

GI number	Protein name	Abbreviation used in Table 1 and Text	Peptide sequence	Site Ncibi	Phosphosite mouse (human)	Site known to respond to insulin / IGF-1	Confidence	Run (number of hits)	Ratio 0min:5min	Ratio 15min:5min	Ratio 45min:5min	Average 0min:5min	Average 15min:5min	Average 45min:5min	Stdev 0min:5min	Stdev 15min:5min	Stdev 45min:5min	Proquant Error 0min:5min	Proquant Error 15min:5min	Proquant Error 45min:5min	Homology number	p-value* 0-5min	p-value* 15-5min	p-value* 45-5min	p-value* 15-5min	p-value* 45-5min	p-value* 15-5min		
4025456	adaptor protein with pleckstrin homology and src	APS	AVENQpYSFY AVENQpYSFY	Y618	Y618 (Y629)	yes		69 (13)	0.0592	1.0000	0.8902	0.6274						0.1200	0.0570	0.0594									
7304861	adducin 1 (alpha)	ADD1	AIIEKpYQpVHVSTGPNFNTLDR	Y550	-	no		42 (2)	0.0698	1.0000	0.9895	0.9130						0.1212	0.0650	0.0654									
31542035	Adipocyte adhesion molecule (CAR-like membrane protein)	ASPS	TLSSAAPOQGLAOPApYSLGPEVR TLSSAAPOQGLAOPApYSLGPEVR	Y333	-	no		98 (1)	0.4304	1.0000	0.8827	1.1896	4.304	1.0000	0.8827	1.1896	-	-	0.1028	0.0778	0.0735		<0.0001	0.77	0.13	0.21	0.0015	<0.0001	
31088982	ankryrin repeat and sterile alpha motif domain containing 1	Odin	IQpSpSAPOEEEEHPpYELLTAEIK IQpSpSAPOEEEEHPpYELLTAEIK	S461/S46-	-	no		95 (3)	0.1001	1.0000	0.3913	0.4479	1.022	1.0000	0.4256	0.4280	0.0038	0.0366	0.0197	0.1181	0.0615	0.0577		<0.0001	<0.0001	<0.0001	0.93	<0.0001	0.0001
6969913	annexin A2	ANXA2	IQSSAPOEEEEHPpYELLTAEIK IQSSAPOEEEEHPpYELLTAEIK	Y472	-	no		98 (1)	1.5593	1.0000	0.9936	0.8810						-	-	0.0459	0.0504	0.0532							
29293809	ATP citrate lyase	ATPCL	TTDGVpYEGVAGGDRpVGFSTFMDHVLRL	Y672	Y672 (Y682)	no		99 (1)	0.7557	1.0000	1.0740	1.4769						-	-	0.0999	0.0889	0.0558	63594732						
40254593	breast cancer anti-estrogen resistance 1	p130Cas	HLLAPGPDpYDVPVPR HLLAPGPDpYDVPVPR	Y273	Y249 (Y23)	no		99 (2)	0.8062	1.0000	0.7557	0.6288	0.7210	1.0000	0.9694	0.7549	-	-	-	0.0584	0.0579	0.0625							
23962692	C1 domain-containing phosphatase and tensin-like protein	tensin 2	GLPDSGpYVAQVQR GLPDSGpYVAQVQR	Y460	Y460 (Y359)	no		99 (3)	0.5958	1.0000	0.8821	0.7812						-	-	0.0418	0.0376	0.0391							
6753244	caldesmon 1	Calm1	VFDKDGNGpYISAELRL VFDKDGNGpYISAELRL	Y100	Y99 (Y99)	no		99 (1)	0.4972	1.0000	0.9755	0.7892						-	-	0.1031	0.0918	0.0973	6680834, 6680832						
18702317	caveolin 2	CAV2	ADVQLFMADApYSHHSGVDYADPEK ADVQLFMADApYSHHSGVDYADPEK	Y119	Y19 (Y19)	yes		99 (1)	1.1081	1.0000	0.7851	0.7851	4.726	1.0000	0.9252	0.8523	-	-	0.0947	0.0852	0.0837	6680834, 6680832							
