	33–61	K.SAASNAAFSPVLSALSLLAAGAGSATR.D

Označení vzorku	m/z	Mr	Kód proteinu	Název proteinu včetně pravděpodobného původu	Úsek sekvence aminokyselin	Aminokyselinová sekvence
C4a	907,5	2719,3	SPZ1B_WHEAT	Serpin-Z1B OS=Triticum aestivum PE=1 SV=1	329–354	R.VSSVFHQAFVEVNEQGTE AAASTAIK.M
C4a	1151,9	3452,6	GLT0_WHEAT	Glutenin, high molecular weight subunit DY10 OS=Triticum aestivum GN=GLU-D1-2B PE=3 SV=1	185–215	K.GQQGYPTSLQQPGQGQ QGYPTSLQHTGQR.Q
C4a	982,7	3926,9	GDBB_WHEAT	Gamma-gliadin B OS=Triticum aestivum PE=3 SV=1	82–114	R.QFPFQQPQQPYPQQPQ QFPFQTQQPQQPFPQSK.Q
C4b	409,7	817,4	AVLBA_WHEAT	Avenin-like b10 OS=Triticum aestivum PE=3 SV=1	248–254	R.MSLQALR.S
C4b	411,3	820,5	H2A1_PEA	Histone H2A.1 OS=Pisum sativum PE=2 SV=1	91–97	R.HLLAVR.N
C4b	414,2	826,4	GLT1_WHEAT	Glutenin, high molecular weight subunit PC256 (Fragment) OS=Triticum aestivum PE=3 SV=1	11–16	R.QWLQPR.Q
C4b	416,2	830,5	H3L3_ARATH	Histone H3-like 3 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g75600 PE=2 SV=3	58–64	K.STELLIR.K
C4b	417,2	832,5	G3PC1_HORVU	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 1, cytosolic OS=Hordeum vulgare GN=GAPC PE=2 SV=1	6–13	K.IGINGFGR.I
C4b	428,8	855,5	CHIA_SECCE	Basic endochitinase A OS=Secale cereale GN=rscA PE=1 SV=1	209–216	R.AIGVDLLR.N
C4b	435,3	868,5	G3PC1_HORVU	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 1, cytosolic OS=Hordeum vulgare GN=GAPC PE=2 SV=1	222–229	K.VLPELNGK.L
C4b	457,8	913,6	EF1A1_ARATH	Elongation factor 1-alpha 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=A1 PE=1 SV=1	419–427	R.QTVAVGVK.S
C4b	457,8	913,6	EF1A_MAIZE	Elongation factor 1-alpha OS=Zea mays GN=EF1A PE=3 SV=1	419–427	R.QTVAVGVK.S
C4b	464,8	927,5	RLK7_ARATH	Receptor-like protein kinase At5g59670 OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g59670 PE=1 SV=1	607–614	K.AEVDLLLR.V
C4b	470,3	938,6	H2B10_ARATH	Histone H2B.10 OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g22880 PE=1 SV=3	121–129	R.LVLPGELAK.H
C4b	481,3	960,5	GBB_NICPL	Guanine nucleotide-binding protein subunit beta OS=Nicotiana plumbaginifolia PE=2 SV=1	2–9	M.SVTELKER.H
C4b	481,3	960,5	IACX1_WHEAT	Trypsin/alpha-amylase inhibitor CMX1/CMX3 OS=Triticum aestivum PE=2 SV=1	112–120	R.EFIAGIVGR.E
C4b	489,3	976,5	XIP1_WHEAT	Xylanase inhibitor protein 1 OS=Triticum aestivum GN=XIPI PE=1 SV=2	205–213	R.ALATGIFER.V
C4b	501,8	1001,5	VCL_THECC	Vicilin OS=Theobroma cacao GN=CSV PE=2 SV=1	169–177	R.FAENSPPLK.G
C4b	501,8	1001,5	RK18_ORYSJ	50S ribosomal protein L18, chloroplastic OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=RPL18 PE=2 SV=1	68–76	K.VSGTTERPR.L
C4b	503,2	1004,5	EM1_WHEAT	Em protein OS=Triticum aestivum GN=EM PE=2 SV=1	80–88	R.EGIDIDESK.F

Označení vzorku	m/z	Mr	Kód proteinu	Název proteinu včetně pravděpodobného původu	Úsek sekvence aminokyselin	Aminokyselinová sekvence
C4b	503,2	1004,5	LE19A_HORVU	Late embryogenesis abundant protein B19.1A OS=Hordeum vulgare GN=B19.1A PE=2 SV=1	80–88	R.EGIDIDESK.F
C4b	508,8	1015,5	AMYB_SECCE	Beta-amylase (Fragment) OS=Secale cereale GN=BMV1 PE=2 SV=1	107–114	K.LFGFTYLR.L
C4b	508,8	1015,5	AMYB_HORVS	Beta-amylase OS=Hordeum vulgare subsp. spontaneum GN=BMV1 PE=1 SV=1	411–418	K.LFGFTYLR.L
C4b	508,8	1015,5	AMYB_WHEAT	Beta-amylase OS=Triticum aestivum GN=BMV1 PE=2 SV=1	411–418	K.LFGFTYLR.L
C4b	509,8	1017,6	PUIB_WHEAT	Puroindoline-B OS=Triticum aestivum GN=PINB PE=1 SV=1	109–117	R.LGGFLGIWR.G
C4b	512,2	1022,5	IAC16_WHEAT	Alpha-amylase/trypsin inhibitor CM16 OS=Triticum aestivum PE=1 SV=1	108–115	R.EVQMDFVR.I
C4b	513,3	1024,6	EF1A1_ARATH	Elongation factor 1-alpha 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=A1 PE=1 SV=1	244–254	K.IGGIGTVPVGR.V
C4b	513,3	1024,6	EF1A_MAIZE	Elongation factor 1-alpha OS=Zea mays GN=EF1A PE=3 SV=1	244–254	K.IGGIGTVPVGR.V
C4b	520,2	1038,5	IAC16_WHEAT	Alpha-amylase/trypsin inhibitor CM16 OS=Triticum aestivum PE=1 SV=1	108–115	R.EVQMDFVR.I
C4b	522,8	1043,5	GLT4_WHEAT	Glutenin, high molecular weight subunit PW212 OS=Triticum aestivum PE=3 SV=1	34–41	R.ELQELQER.E
C4b	525,8	1049,6	IAA2_WHEAT	Alpha-amylase inhibitor 0.28 OS=Triticum aestivum GN=IMA1 PE=1 SV=3	95–103	R.SVYQELGVR.E
C4b	534,3	1066,6	UBIQ_AVESA	Ubiquitin OS=Avena sativa PE=1 SV=1	64–72	K.ESTLHLVLR.L
C4b	546,3	1090,5	ASP_THECC	21 kDa seed protein OS=Theobroma cacao GN=ASP PE=2 SV=1	134–142	K.WWVTTDGVK.G
C4b	555,8	1109,5	IAAC3_WHEAT	Alpha-amylase/trypsin inhibitor CM3 OS=Triticum aestivum PE=1 SV=1	133–140	R.EMQWDFVR.L
C4b	557,3	1112,6	GLT0_WHEAT	Glutenin, high molecular weight subunit DY10 OS=Triticum aestivum GN=GLU-D1-2B PE=3 SV=1	45–54	R.QVVDQQLAGR.L
C4b	576,3	1150,7	SPZ1A_WHEAT	Serpin-Z1A OS=Triticum aestivum GN=WZCI PE=1 SV=1	172–181	K.LVLANALYFK.G
C4b	579,8	1157,6	VCL_THECC	Vicilin OS=Theobroma cacao GN=CSV PE=2 SV=1	302–310	K.LEEILEEQR.G
C4b	588,3	1174,6	IAC16_WHEAT	Alpha-amylase/trypsin inhibitor CM16 OS=Triticum aestivum PE=1 SV=1	55–65	R.IETPGSPYLAK.Q
C4b	588,8	1175,6	SPZ1A_WHEAT	Serpin-Z1A OS=Triticum aestivum GN=WZCI PE=1 SV=1	261–270	K.LSAEPDFLER.H
C4b	590,8	1179,6	H4_ARATH	Histone H4 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g07660 PE=1 SV=2	47–56	R.ISGLIYEETR.G
C4b	594,3	1186,6	GDB2_WHEAT	Gamma-gliadin OS=Triticum aestivum PE=3 SV=1	315–327	R.APFASIVAGIGGQ.-
C4b	594,8	1187,6	GLT0_WHEAT	Glutenin, high molecular weight subunit DY10 OS=Triticum aestivum GN=GLU-D1-2B PE=3 SV=1	55–64	R.LPWSTGLQMR.C

Označení vzorku	m/z	Mr	Kód proteinu	Název proteinu včetně pravděpodobného původu	Úsek sekvence aminokyselin	Aminokyselinová sekvence
C4b	594,8	1187,6	GLTO_WHEAT	Glutenin, high molecular weight subunit DY10 OS=Triticum aestivum GN=GLU-D1-2B PE=3 SV=1	87–96	R.QYEQTVVPPK.G
C4b	400,2	1197,7	ACT_CHLRE	Actin OS=Chlamydomonas reinhardtii PE=1 SV=1	31–41	R.AVFPSIVGRPR.H
C4b	602,8	1203,6	GLTO_WHEAT	Glutenin, high molecular weight subunit DY10 OS=Triticum aestivum GN=GLU-D1-2B PE=3 SV=1	55–64	R.LPWSTGLQMR.C
C4b	609,3	1216,6	GDBB_WHEAT	Gamma-gliadin B OS=Triticum aestivum PE=3 SV=1	279–291	R.APFASIVASIGGQ.-
C4b	640,8	1279,6	EM1_WHEAT	Em protein OS=Triticum aestivum GN=EM PE=2 SV=1	80–90	R.EGIDIDESKFK.T
C4b	640,8	1279,6	LE19A_HORVU	Late embryogenesis abundant protein B19.1A OS=Hordeum vulgare GN=B19.1A PE=2 SV=1	80–90	R.EGIDIDESKFK.T
C4b	657,4	1312,8	GLT4_WHEAT	Glutenin, high molecular weight subunit PW212 OS=Triticum aestivum PE=3 SV=1	100–110	R.IFWGIPALLKR.Y
C4b	658,3	1314,7	LE19A_HORVU	Late embryogenesis abundant protein B19.1A OS=Hordeum vulgare GN=B19.1A PE=2 SV=1	30–41	K.SLEAQQNLAEGR.S
C4b	658,8	1315,6	EM1_WHEAT	Em protein OS=Triticum aestivum GN=EM PE=2 SV=1	30–41	K.SLEAQENLAEGR.S
C4b	663,4	1324,7	H4_ARATH	Histone H4 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g07660 PE=1 SV=2	25–36	R.DNIQGITKPAIR.R
C4b	663,8	1325,7	AMYB_SECCE	Beta-amylase (Fragment) OS=Secale cereale GN=BMV1 PE=2 SV=1	80–90	R.YDPTAYNTILR.N
C4b	663,8	1325,7	AMYB_HORVS	Beta-amylase OS=Hordeum vulgare subsp. spontaneum GN=BMV1 PE=1 SV=1	384–394	R.YDPTAYNTILR.N
C4b	708,4	1414,7	VCL_THECC	Vicilin OS=Theobroma cacao GN=CSV PE=2 SV=1	300–310	R.EKLEEILEEQR.G
C4b	712,9	1423,7	CYPH_MAIZE	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase OS=Zea mays GN=CYP PE=1 SV=1	6–19	R.VFFDMTVGGAPAGR.I
C4b	717,9	1433,8	G3PC1_HORVU	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 1, cytosolic OS=Hordeum vulgare GN=GAPC PE=2 SV=1	203–217	R.AASFNIIPSSTGAAC.A
C4b	744,9	1487,8	ASP_THECC	21 kDa seed protein OS=Theobroma cacao GN=ASP PE=2 SV=1	100–112	R.VSTDVNIEFVPIR.D
C4b	749,9	1497,8	G3PC1_HORVU	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 1, cytosolic OS=Hordeum vulgare GN=GAPC PE=2 SV=1	237–250	R.VPTVDVSVVDLTVR.T
C4b	781,4	1560,8	SPZ1A_WHEAT	Serpin-Z1A OS=Triticum aestivum GN=WZCI PE=1 SV=1	138–151	K.AAEVTTQVNSWVEK.V
C4b	530,3	1587,9	EF1A_MAIZE	Elongation factor 1-alpha OS=Zea mays GN=EF1A PE=3 SV=1	6–20	K.THINIVVIGHVDVSGK.S
C4b	538,3	1611,7	IAA1_WHEAT	Alpha-amylase inhibitor 0.19 OS=Triticum aestivum PE=1 SV=1	67–82	K.EHGAQEGQAGTGAFPR.C
C4b	850,0	1697,9	IAAC3_WHEAT	Alpha-amylase/trypsin inhibitor CM3 OS=Triticum aestivum PE=1 SV=1	101–115	R.YFIALPVPSQPVDPR.S
C4b	567,6	1699,9	RIP1_HORVU	Protein synthesis inhibitor I OS=Hordeum vulgare GN=RIP30 PE=1 SV=2	120–135	R.DLLGDTDKLTNVALGR.Q

Označení vzorku	m/z	Mr	Kód proteinu	Název proteinu včetně pravděpodobného původu	Úsek sekvence aminokyselin	Aminokyselinová sekvence
C4b	582,0	1742,8	CHIA_SECCE	Basic endochitinase A OS=Secale cereale GN=rscs PE=1 SV=1	193–208	R.GPIQLSHNINYGPAGR.A
C4b	877,0	1751,9	AMYB_HORVS	Beta-amylase OS=Hordeum vulgare subsp. spontaneum GN=BMV1 PE=1 SV=1	419–433	R.LSNQLVEGQNYVNFK.T
C4b	587,3	1758,9	GUB_NICPL	Lichenase OS=Nicotiana plumbaginifolia GN=GN1 PE=2 SV=3	62–76	R.MRLYDPNQAAALQALR.G
C4b	885,5	1768,9	AMYB_WHEAT	Beta-amylase OS=Triticum aestivum GN=BMV1 PE=2 SV=1	355–370	K.SAPEELVQQVLSAGWR.E
C4b	996,0	1990,0	GLT4_WHEAT	Glutenin, high molecular weight subunit PW212 OS=Triticum aestivum PE=3 SV=1	82–99	K.GGSFYPPGETTPPQQLQQR.I
C4b	696,4	2086,0	AMYB_WHEAT	Beta-amylase OS=Triticum aestivum GN=BMV1 PE=2 SV=1	129–146	R.NIEYLTLGVDDQPLFHGR.T
C4b	907,5	2719,3	SPZ1A_WHEAT	Serpin-Z1A OS=Triticum aestivum GN=WZCI PE=1 SV=1	328–353	R.VSSVFHQAFVEVNEQGTEAAASTAIK.M
C4b	1151,9	3452,6	GLT0_WHEAT	Glutenin, high molecular weight subunit DY10 OS=Triticum aestivum GN=GLU-D1-2B PE=3 SV=1	185–215	K.GQQGYPTSLQQPGQQQQGYPTSLQHTGQR.Q
C4b	1048,3	4189,0	GLT0_WHEAT	Glutenin, high molecular weight subunit DY10 OS=Triticum aestivum GN=GLU-D1-2B PE=3 SV=1	216–252	R.QQPVGQQPEQQQPGQWQQGYPTSPQQLGQQQQPR.Q
C5a	547,3	546,3	RABA3_ARATH	Ras-related protein RABA3 OS=Arabidopsis thaliana GN=RABA3 PE=2 SV=1	211–215	K.LDGSR.I
C5a	406,3	810,5	G3PC_MAGLI	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Magnolia liliiflora GN=GAPC PE=2 SV=1	224–231	K.VLPALNGK.L
C5a	407,8	813,5	G3PC_MAGLI	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Magnolia liliiflora GN=GAPC PE=2 SV=1	123–130	K.VIISAPSK.D
C5a	417,2	832,5	G3PC_MAGLI	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Magnolia liliiflora GN=GAPC PE=2 SV=1	8–15	K.IGINGFGR.I
C5a	421,8	841,5	BRE1A_ORYSI	E3 ubiquitin-protein ligase BRE1-like 1 OS=Oryza sativa subsp. indica GN=BRE1A PE=3 SV=2	461–468	K.ALVSSIPR.E
C5a	435,3	868,5	ALF_MAIZE	Fructose-bisphosphate aldolase, cytoplasmic isozyme OS=Zea mays PE=1 SV=1	95–103	K.EGGVLPGIK.V
C5a	488,3	974,6	HLTT_LUPAL	13-hydroxylupanine O-tigloyltransferase OS=Lupinus albus GN=HMT/HLT PE=1 SV=1	286–293	R.LLYILNAR.Y
C5a	489,8	977,5	ENO_ORYSJ	Enolase OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=ENO1 PE=1 SV=2	439–446	K.FRAPVEPY.-
C5a	508,8	1015,6	NAC6_ARATH	NAC domain-containing protein 6 OS=Arabidopsis thaliana GN=NAC006 PE=1 SV=1	1–9	-.MKILPVGSR.F