6680854	caveolin, caveolae protein 1	CAV1	QpYDAHTK QpYDAHTK	Y42	-	no		0 (23)	0.4285	1.0000	1.2403	0.8573						-	-	0.0679	0.0521	0.0569							
33942081	Cdc42 binding protein kinase beta	Cdc42bpb	pYVDSEGHLPpYTPVPR (mixture of sites, 1p) pYVDSEGHLPpYTPVPR (mixture of sites, 1p)	Y6/Y14	Y14 (Y14)	yes		99 (3)	0.1560	1.0000	0.8096	0.6277	0.4654	1.0000	1.1468	0.9611	-	-	0.0563	0.0304	0.0334								
67532620	DEAD(H) (Asp-Glu-Ala-Asp) box polypeptide 3, X-linked	DDX3	DKDpYSSFGSR DKDpYSSFGSR	Y69	Y68 (Y68)	no		87 (3)	0.0845	1.0000	0.9155	0.8833	0.0877	1.0000	0.9356	0.7976	0.0077	0.0641	0.0913	0.1078	0.0415	0.0409		<0.0001	0.16	0.018	0.099	0.0002	<0.0001
6681137	diazepam binding inhibitor	Dbi	GRGDpYDGIQGR GRGDpYDGIQGR	Y104	Y103 (Y103)	no		99 (13)	0.1652	1.0000	0.9889	0.7928						-	-	0.1265	0.0827	0.0886		0.0001	0.0004	0.012	0.28	0.0004	<0.0001
56119158	DHHC-containing protein 20	Zhzhc20	GVDPYDGIQGR GVDPYDGIQGR	Y104	Y103 (Y103)	no		86 (1)	0.1689	1.0000	1.1499	1.1390						-	-	0.0902	0.0485	0.0499		<0.0001	0.23	0.065	0.27	0.0002	<0.0001
6681137	diazepam binding inhibitor	Dbi	TOPTDEMLFpYSHFK TOPTDEMLFpYSHFK	Y29	-	no		95 (3)	0.3472	1.0000	1.0648	1.0091	2.865	1.0000	0.9369	0.8665	-	-	0.1089	0.0771	0.0764								
13937363	discoidin domain receptor family, member 2	DDR2	SSSPSEQESNSTpYDR SSSPSEQESNSTpYDR	Y436	Y471 (Y471)	no		98 (1)	0.5545	1.0000	1.1279	0.6874						-	-	0.1500	0.1211	0.1439		0.008	0.37	0.058	0.22	0.0077	0.016
31981796	docking protein 1	Dok1	LTDSEKDPpYDEPEGLAPAPPR LTDSEKDPpYDEPEGLAPAPPR	Y361	Y361 (Y362)	yes		99 (1)	0.8413	1.0000	1.0540	1.1393						-	-	0.0584	0.0550	0.0556		0.0019	0.78	0.16	0.44	0.075	0.038
24418935	dual-specificity tyrosine-(Y)-phosphorylation regulated kinase 1a	DYRK1A	IVQpYIQSR IVQpYIQSR	Y321	Y321 (Y321)	no		68 (14)	0.9170	1.0000	0.9534	0.8150						-	-	0.0564	0.0553	0.0571	6753698						
55742711	EH-domain containing 2	EHD2	EVCGDWSLNPpEYTYLRL EVCGDWSLNPpEYTYLRL	Y48	Y48 (Y48)	no		95 (2)	0.5851	1.0000	0.6680	0.9052						-	-	0.0950	0.0892	0.0930	46877046, 46877052, 46877050						
12963491	enolase 1, alpha non-neuron	ENO1	AAVPSGASTGpYEAELRL AAVPSGASTGpYEAELRL	Y44	Y43 (Y43)	no		99 (2)	0.7976	1.0000	0.9671	0.9654	0.9468	1.0000	0.7035	1.0128	-	-	0.1040	0.0954	0.1010	7305027, 51770896, 6679651							
6753276	ephrin B1	EFNB1	TENNpYCPpYK TENNpYCPpYK	Y316	-	no		95 (3)	0.6492	1.0000	1.3034	1.1323						-	-	0.0554	0.0484	0.0509							