Označení vzorku	m/z	Mr	Kód proteinu	Název proteinu včetně pravděpodobného původu	Úsek sekvence aminokyselin	Aminokyselinová sekvence
C5a	508,8	1015,6	QPCT_ARATH	Glutaminyl-peptide cyclotransferase OS=Arabidopsis thaliana GN=QCT PE=1 SV=1	121–129	R.TGKVEILEK.M
C5a	557,3	1112,6	OST1B_ORYSJ	Dolichyl-diphosphooligosaccharide--protein glycosyltransferase subunit 1B OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=OST1B PE=2 SV=1	107–118	K.ASDLAAAPNGAR.L
C5a	557,3	1112,6	GLT0_WHEAT	Glutenin, high molecular weight subunit DY10 OS=Triticum aestivum GN=GLU-D1-2B PE=3 SV=1	45–54	R.QVVDQQLAGR.L
C5a	599,8	1197,7	G3PC_MAGLI	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Magnolia liliiflora GN=GAPC PE=2 SV=1	303–313	K.AGIALNEHFVK.L
C5a	614,8	1227,7	TYRA2_ARATH	Arogenate dehydrogenase 2, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=TYRAAT2 PE=1 SV=1	20–30	R.NSPTFLISPPR.S
C5a	749,9	1497,8	G3PC_MAGLI	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Magnolia liliiflora GN=GAPC PE=2 SV=1	239–252	R.VPTVDVSVVDLTVR.L
C5a	787,4	1572,8	ENO_ORYSJ	Enolase OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=ENO1 PE=1 SV=2	355–369	K.VNQIGSVTESIEAVK.M
C5a	787,4	1572,8	ENO_SOLLC	Enolase OS=Solanum lycopersicum GN=PGH1 PE=2 SV=1	353–367	K.VNQIGSVTESIEAVK.M
C5a	787,4	1572,8	PGKH_TOBAC	Phosphoglycerate kinase, chloroplastic OS=Nicotiana tabacum PE=1 SV=1	424–440	K.GVTTIIGGDSVAAVEK.V
C5a	796,4	1590,8	CDPKA_ARATH	Calcium-dependent protein kinase 10 OS=Arabidopsis thaliana GN=CPK10 PE=1 SV=1	49–62	K.DVIPMSNQTQISDK.Y
C5a	573,3	1716,8	BURPA_ORYSJ	BURP domain-containing protein 10 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=BURP10 PE=2 SV=1	236–251	R.TVAGLRGDTVCHTMR.F
C5a	596,3	1785,9	PGKH_CHLRE	Phosphoglycerate kinase, chloroplastic OS=Chlamydomonas reinhardtii PE=1 SV=1	433–450	K.MSHISTGGGASLELLEGG. V
C5a	903,0	1803,9	ENO_SOLLC	Enolase OS=Solanum lycopersicum GN=PGH1 PE=2 SV=1	35–52	R.AAVPSGASTGIYEALER.D
C5b	406,3	810,5	G3PC_PEA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Pisum sativum GN=GAPC1 PE=1 SV=1	223–230	K.VLPALNGK.L
C5b	407,8	813,5	G3PC_PEA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Pisum sativum GN=GAPC1 PE=1 SV=1	122–129	K.VIISAPSK.D
C5b	409,7	817,4	11SB_CUCMA	11S globulin subunit beta OS=Cucurbita maxima PE=1 SV=1	317–323	R.ADVFNPR.G
C5b	416,7	831,5	U496E_ORYSI	Putative UPF0496 protein 5 OS=Oryza sativa subsp. indica GN=OsI_032118 PE=3 SV=1	72–79	R.SLSLGLSR.E
C5b	481,3	960,5	GBB_NICPL	Guanine nucleotide-binding protein subunit beta OS=Nicotiana glauca GN=GN1_000001 PE=2 SV=1	2–9	M.SVTELKER.H
C5b	488,3	974,6	HLTT_LUPAL	13-hydroxylypanine O-tigloyltransferase OS=Lupinus albus GN=HMT/HLT PE=1 SV=1	286–293	R.LLYILNAR.Y

Označení vzorku	m/z	Mr	Kód proteinu	Název proteinu včetně pravděpodobného původu	Úsek sekvence aminokyselin	Aminokyselinová sekvence
C5b	508,8	1015,6	NAC6_ARATH	NAC domain-containing protein 6 OS=Arabidopsis thaliana GN=NAC006 PE=1 SV=1	1–9	-.MKILPVGSR.F
C5b	513,3	1024,6	EF1A1_ARATH	Elongation factor 1-alpha 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=A1 PE=1 SV=1	244–254	K.IGGIGTVPVGR.V
C5b	525,8	1049,6	IAA2_WHEAT	Alpha-amylase inhibitor 0.28 OS=Triticum aestivum GN=IMA1 PE=1 SV=3	95–103	R.SVYQELGVR.E
C5b	594,3	1186,6	GDB2_WHEAT	Gamma-gliadin OS=Triticum aestivum PE=3 SV=1	315–327	R.APFASIVAGIGGQ.-
C5b	663,8	1325,7	AMYB_HORVS	Beta-amylase OS=Hordeum vulgare subsp. spontaneum GN=BMV1 PE=1 SV=1	384–394	R.YDPTAYNTILR.N
C5b	708,4	1414,7	VCL_THECC	Vicilin OS=Theobroma cacao GN=CSV PE=2 SV=1	300–310	R.EKLEEILEEQR.G
C5b	717,9	1433,8	G3PC_PEA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Pisum sativum GN=GAPC1 PE=1 SV=1	204–218	R.AASFNIIPSSTGAAK.A
C5b	744,9	1487,8	ASP_THECC	21 kDa seed protein OS=Theobroma cacao GN=ASP PE=2 SV=1	100–112	R.VSTDVNIEFVPIR.D
C5b	549,3	1644,8	LEA11_HELAN	11 kDa late embryogenesis abundant protein OS=Helianthus annuus PE=2 SV=1	6–23	K.NAAASAKETAANVAASAK.A
C5b	587,3	1758,9	ASP_THECC	21 kDa seed protein OS=Theobroma cacao GN=ASP PE=2 SV=1	100–114	R.VSTDVNIEFVPIRDR.L
C5b	590,6	1768,9	Y3982_ORYSJ	B3 domain-containing protein Os03g0619800 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os03g0619800 PE=3 SV=1	443–458	R.GLELSSRYAASYLPDK.N
C5b	627,3	1878,9	MP702_ARATH	Microtubule-associated protein 70-2 OS=Arabidopsis thaliana GN=MAP70.2 PE=1 SV=1	232–247	K.AAMVDDLQKNQELMK.Q
C5c	409,7	817,4	11SB_CUCMA	11S globulin subunit beta OS=Cucurbita maxima PE=1 SV=1	317–323	R.ADFVNPR.G
C5c	488,3	974,6	HLTT_LUPAL	13-hydroxylupanine O-tigloyltransferase OS=Lupinus albus GN=HMT/HLT PE=1 SV=1	286–293	R.LLYILNAR.Y
C5c	594,3	1186,6	ACCH8_ARATH	1-aminocyclopropane-1-carboxylate oxidase homolog 8 OS=Arabidopsis thaliana GN=At3g61400 PE=2 SV=1	118–127	R.AFHEQDAELK.K
C5c	744,9	1487,8	ASP_THECC	21 kDa seed protein OS=Theobroma cacao GN=ASP PE=2 SV=1	100–112	R.VSTDVNIEFVPIR.D
C5c	404,2	1209,6	CSLD1_ORYSI	Cellulose synthase-like protein D1 OS=Oryza sativa subsp. indica GN=CSLD1 PE=3 SV=2	882–892	R.NNALFASSKMK.V
C5c	402,7	803,5	CSLD2_ARATH	Cellulose synthase-like protein D2 OS=Arabidopsis thaliana GN=CSLD2 PE=1 SV=1	911–916	K.MKILQR.I
C5c	421,8	841,5	BRE1A_ORYSI	E3 ubiquitin-protein ligase BRE1-like 1 OS=Oryza sativa subsp. indica GN=BRE1A PE=3 SV=2	461–468	K.ALVSSIPR.E
C5c	489,8	977,5	ENO_ORYSJ	Enolase OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=ENO1 PE=1 SV=2	439–446	K.FRAPVEPY.-

Označení vzorku	m/z	Mr	Kód proteinu	Název proteinu včetně pravděpodobného původu	Úsek sekvence aminokyselin	Aminokyselinová sekvence
C5c	594,3	1186,6	GDB2_WHEAT	Gamma-gliadin OS=Triticum aestivum PE=3 SV=1	315–327	R.APFASIVAGIGGQ.-
C5c	508,8	1015,6	QPCT_ARATH	Glutaminyl-peptide cyclotransferase OS=Arabidopsis thaliana GN=QCT PE=1 SV=1	121–129	R.TGKVEILEK.M
C5c	406,3	810,5	G3PC_PEA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Pisum sativum GN=GAPC1 PE=1 SV=1	223–230	K.VLPALNGK.L
C5c	407,8	813,5	G3PC_PEA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Pisum sativum GN=GAPC1 PE=1 SV=1	122–129	K.VIISAPSK.D
C5c	417,2	832,5	G3PC_PEA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Pisum sativum GN=GAPC1 PE=1 SV=1	7–14	K.IGINGFGR.I
C5c	717,9	1433,8	G3PC_PEA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Pisum sativum GN=GAPC1 PE=1 SV=1	204–218	R.AASFNIIPSSTGAAK.A
C5c	749,9	1497,8	G3PC_PEA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Pisum sativum GN=GAPC1 PE=1 SV=1	238–251	R.VPTVDVSVVDLTVR.L
C5c	551,6	1651,8	MTP7_ORYSJ	Metal tolerance protein 7 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=MTP7 PE=2 SV=1	210–224	K.ELWMIGSMSSVAVVK.F
C5c	551,6	1651,8	MTP7_ORYSJ	Metal tolerance protein 7 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=MTP7 PE=2 SV=1	210–224	K.ELWMIGSMSSVAVVK.F
C5c	508,8	1015,6	NAC6_ARATH	NAC domain-containing protein 6 OS=Arabidopsis thaliana GN=NAC006 PE=1 SV=1	1–9	-.MKILPVGSR.F
C5c	431,8	861,5	OCT7_ARATH	Organic cation/carnitine transporter 7 OS=Arabidopsis thaliana GN=OCT7 PE=2 SV=1	204–210	R.YLILQGR.K
C5c	472,8	943,5	H2A1_ARATH	Probable histone H2A.1 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g51060 PE=1 SV=1	23–31	K.AGLQFPVGR.I
C5c	579,8	1157,6	REF_HEVBR	Rubber elongation factor protein OS=Hevea brasiliensis PE=1 SV=2	100–110	K.DASIQVVS AIR.A
C5c	579,8	1157,6	VCL_THECC	Vicilin OS=Theobroma cacao GN=CSV PE=2 SV=1	302–310	K.LEEILEEQR.G
C5d	402,7	803,5	CSLD2_ARATH	Cellulose synthase-like protein D2 OS=Arabidopsis thaliana GN=CSLD2 PE=1 SV=1	911–916	K.MKILQR.I
C5d	406,3	810,5	G3PC_PEA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Pisum sativum GN=GAPC1 PE=1 SV=1	223–230	K.VLPALNGK.L
C5d	407,8	813,5	G3PC_PEA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Pisum sativum GN=GAPC1 PE=1 SV=1	122–129	K.VIISAPSK.D
C5d	409,7	817,4	11SB_CUCMA	11S globulin subunit beta OS=Cucurbita maxima PE=1 SV=1	317–323	R.ADVFNPR.G
C5d	417,2	832,5	G3PC_PEA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Pisum sativum GN=GAPC1 PE=1 SV=1	7–14	K.IGINGFGR.I

Označení vzorku	m/z	Mr	Kód proteinu	Název proteinu včetně pravděpodobného původu	Úsek sekvence aminokyselin	Aminokyselinová sekvence
C5d	845,4	844,4	ADLO1_ARATH	Protein ARABIDILLO 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=FBX5 PE=1 SV=1	787–794	K.NISLDGAR.N
C5d	435,3	868,5	ALF_MAIZE	Fructose-bisphosphate aldolase, cytoplasmic isozyme OS=Zea mays PE=1 SV=1	95–103	K.EGGVLPGIK.V
C5d	481,3	960,5	GBB_NICPL	Guanine nucleotide-binding protein subunit beta OS=Nicotiana glumbaginifolia PE=2 SV=1	2–9	M.SVTELKER.H
C5d	488,3	974,6	HLTT_LUPAL	13-hydroxylupanine O-tigloyltransferase OS=Lupinus albus GN=HMT/HLT PE=1 SV=1	286–293	R.LLYLNAR.Y
C5d	489,8	977,5	ENO1_MAIZE	Enolase 1 OS=Zea mays GN=ENO1 PE=1 SV=1	439–446	K.FRAPVEPY.-
C5d	499,7	997,5	ARFF_ORYSI	Auxin response factor 6 OS=Oryza sativa subsp. indica GN=ARF6 PE=3 SV=1	178–185	K.DLHGNEWK.F
C5d	508,8	1015,6	QPCT_ARATH	Glutamyl-peptide cyclotransferase OS=Arabidopsis thaliana GN=QCT PE=1 SV=1	121–129	R.TGKVEILEK.M
C5d	518,8	1035,6	CSLF7_ORYSJ	Probable mixed-linked glucan synthase 7 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=CSLF7 PE=1 SV=1	76–83	K.WRITYAAR.A
C5d	579,8	1157,6	REF_HEVBR	Rubber elongation factor protein OS=Hevea brasiliensis PE=1 SV=2	100–110	K.DASIQVVS AIR.A
C5d	717,9	1433,8	G3PC_PEA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Pisum sativum GN=GAPC1 PE=1 SV=1	204–218	R.AASFNIIPSSTGA AK.A
C5d	744,9	1487,8	ALF_MAIZE	Fructose-bisphosphate aldolase, cytoplasmic isozyme OS=Zea mays PE=1 SV=1	25–39	K.GILAADESTGTIGKR.L
C5d	768,4	1534,8	ENO1_MAIZE	Enolase 1 OS=Zea mays GN=ENO1 PE=1 SV=1	424–438	R.IEEELGDAAVYAGAK.F
C5d	596,3	1785,9	PGKH_CHLRE	Phosphoglycerate kinase, chloroplastic OS=Chlamydomonas reinhardtii PE=1 SV=1	433–450	K.MSHISTGGGASLELLE GK.V
C5d	645,3	1933,0	PGKH_SPIOL	Phosphoglycerate kinase, chloroplastic (Fragment) OS=Spinacia oleracea PE=2 SV=2	165–182	K.LASLADLYVNDAFGTAHR.A
C5d	686,0	2055,0	GLR34_ARATH	Glutamate receptor 3.4 OS=Arabidopsis thaliana GN=GLR3.4 PE=2 SV=2	37–55	R.SNFSRNSSSSSSSSLRPLR.Q
C5d	706,7	2117,1	ENO_RICCO	Enolase OS=Ricinus communis PE=2 SV=1	148–168	K.NLVLPVPFNVINGGSHA GNK.L
C5d	531,8	2123,0	FRO5_ARATH	Ferric reduction oxidase 5 OS=Arabidopsis thaliana GN=FRO5 PE=2 SV=1	662–681	K.ILFEAEGSEDVGMVCGP KK.M
C6a	536,3	535,3	NAS7_HORVU	Probable nicotianamine synthase 7 OS=Hordeum vulgare GN=NAS7 PE=2 SV=1	325–329	K.AEVAF.-
C6a	664,3	663,3	CYPR1_CYNCA	Cyprosin (Fragment) OS=Cynara cardunculus GN=CYPRO1 PE=1 SV=2	467–473	R.VGFAEAA.-

Označení vzorku	m/z	Mr	Kód proteinu	Název proteinu včetně pravděpodobného původu	Úsek sekvence aminokyselin	Aminokyselinová sekvence
C6a	404,2	806,5	G3PC_DIACA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Dianthus caryophyllus GN=GAPC PE=1 SV=1	68–74	K.TLLFGEK.A
C6a	406,2	810,4	G3PC1_HORVU	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 1, cytosolic OS=Hordeum vulgare GN=GAPC PE=2 SV=1	230–236	K.LTGMSFR.V
C6a	406,2	810,4	G3PC_DIACA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Dianthus caryophyllus GN=GAPC PE=1 SV=1	230–236	K.LTGMSFR.V
C6a	407,8	813,5	G3PC_DIACA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Dianthus caryophyllus GN=GAPC PE=1 SV=1	121–128	K.VIISAPSK.D
C6a	414,2	826,4	GLT1_WHEAT	Glutenin, high molecular weight subunit PC256 (Fragment) OS=Triticum aestivum PE=3 SV=1	11–16	R.QWLQPR.Q
C6a	416,2	830,4	CHLD_ARATH	Magnesium-chelatase subunit ChLD, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=CHLD PE=1 SV=3	381–387	K.VTIDDLR.K
C6a	416,2	830,5	H3L3_ARATH	Histone H3-like 3 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g75600 PE=2 SV=3	58–64	K.STELLIR.K
C6a	417,2	832,5	G3PC1_HORVU	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 1, cytosolic OS=Hordeum vulgare GN=GAPC PE=2 SV=1	6–13	K.IGINGFGR.I
C6a	417,2	832,5	G3PC_DIACA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Dianthus caryophyllus GN=GAPC PE=1 SV=1	6–13	K.IGINGFGR.I
C6a	424,8	847,5	BLT_ARATH	Protein BRANCHLESS TRICHOME OS=Arabidopsis thaliana GN=BLT PE=1 SV=1	101–107	R.AELMIKK.L
C6a	430,8	859,6	SPZ1A_WHEAT	Serpin-Z1A OS=Triticum aestivum GN=WZCI PE=1 SV=1	227–233	K.VLKLPYK.Q
C6a	433,8	865,6	RL23_ARATH	60S ribosomal protein L23 OS=Arabidopsis thaliana GN=RPL23A PE=2 SV=3	76–83	K.VLPAVIVR.Q
C6a	435,3	868,5	ALF_MAIZE	Fructose-bisphosphate aldolase, cytoplasmic isozyme OS=Zea mays PE=1 SV=1	95–103	K.EGGVLPGIK.V
C6a	435,3	868,5	G3PC1_HORVU	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 1, cytosolic OS=Hordeum vulgare GN=GAPC PE=2 SV=1	222–229	K.VLPELNKG.L
C6a	435,8	869,5	RK20_ANEMR	50S ribosomal protein L20, plastid OS=Aneura mirabilis GN=rpl20 PE=3 SV=1	86–92	K.NQILLNR.K
C6a	435,8	869,5	HSP7F_ARATH	Heat shock 70 kDa protein 6, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=HSP70-6 PE=1 SV=1	236–243	R.IAGLEVLR.I
C6a	436,2	870,5	STADS_BRANA	Acyl-[acyl-carrier-protein] desaturase, seed specific, chloroplastic OS=Brassica napus PE=2 SV=1	189–195	K.YLYLSGR.V