54607114	ErbB2 interacting protein isoform 1	Erbin	RTEGpYLSYR RTEGpYLSYR	Y1097	Y1122 (Y110)	no		69 (1)	0.9322	1.0000	0.6770	0.8851						-	-	0.1069	0.1051	0.1087	54607112						
6681273	eukaryotic translation elongation factor 1 alpha 2	eEF1A-2	EHALLApYTLGVK EHALLApYTLGVK	Y141	Y141 (Y141)	no		95 (2)	1.0191	1.0000	1.1800	1.0602						-	-	0.0682	0.0660	0.0675	63489819, 63522384, 51873060						
14149635	fatty acid binding protein 4, adipocyte	AFAPB4	LVSSENFDpYMKVEGVGFATR LVSSENFDpYMKVEGVGFATR	Y20	-	no		99 (3)	0.8746	1.0000	0.9671	0.9654						-	-	0.0691	0.0674	0.0647	63489819, 63522384, 51873060						
30911099	fatty acid synthase	FAS	LVSSENFDpYMKVEGVGFATR LVSSENFDpYMKVEGVGFATR	Y1248	-	no		99 (2)	0.1598	1.0000	1.0124	1.1119	1.1399	1.0000	0.9729	1.0393	0.0180	0.0416	0.2146	0.0909	0.0458	0.0445		<0.0001	0.32	0.77	0.63	0.0019	<0.0001
34447227	G protein-coupled receptor kinase-interactor 2	Gi2	QNSTPESDpYDNTACDPEPDDTGSTR QNSTPESDpYDNTACDPEPDDTGSTR	Y512	-	no		95 (1)	0.6805	1.0000	1.1168	0.9647						-	-	0.1213	0.1018	0.1135							
6680027	glutamate dehydrogenase 1	Glud1	DNVHSLApYTMER DNVHSLApYTMER	Y512	-	no		99 (3)	0.6859	1.0000	0.9743	1.0427						-	-	0.1481	0.1331	0.1386		0.0016	0.73	0.4	0.75	0.0049	0.0083
9790077	glycogen synthase kinase 3 beta	GSN3b	GEPNVSpYICSR GEPNVSpYICSR	Y216	Y216 (Y216)	yes		98 (13)	0.8398	1.0000	0.9803	0.8702						-	-	0.0297	0.0289	0.0297							
31542871	growth factor receptor bound protein 2-associated protein 1	Gab1	QVpYLDLDDSGK QVpYLDLDDSGK	Y628	Y628 (Y627)	yes		99 (1)	0.1117	1.0000	0.4399	0.3137						-	-	0.1003	0.0546	0.0623							
7305133	hemopoietic cell phosphatase	SHP-1	SSGSGSMDpYVVDQK SSGSGSMDpYVVDQK	Y660	Y660 (Y659)	no		99 (1)	0.1417	1.0000	0.5942	0.3304	0.1267	1.0000	0.5170	0.3221	-	-	0.1007	0.0520	0.0632		<0.0001	0.0006	<0.0001	0.029	0.0018	0.0022	
19527028	high density lipoprotein binding protein	Hdlbp	MDpYVINDHK MDpYVINDHK	Y437	Y437 (Y437)	no		95 (2)	0.8299	1.0000	1.3681	1.9206						-	-	0.0654	0.0587	0.0556							

6754200 homeodomain interacting protein kinase 3	HIPK3	MDpYVEINIDHK TVCSTpYLOSR TVCSTpYLOSR TVCSTpYLOSR	Y359	-	no	99 3(2) 0.6613 1.0000 1.1467 1.8930 0.6895 1.0000 1.2653 1.8214 0.1287 0.1116 0.1486 0.0600 0.0523 0.0457 - 99 1(2) 0.8584 1.0000 0.9384 0.6490 0.0496 0.0408 0.0461 - 99 2(2) 0.8429 1.0000 0.8448 0.5715 0.0577 0.0559 0.0502 - 95 3(3) 0.8573 1.0000 0.9037 0.6117 0.8862 1.0000 0.9190 0.6107 0.0629 0.0225 0.0388 0.0547 0.0530 0.0555 - 96 1(2) 0.8687 1.0000 0.9937 0.7648 0.0611 0.0571 0.0624 - 95 2(2) 0.8053 1.0000 0.9273 0.7598 0.0500 0.0475 0.0508 -	0.014	0.015	0.0007	0.0066	0.0006	0.0042