Označení vzorku	m/z	Mr	Kód proteinu	Název proteinu včetně pravděpodobného původu	Úsek sekvence aminokyselin	Aminokyselinová sekvence
C6a	436,2	870,5	HSP7M_PEA	Heat shock 70 kDa protein, mitochondrial OS=Pisum sativum GN=HSP1 PE=1 SV=1	210–217	R.IAGLDVQR.I
C6a	437,2	872,5	ALFC_ORYSJ	Fructose-bisphosphate aldolase, chloroplastic OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os11g0171300 PE=1 SV=2	193–200	K.EAAWGLAR.Y
C6a	444,8	887,6	RK22_AGRST	50S ribosomal protein L22, chloroplastic OS=Agrostis stolonifera GN=rpl22 PE=3 SV=1	6–12	K.LVKYIPR.I
C6a	457,8	913,6	EF1A1_ARATH	Elongation factor 1-alpha 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=A1 PE=1 SV=1	419–427	R.QTVAVGVIK.S
C6a	470,3	938,6	H2B10_ARATH	Histone H2B.10 OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g22880 PE=1 SV=3	121–129	R.LVLPGEIAK.H
C6a	472,8	943,5	H2A1_ARATH	Probable histone H2A.1 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g51060 PE=1 SV=1	23–31	K.AGLQFPVGR.I
C6a	472,8	943,5	HSP7F_ARATH	Heat shock 70 kDa protein 6, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=HSP70-6 PE=1 SV=1	620–627	K.QLKELGEK.I
C6a	481,3	960,5	IACX1_WHEAT	Trypsin/alpha-amylase inhibitor CMX1/CMX3 OS=Triticum aestivum PE=2 SV=1	112–120	R.EFIAGIVGR.E
C6a	485,3	968,6	RL5_CUCSA	60S ribosomal protein L5 OS=Cucumis sativus GN=RPL5 PE=2 SV=1	143–151	R.ALLDVGLIR.T
C6a	492,3	982,5	RL3_ORYSJ	60S ribosomal protein L3 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=RPL3 PE=2 SV=2	11–19	R.HGSLGFLPR.K
C6a	500,3	998,5	MASY_BRANA	Malate synthase, glyoxysomal OS=Brassica napus PE=2 SV=1	102–110	R.VEITGPVER.K
C6a	508,3	1014,6	RAN_VICFA	GTP-binding nuclear protein Ran/TC4 OS=Vicia faba PE=2 SV=1	16–26	K.LVIVGDGGTGK.T
C6a	508,8	1015,5	AMYB_HORVS	Beta-amylase OS=Hordeum vulgare subsp. spontaneum GN=BMV1 PE=1 SV=1	411–418	K.LFGFTYLR.L
C6a	508,8	1015,5	AMYB_WHEAT	Beta-amylase OS=Triticum aestivum GN=BMV1 PE=2 SV=1	411–418	K.LFGFTYLR.L
C6a	509,8	1017,6	PUIB_WHEAT	Puroindoline-B OS=Triticum aestivum GN=PINB PE=1 SV=1	109–117	R.LGGFLGIWR.G
C6a	510,3	1018,6	PDI_RICCO	Protein disulfide-isomerase OS=Ricinus communis PE=1 SV=1	164–172	K.IFIVGVFPK.F
C6a	511,3	1020,5	RBL_ABIFI	Ribulose bisphosphate carboxylase large chain (Fragment) OS=Abies firma GN=rbcL PE=3 SV=1	26–34	K.DTDILAAFR.V
C6a	512,3	1022,5	IAC16_WHEAT	Alpha-amylase/trypsin inhibitor CM16 OS=Triticum aestivum PE=1 SV=1	108–115	R.EVQMDFVR.I
C6a	513,3	1024,6	EF1A1_ARATH	Elongation factor 1-alpha 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=A1 PE=1 SV=1	244–254	K.IGGIGTVPVGR.V
C6a	516,3	1030,6	GLRX_RICCO	Glutaredoxin OS=Ricinus communis PE=1 SV=1	66–75	R.TVPSVFIGGK.H

Označení vzorku	m/z	Mr	Kód proteinu	Název proteinu včetně pravděpodobného původu	Úsek sekvence aminokyselin	Aminokyselinová sekvence
C6a	522,8	1043,5	GLT4_WHEAT	Glutenin, high molecular weight subunit PW212 OS=Triticum aestivum PE=3 SV=1	34–41	R.ELQELQER.E
C6a	525,8	1049,6	IAA2_WHEAT	Alpha-amylase inhibitor 0.28 OS=Triticum aestivum GN=IMA1 PE=1 SV=3	95–103	R.SVYQELGVR.E
C6a	534,3	1066,6	UBIQ_AVESA	Ubiquitin OS=Avena sativa PE=1 SV=1	64–72	K.ESTLHLVLR.L
C6a	545,8	1089,6	RRAA3_ARATH	Regulator of ribonuclease-like protein 3 OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g56260 PE=2 SV=1	47–55	K.VFEDNVLVR.N
C6a	555,8	1109,5	IAAC3_WHEAT	Alpha-amylase/trypsin inhibitor CM3 OS=Triticum aestivum PE=1 SV=1	133–140	R.EMQWDFVR.L
C6a	557,3	1112,6	GLT0_WHEAT	Glutenin, high molecular weight subunit DY10 OS=Triticum aestivum GN=GLU-D1-2B PE=3 SV=1	45–54	R.QVVDQQLAGR.L
C6a	573,8	1145,6	HSP7M_PEA	Heat shock 70 kDa protein, mitochondrial OS=Pisum sativum GN=HSP1 PE=1 SV=1	608–617	K.EIEDAVSDLR.T
C6a	579,4	1156,7	GLT4_WHEAT	Glutenin, high molecular weight subunit PW212 OS=Triticum aestivum PE=3 SV=1	100–109	R.IFWGIPALLK.R
C6a	587,3	1172,7	ATPBM_ARATH	ATP synthase subunit beta-1, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g08670 PE=1 SV=1	214–223	K.VVDLLAPYQR.G
C6a	588,3	1174,6	IAC16_WHEAT	Alpha-amylase/trypsin inhibitor CM16 OS=Triticum aestivum PE=1 SV=1	55–65	R.IETPGSPYLAK.Q
C6a	588,8	1175,6	SPZ1A_WHEAT	Serpin-Z1A OS=Triticum aestivum GN=WZCI PE=1 SV=1	261–270	K.LSAEPDFLER.H
C6a	590,8	1179,6	H4_ARATH	Histone H4 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g07660 PE=1 SV=2	47–56	R.ISGLIYEETR.G
C6a	594,3	1186,6	GDB2_WHEAT	Gamma-gliadin OS=Triticum aestivum PE=3 SV=1	315–327	R.APFASIVAGIGGQ.-
C6a	594,8	1187,6	GLT0_WHEAT	Glutenin, high molecular weight subunit DY10 OS=Triticum aestivum GN=GLU-D1-2B PE=3 SV=1	55–64	R.LPWSTGLQMR.C
C6a	400,2	1197,7	ACT_CHLRE	Actin OS=Chlamydomonas reinhardtii PE=1 SV=1	31–41	R.AVFPSIVGRPR.H
C6a	601,3	1200,6	GRDH_DAUCA	Glucose and ribitol dehydrogenase OS=Daucus carota GN=CAISE5 PE=2 SV=1	43–55	K.VALVTGGDSGIGR.S
C6a	409,2	1224,7	SUSY_BETVU	Sucrose synthase (Fragment) OS=Beta vulgaris GN=SS1 PE=2 SV=1	453–463	R.VVHGIDVDFPK.F
C6a	627,3	1252,6	SPZ1A_WHEAT	Serpin-Z1A OS=Triticum aestivum GN=WZCI PE=1 SV=1	127–137	K.AETQSVDFQTK.A
C6a	637,3	1272,6	LEA34_GOSHI	Late embryogenesis abundant protein D-34 OS=Gossypium hirsutum PE=4 SV=1	225–236	R.QDAEGVVSaelR.N
C6a	654,3	1306,7	ACEA_ARATH	Isocitrate lyase OS=Arabidopsis thaliana GN=ICL PE=1 SV=2	531–544	K.TVQGGISSTAAMGK.G

Označení vzorku	m/z	Mr	Kód proteinu	Název proteinu včetně pravděpodobného původu	Úsek sekvence aminokyselin	Aminokyselinová sekvence
C6a	438,6	1312,8	GLT4_WHEAT	Glutenin, high molecular weight subunit PW212 OS=Triticum aestivum PE=3 SV=1	100–110	R.IFWGIPALLKR.Y
C6a	657,9	1313,8	UP14_PSEMZ	Unknown protein 14 (Fragment) OS=Pseudotsuga menziesii PE=1 SV=1	1–14	-.RIISSVAVAVAGTA.-
C6a	658,8	1315,6	EM1_WHEAT	Em protein OS=Triticum aestivum GN=EM PE=2 SV=1	30–41	K.SLEAQENLAEGR.S
C6a	663,4	1324,7	H4_ARATH	Histone H4 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g07660 PE=1 SV=2	25–36	R.DNIQGITKPAIR.R
C6a	663,8	1325,7	AMYB_HORVS	Beta-amylase OS=Hordeum vulgare subsp. spontaneum GN=BMV1 PE=1 SV=1	384–394	R.YDPTAYNTILR.N
C6a	666,9	1331,7	ALF_MAIZE	Fructose-bisphosphate aldolase, cytoplasmic isozyme OS=Zea mays PE=1 SV=1	25–38	K.GILAADESTGTIGK.R
C6a	671,8	1341,6	TBB_CICAR	Tubulin beta chain OS=Cicer arietinum GN=TUBB PE=2 SV=1	49–60	R.INVYYNEASGGR.Y
C6a	672,4	1342,7	RL12_PRUAR	60S ribosomal protein L12 OS=Prunus armeniaca GN=RPL12 PE=2 SV=1	17–31	R.VTGGEVGAASSLAPK.I
C6a	683,8	1365,7	IAAS_WHEAT	Endogenous alpha-amylase/subtilisin inhibitor OS=Triticum aestivum PE=1 SV=1	15–26	R.ADANYYYL PANR.A
C6a	694,9	1387,7	PGKY_WHEAT	Phosphoglycerate kinase, cytosolic OS=Triticum aestivum PE=2 SV=1	179–191	K.ELDYLVGAVANPK.K
C6a	703,8	1405,7	1433B_HORVU	14-3-3-like protein B OS=Hordeum vulgare PE=2 SV=1	38–49	K.TVDSEELTVEER.N
C6a	703,8	1405,7	RBL_ABIFI	Ribulose bisphosphate carboxylase large chain (Fragment) OS=Abies firma GN=rbcl PE=3 SV=1	15–25	R.LTYTPEYQTK.D
C6a	712,9	1423,7	CYPH_MAIZE	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase OS=Zea mays GN=CYP PE=1 SV=1	6–19	R.VFFDMTVGGAPAGR.I
C6a	717,9	1433,8	G3PC1_HORVU	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 1, cytosolic OS=Hordeum vulgare GN=GAPC PE=2 SV=1	203–217	R.AASFNIIPSSTGAAK.A
C6a	717,9	1433,8	G3PC_DIACA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Dianthus caryophyllus GN=GAPC PE=1 SV=1	203–217	R.AASFNIIPSSTGAAK.A
C6a	737,3	1472,7	HSP7C_PETHY	Heat shock cognate 70 kDa protein OS=Petunia hybrida GN=HSP70 PE=2 SV=1	40–52	R.TTPSYVGFDTTER.L
C6a	743,4	1484,8	BAS1B_ARATH	2-Cys peroxiredoxin BAS1-like, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g06290 PE=2 SV=3	189–202	K.SFGVLIPDQGI ALR.G
C6a	744,4	1486,7	HSP7E_ARATH	Heat shock 70 kDa protein 5 OS=Arabidopsis thaliana GN=HSP70-5 PE=2 SV=1	39–51	R.TTPSYVAFTDTER.L
C6a	496,9	1487,8	ALF_MAIZE	Fructose-bisphosphate aldolase, cytoplasmic isozyme OS=Zea mays PE=1 SV=1	25–39	K.GILAADESTGTIGKR.L
C6a	499,3	1494,8	G3PA_PEA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase A, chloroplastic OS=Pisum sativum GN=GAPA PE=2 SV=2	145–157	K.VVSDRNPANLPWK.E

Označení vzorku	m/z	Mr	Kód proteinu	Název proteinu včetně pravděpodobného původu	Úsek sekvence aminokyselin	Aminokyselinová sekvence
C6a	749,9	1497,8	G3PC1_HORVU	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 1, cytosolic OS=Hordeum vulgare GN=GAPC PE=2 SV=1	237–250	R.VPTVDVSVVDLTVR.T
C6a	749,9	1497,8	G3PC_DIACA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Dianthus caryophyllus GN=GAPC PE=1 SV=1	237–250	R.VPTVDVSVVDLTVR.I
C6a	765,9	1529,8	AATC_DAUCA	Aspartate aminotransferase, cytoplasmic OS=Daucus carota PE=2 SV=1	85–98	K.LIFGADSPAIQENR.V
C6a	538,3	1611,7	IAA1_WHEAT	Alpha-amylase inhibitor 0.19 OS=Triticum aestivum PE=1 SV=1	67–82	K.EHGAQEGQAGTGAFPR.C
C6a	808,4	1614,8	SODM_ORYSJ	Superoxide dismutase [Mn], mitochondrial OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=SODA PE=2 SV=2	167–181	K.LSVETTANQDPLVTK.G
C6a	823,4	1644,8	LEA11_HELAN	11 kDa late embryogenesis abundant protein OS=Helianthus annuus PE=2 SV=1	6–23	K.NAAASAKETAANVAASAK.A
C6a	567,6	1699,9	RIP1_HORVU	Protein synthesis inhibitor I OS=Hordeum vulgare GN=RIP30 PE=1 SV=2	120–135	R.DLLGDTDKLTNVALGR.Q
C6a	582,0	1742,8	CHIA_SECCE	Basic endochitinase A OS=Secale cereale GN=rscs PE=1 SV=1	193–208	R.GPIQLSHNYNYGPAGR.A
C6a	876,9	1751,9	AMYB_HORVS	Beta-amylase OS=Hordeum vulgare subsp. spontaneum GN=BMY1 PE=1 SV=1	419–433	R.LSNQLVEGQNYVNFK.T
C6a	885,5	1768,9	AMYB_WHEAT	Beta-amylase OS=Triticum aestivum GN=BMY1 PE=2 SV=1	355–370	K.SAPEELVQQVLSAGWR.E
C6a	596,7	1787,0	HSP7E_ARATH	Heat shock 70 kDa protein 5 OS=Arabidopsis thaliana GN=HSP70-5 PE=2 SV=1	175–191	R.IINEPTAAAIAVGLDKK.G
C6a	596,7	1787,0	HSP7C_PETHY	Heat shock cognate 70 kDa protein OS=Petunia hybrida GN=HSP70 PE=2 SV=1	176–192	R.IINEPTAAAIAVGLDKK.A
C6a	921,9	1841,8	OLEO1_PRUDU	Oleosin 1 OS=Prunus dulcis GN=OLE1 PE=2 SV=1	132–148	R.AEQFGQQHVPSGQQQSS.-
C6a	996,0	1990,0	GLT4_WHEAT	Glutenin, high molecular weight subunit PW212 OS=Triticum aestivum PE=3 SV=1	82–99	K.GGSFYPGETTPPQQLQQR.I
C6a	696,4	2086,0	AMYB_WHEAT	Beta-amylase OS=Triticum aestivum GN=BMY1 PE=2 SV=1	129–146	R.NIEYLTLGVDDQPLFHGR.T
C6a	907,4	2719,3	SPZ1A_WHEAT	Serpin-Z1A OS=Triticum aestivum GN=WZCI PE=1 SV=1	328–353	R.VSSVFHQAFVEVNEQGTEAAASTAIK.M
C6b	536,3	535,3	NAS7_HORVU	Probable nicotianamine synthase 7 OS=Hordeum vulgare GN=NAS7 PE=2 SV=1	325–329	K.AEVAF.-
C6b	714,3	713,3	H4_ARATH	Histone H4 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g07660 PE=1 SV=2	97–103	R.TLYGFGG.-
C6b	404,2	806,5	G3PC2_HORVU	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 2, cytosolic (Fragment) OS=Hordeum vulgare GN=GAPC PE=2 SV=1	36–42	K.TLLFGEK.E

Označení vzorku	m/z	Mr	Kód proteinu	Název proteinu včetně pravděpodobného původu	Úsek sekvence aminokyselin	Aminokyselinová sekvence
C6b	404,2	806,5	G3PC3_MAIZE	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 3, cytosolic OS=Zea mays GN=GAPC3 PE=2 SV=1	68–74	K.TLLFGEK.E
C6b	404,2	806,5	G3PC_DIACA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Dianthus caryophyllus GN=GAPC PE=1 SV=1	68–74	K.TLLFGEK.A
C6b	404,2	806,5	G3PC_TAXBA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Taxus baccata PE=2 SV=1	71–77	K.TLLFGEK.H
C6b	407,8	813,5	G3PC2_HORVU	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 2, cytosolic (Fragment) OS=Hordeum vulgare GN=GAPC PE=2 SV=1	89–96	K.VIISAPSK.D
C6b	407,8	813,5	G3PC_DIACA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Dianthus caryophyllus GN=GAPC PE=1 SV=1	121–128	K.VIISAPSK.D
C6b	414,2	826,4	GLT1_WHEAT	Glutenin, high molecular weight subunit PC256 (Fragment) OS=Triticum aestivum PE=3 SV=1	11–16	R.QWLQPR.Q
C6b	416,2	830,5	H3L3_ARATH	Histone H3-like 3 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g75600 PE=2 SV=3	58–64	K.STELLIR.K
C6b	417,2	832,5	G3PC1_HORVU	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 1, cytosolic OS=Hordeum vulgare GN=GAPC PE=2 SV=1	6–13	K.IGINGFGR.I
C6b	417,2	832,5	G3PC3_MAIZE	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 3, cytosolic OS=Zea mays GN=GAPC3 PE=2 SV=1	6–13	K.IGINGFGR.I
C6b	417,2	832,5	G3PC_DIACA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Dianthus caryophyllus GN=GAPC PE=1 SV=1	6–13	K.IGINGFGR.I
C6b	417,2	832,5	G3PC_TAXBA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Taxus baccata PE=2 SV=1	9–16	K.IGINGFGR.I
C6b	420,3	838,5	G3PC3_MAIZE	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 3, cytosolic OS=Zea mays GN=GAPC3 PE=2 SV=1	222–229	K.VLPVLNGK.L
C6b	420,3	838,5	G3PC_TAXBA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Taxus baccata PE=2 SV=1	225–232	K.VLPVLNGK.L
C6b	424,7	847,5	AATC_DAUCA	Aspartate aminotransferase, cytoplasmic OS=Daucus carota PE=2 SV=1	113–120	R.VGGEFLAR.H
C6b	426,2	850,5	SEBP3_ARATH	Selenium-binding protein 3 OS=Arabidopsis thaliana GN=SBP3 PE=2 SV=1	111–117	R.IVVIDTK.T
C6b	432,7	863,5	IFRH_ARATH	Isoflavone reductase homolog P3 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g75280 PE=2 SV=1	20–27	K.FLVEASAK.A
C6b	435,3	868,5	G3PC1_HORVU	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 1, cytosolic OS=Hordeum vulgare GN=GAPC PE=2 SV=1	222–229	K.VLPELNGK.L

Označení vzorku	m/z	Mr	Kód proteinu	Název proteinu včetně pravděpodobného původu	Úsek sekvence aminokyselin	Aminokyselinová sekvence
C6b	435,3	868,5	G3PC2_HORVU	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 2, cytosolic (Fragment) OS=Hordeum vulgare GN=GAPC PE=2 SV=1	190–197	K.VLPELNGK.L
C6b	435,8	869,5	RK20_ANEMR	50S ribosomal protein L20, plastid OS=Aneura mirabilis GN=rpl20 PE=3 SV=1	86–92	K.NQILLNR.K
C6b	435,8	869,5	HSP7F_ARATH	Heat shock 70 kDa protein 6, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=HSP70-6 PE=1 SV=1	236–243	R.IAGLEVLR.I
C6b	436,3	870,5	HSP7I_ARATH	Heat shock 70 kDa protein 9, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=HSP70-9 PE=2 SV=1	210–217	K.IAGLDVQR.I
C6b	444,8	887,6	RK22_AGRST	50S ribosomal protein L22, chloroplastic OS=Agrostis stolonifera GN=rpl22 PE=3 SV=1	6–12	K.LVKYIPR.I
C6b	457,8	913,6	EF1A1_ARATH	Elongation factor 1-alpha 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=A1 PE=1 SV=1	419–427	R.QTVAVGVIK.S
C6b	470,3	938,6	H2B10_ARATH	Histone H2B.10 OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g22880 PE=1 SV=3	121–129	R.LVLPGLAK.H
C6b	470,8	939,6	RSSA_BRANA	40S ribosomal protein SA OS=Brassica napus GN=LRP PE=2 SV=1	122–129	R.LLILTDPR.T
C6b	481,3	960,5	IACX1_WHEAT	Trypsin/alpha-amylase inhibitor CMX1/CMX3 OS=Triticum aestivum PE=2 SV=1	112–120	R.EFIAGIVGR.E
C6b	481,8	961,5	AATC_DAUCA	Aspartate aminotransferase, cytoplasmic OS=Daucus carota PE=2 SV=1	32–40	K.LNLVGVAYR.T
C6b	486,3	970,6	THIK1_ARATH	3-ketoacyl-CoA thiolase 1, peroxisomal OS=Arabidopsis thaliana GN=KAT1 PE=2 SV=2	305–313	K.GLPILGVFR.T
C6b	486,8	971,5	ATPAM_HELAN	ATP synthase subunit alpha, mitochondrial OS=Helianthus annuus GN=ATPA PE=3 SV=1	33–42	R.VVSVGDGIAR.V
C6b	489,3	976,5	XIP1_WHEAT	Xylanase inhibitor protein 1 OS=Triticum aestivum GN=XIPI PE=1 SV=2	205–213	R.ALATGIFER.V
C6b	493,7	985,5	PGMC_PEA	Phosphoglucomutase, cytoplasmic OS=Pisum sativum GN=PGM1 PE=1 SV=1	512–519	R.YLFEDGSR.L
C6b	508,3	1014,6	RAN_VICFA	GTP-binding nuclear protein Ran/TC4 OS=Vicia faba PE=2 SV=1	16–26	K.LVIVDGGTGK.T
C6b	510,3	1018,6	PDI_RICCO	Protein disulfide-isomerase OS=Ricinus communis PE=1 SV=1	164–172	K.IFIVGVFPK.F
C6b	513,3	1024,6	EF1A1_ARATH	Elongation factor 1-alpha 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=A1 PE=1 SV=1	244–254	K.IGGIGTVPVGR.V
C6b	513,8	1025,6	ATPAM_HELAN	ATP synthase subunit alpha, mitochondrial OS=Helianthus annuus GN=ATPA PE=3 SV=1	154–163	K.AVDSLVIPIGR.G
C6b	516,3	1030,6	GLRX_RICCO	Glutaredoxin OS=Ricinus communis PE=1 SV=1	66–75	R.TVPNVFIGGK.H

Označení vzorku	m/z	Mr	Kód proteinu	Název proteinu včetně pravděpodobného původu	Úsek sekvence aminokyselin	Aminokyselinová sekvence
C6b	520,8	1039,6	RS6_ASPOF	40S ribosomal protein S6 OS=Asparagus officinalis GN=rps6 PE=2 SV=1	183–191	R.LVPTLTLQR.K
C6b	522,3	1042,6	ATPAM_HELAN	ATP synthase subunit alpha, mitochondrial OS=Helianthus annuus GN=ATPA PE=3 SV=1	93–103	R.TGSIVDVPAGK.A
C6b	522,8	1043,5	GLT4_WHEAT	Glutenin, high molecular weight subunit PW212 OS=Triticum aestivum PE=3 SV=1	34–41	R.ELQELQER.E
C6b	523,8	1045,5	CHLL_LEPTE	Light-independent protochlorophyllide reductase iron-sulfur ATP-binding protein OS=Leptosira terrestris GN=chLL PE=3 SV=1	182–190	R.TDARDLIDK.Y
C6b	532,3	1062,6	TCTP_ARATH	Translationally-controlled tumor protein homolog OS=Arabidopsis thaliana GN=TCTP PE=2 SV=2	67–75	K.VVDIVDTFR.L
C6b	534,3	1066,6	UBIQ_AVESA	Ubiquitin OS=Avena sativa PE=1 SV=1	64–72	K.ESTLHLVLR.L
C6b	581,3	1160,6	G3PC2_HORVU	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 2, cytosolic (Fragment) OS=Hordeum vulgare GN=GAPC PE=2 SV=1	269–279	K.AGIALNDNFVK.L
C6b	581,3	1160,6	G3PC_TAXBA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Taxus baccata PE=2 SV=1	304–314	K.AGIALNDNFVK.L
C6b	588,8	1175,6	SPZ1A_WHEAT	Serpin-Z1A OS=Triticum aestivum GN=WZCI PE=1 SV=1	261–270	K.LSAEPDFLER.H
C6b	588,8	1175,6	SPZ1C_WHEAT	Serpin-Z1C OS=Triticum aestivum PE=1 SV=1	261–270	K.LSAEPDFLER.H
C6b	594,3	1186,6	GDB2_WHEAT	Gamma-gliadin OS=Triticum aestivum PE=3 SV=1	315–327	R.APFASIVAGIGGQ.-
C6b	400,2	1197,7	ACT_CHLRE	Actin OS=Chlamydomonas reinhardtii PE=1 SV=1	31–41	R.AVFPSIVGRPR.H
C6b	602,3	1202,7	ATPAM_HELAN	ATP synthase subunit alpha, mitochondrial OS=Helianthus annuus GN=ATPA PE=3 SV=1	7–17	R.AAELTTLESR.I
C6b	627,3	1252,6	SPZ1A_WHEAT	Serpin-Z1A OS=Triticum aestivum GN=WZCI PE=1 SV=1	127–137	K.AETQSVDFQTK.A
C6b	433,6	1297,7	EF1A1_ARATH	Elongation factor 1-alpha 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=A1 PE=1 SV=1	135–146	R.EHALLAFTLGVK.Q
C6b	438,6	1312,8	GLT4_WHEAT	Glutenin, high molecular weight subunit PW212 OS=Triticum aestivum PE=3 SV=1	100–110	R.IFWGIPALLKR.Y
C6b	658,8	1315,6	EM1_WHEAT	Em protein OS=Triticum aestivum GN=EM PE=2 SV=1	30–41	K.SLEAQENLAEGR.S
C6b	661,3	1320,7	MASY_RICCO	Malate synthase, glyoxysomal OS=Ricinus communis PE=2 SV=1	485–497	K.YGVELDGDGLGVK.V
C6b	663,8	1325,7	AMYB_HORVS	Beta-amylase OS=Hordeum vulgare subsp. spontaneum GN=BMY1 PE=1 SV=1	384–394	R.YDPTAYNTILR.N
C6b	691,8	1381,6	PDI_RICCO	Protein disulfide-isomerase OS=Ricinus communis PE=1 SV=1	190–201	R.SDYEFGHTLDAK.H
C6b	694,9	1387,7	ARK1_ARATH	Armadillo repeat-containing kinesin-like protein 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=ARK1 PE=1 SV=2	863–876	R.VASGAIANLAMNEK.S

Označení vzorku	m/z	Mr	Kód proteinu	Název proteinu včetně pravděpodobného původu	Úsek sekvence aminokyselin	Aminokyselinová sekvence
C6b	696,4	1390,7	OST48_ORYSJ	Dolichyl-diphosphooligosaccharide--protein glycosyltransferase 48 kDa subunit OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=OST48 PE=2 SV=1	203–216	K.VLSASPSAYSANPK.S
C6b	705,4	1408,8	ATPBM_HEVBR	ATP synthase subunit beta, mitochondrial OS=Hevea brasiliensis GN=ATPB PE=2 SV=1	156–169	R.VLNTGSPITVPVGR.A
C6b	711,9	1421,8	PXG3_ARATH	Probable peroxygenase 3 OS=Arabidopsis thaliana GN=PXG3 PE=1 SV=1	146–157	R.YVPVNLENIFSK.Y
C6b	712,8	1423,7	CYPH_MAIZE	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase OS=Zea mays GN=CYP PE=1 SV=1	6–19	R.VFFDMTVGGAPAGR.I
C6b	717,9	1433,8	G3PC1_HORVU	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 1, cytosolic OS=Hordeum vulgare GN=GAPC PE=2 SV=1	203–217	R.AASFNIIPSSTGAAK.A
C6b	717,9	1433,8	G3PC2_HORVU	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 2, cytosolic (Fragment) OS=Hordeum vulgare GN=GAPC PE=2 SV=1	171–185	R.AASFNIIPSSTGAAK.A
C6b	717,9	1433,8	G3PC3_MAIZE	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 3, cytosolic OS=Zea mays GN=GAPC3 PE=2 SV=1	203–217	R.AASFNIIPSSTGAAK.A
C6b	717,9	1433,8	G3PC_DIACA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Dianthus caryophyllus GN=GAPC PE=1 SV=1	203–217	R.AASFNIIPSSTGAAK.A
C6b	725,9	1449,7	STADS_BRANA	Acyl-[acyl-carrier-protein] desaturase, seed specific, chloroplastic OS=Brassica napus PE=2 SV=1	204–216	K.TIQYLIGSGMDPR.T
C6b	743,4	1484,8	BAS1B_ARATH	2-Cys peroxiredoxin BAS1-like, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g06290 PE=2 SV=3	189–202	K.SFGVLIPDQGIAR.G
C6b	744,9	1487,8	ALF_CICAR	Fructose-bisphosphate aldolase, cytoplasmic isozyme OS=Cicer arietinum GN=ALDC PE=1 SV=1	25–39	K.GILAADESTGTIGKR.L
C6b	749,9	1497,8	G3PC1_HORVU	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 1, cytosolic OS=Hordeum vulgare GN=GAPC PE=2 SV=1	237–250	R.VPTVDVSVVDLTVR.T
C6b	749,9	1497,8	G3PC2_HORVU	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 2, cytosolic (Fragment) OS=Hordeum vulgare GN=GAPC PE=2 SV=1	205–218	R.VPTVDVSVVDLTVR.L
C6b	749,9	1497,8	G3PC3_MAIZE	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 3, cytosolic OS=Zea mays GN=GAPC3 PE=2 SV=1	237–250	R.VPTVDVSVVDLTVR.L
C6b	749,9	1497,8	G3PC_DIACA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Dianthus caryophyllus GN=GAPC PE=1 SV=1	237–250	R.VPTVDVSVVDLTVR.I
C6b	549,3	1644,8	LEA11_HELAN	11 kDa late embryogenesis abundant protein OS=Helianthus annuus PE=2 SV=1	6–23	K.NAAASAKETAANVAASAK.A
C6b	567,6	1699,9	RIP1_HORVU	Protein synthesis inhibitor I OS=Hordeum vulgare GN=RIP30 PE=1 SV=2	120–135	R.DLLGDTDKLTNVALGR.Q
C6b	885,5	1768,9	AMYB_WHEAT	Beta-amylase OS=Triticum aestivum GN=BMV1 PE=2 SV=1	355–370	K.SAPEELVQQVLSAGWR.E

Označení vzorku	m/z	Mr	Kód proteinu	Název proteinu včetně pravděpodobného původu	Úsek sekvence aminokyselin	Aminokyselinová sekvence
C6b	596,7	1787,0	BIP_SOLLC	Luminal-binding protein OS=Solanum lycopersicum PE=1 SV=1	205–221	R.IINEPTAAAIAVGLDKK.G
C6b	652,0	1953,1	ACT_CHLRE	Actin OS=Chlamydomonas reinhardtii PE=1 SV=1	98–115	R.VAPEEHPVLLTEAPLNPK.A
C6b	679,0	2034,0	G3PC2_HORVU	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 2, cytosolic (Fragment) OS=Hordeum vulgare GN=GAPC PE=2 SV=1	138–156	R.FGIVEGLMTTVHAMTATQK.T
C6b	696,4	2086,0	AMYB_WHEAT	Beta-amylase OS=Triticum aestivum GN=BMV1 PE=2 SV=1	129–146	R.NIEYTLGVDDQPLFHGR.T
C7a	406,3	810,5	G3PC1_ARATH	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase GAPC1, cytosolic OS=Arabidopsis thaliana GN=GAPC1 PE=1 SV=2	224–231	K.VLPALNGK.L
C7a	421,8	841,5	BRE1A_ORYSI	E3 ubiquitin-protein ligase BRE1-like 1 OS=Oryza sativa subsp. indica GN=BRE1A PE=3 SV=2	461–468	K.ALVSSIPR.E
C7a	443,8	885,5	PP129_ARATH	Pentatricopeptide repeat-containing protein At1g77360, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g77360 PE=2 SV=2	41–47	R.IINRQSR.F
C7a	658,8	1315,6	EMP1_ORYSJ	Embryonic abundant protein 1 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=EMP1 PE=2 SV=1	32–43	K.SLEAQENLAEGR.S
C7a	549,3	1644,8	LEA11_HELAN	11 kDa late embryogenesis abundant protein OS=Helianthus annuus PE=2 SV=1	6–23	K.NAAASAKETAANVAASAK.A
C7a	577,0	1727,9	YCF1_PELHO	Putative membrane protein ycf1 OS=Pelargonium hortorum GN=ycf1-A PE=3 SV=1	1,947–1,961	K.AEWTTPIHSFLQNGK.I
C7a	828,7	2483,2	EMP1_ORYSJ	Embryonic abundant protein 1 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=EMP1 PE=2 SV=1	19–43	R.EGQTVVPGGTGGKSLEAQENLAEGR.S
C7b	721,4	720,4	RL10_EUPES	60S ribosomal protein L10 OS=Euphorbia esula GN=RPL10 PE=2 SV=1	111–116	R.LQTGMR.G
C7b	407,8	813,5	G3PC_ANTMA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Antirrhinum majus GN=GAPC PE=1 SV=1	121–128	K.VIISAPSK.D
C7b	417,2	832,5	G3PC_ANTMA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Antirrhinum majus GN=GAPC PE=1 SV=1	6–13	K.IGINGFGR.I
C7b	470,3	938,6	H2B10_ARATH	Histone H2B.10 OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g22880 PE=1 SV=3	121–129	R.LVLPGELAK.H
C7b	523,8	1045,5	CHLL_LEPTE	Light-independent protochlorophyllide reductase iron-sulfur ATP-binding protein OS=Leptosira terrestris GN=chll PE=3 SV=1	182–190	R.TDARDLIDK.Y
C7b	400,2	1197,7	ACT_CHLRE	Actin OS=Chlamydomonas reinhardtii PE=1 SV=1	31–41	R.AVFPSIVGRPR.H
C7b	705,4	1408,8	ATPBM_HEVBR	ATP synthase subunit beta, mitochondrial OS=Hevea brasiliensis GN=ATPB PE=2 SV=1	156–169	R.VLNTGSPITVPVGR.A
C7b	717,9	1433,8	G3PC_ANTMA	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Antirrhinum majus GN=GAPC PE=1 SV=1	203–217	R.AASFNIIPSSTGAAK.A

Označení vzorku	<i>m/z</i>	Mr	Kód proteinu	Název proteinu včetně pravděpodobného původu	Úsek sekvence aminokyselin	Aminokyselinová sekvence
C7b	549,3	1644,8	LEA11_HELAN	11 kDa late embryogenesis abundant protein OS=Helianthus annuus PE=2 SV=1	6–23	K.NAAASAKETAANVAASAK .A