6754196 homeodomain-interacting protein kinase 1	HIPK1	AVCSTpYLOSR AVCSTpYLOSR AVCSTpYLOSR	Y352	Y352 (Y352)	no	99 3(1) 0.8481 1.0000 0.9166 0.8691 0.8407 1.0000 0.9459 0.7979 0.0323 0.0417 0.0617 0.0314 0.0306 0.0300 - 99 3(2) 0.8650 1.0000 0.9529 1.2403 0.8650 1.0000 0.9028 1.2403 0.0000 0.0000 0.0000 0.0845 0.0823 0.0799 - 88 1(1) 0.5972 1.0000 0.9852 0.9898 0.5972 1.0000 0.9852 0.9898 0.0000 0.0000 0.0000 0.0552 0.0869 0.0896 - 99 2(3) 0.9522 1.0000 0.9920 0.9072 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0741 0.0762 0.0748 - 99 3(1) 0.8421 1.0000 0.7046 0.8325 0.9074 1.0000 0.8483 0.8698 0.0000 0.0000 0.0000 0.0844 0.0839 0.0825 - 99 2(2) 1.2537 1.0000 1.0405 0.8876 0.0550 0.0564 0.0597 - 99 3(1) 1.2053 1.0000 0.9869 0.9620 1.2295 1.0000 1.0136 0.9248 0.0000 0.0000 0.0000 0.0596 0.0524 0.0511 - 99 1(1) 0.6053 1.0000 1.0672 1.0864 0.0595 0.0538 0.0543 - 95 2(1) 0.6306 1.0000 1.2245 1.2265 0.6180 1.0000 1.1459 1.1564 0.0000 0.0000 0.0000 0.0675 0.0568 0.0571 - 99 2(1) 0.5025 1.0000 0.7513 0.5013 0.1017 0.0893 0.1017 - 99 3(1) 0.4822 1.0000 0.8224 0.7264 0.4923 1.0000 0.8368 0.6139 0.0000 0.0000 0.0000 0.0912 0.0773 0.0788 - 88 1(1) 0.8552 1.0000 1.0888 0.9703 0.1094 0.1042 0.1088 - 98 2(3) 0.7229 1.0000 0.8925 0.7604 0.0826 0.0771 0.0813 - 99 3(2) 0.8590 1.0000 0.8528 0.9149 0.8157 1.0000 0.9580 0.8818 0.0804 0.1132 0.1088 0.0491 0.0480 0.0462 - 99 1(2) 0.4929 1.0000 0.9650 0.7438 0.1032 0.0865 0.0939 - 99 2(2) 0.4600 1.0000 1.0002 0.7531 0.1019 0.0830 0.0894 - 99 3(1) 0.4455 1.0000 0.9273 0.7648 0.4661 1.0000 0.9642 0.7539 0.0243 0.0364 0.0105 0.0859 0.0731 0.0743 - 99 2(2) 0.0748 1.0000 1.3755 1.3762 0.0728 0.0228 0.0241 - 99 3(1) 0.0910 1.0000 1.4385 1.4524 0.0829 1.0000 1.4070 1.2653 0.0000 0.0000 0.0000 0.0719 0.0250 0.0242 - 99 2(1) 0.1347 1.0000 0.9263 0.7302 0.1960 0.1273 0.1311 - 99 3(2) 0.2038 1.0000 0.8897 0.7514 0.1693 1.0000 0.9125 0.7408 0.0000 0.0000 0.0000 0.1349 0.0989 0.0992 - 99 1(2) 0.1652 1.0000 0.6851 0.7208 0.1179 0.0762 0.0748 - 87 2(3) 0.1897 1.0000 0.9020 0.7242 0.1128 0.0716 0.0754 - 99 3(4) 0.1738 1.0000 0.7501 0.7914 0.1762 1.0000 0.7724 0.7455 0.0124 0.1200 0.0398 0.1023 0.0673 0.0653 - 99 1(1) 0.1238 1.0000 0.7828 0.7439 0.1113 0.0655 0.0685 - 99 2(3) 0.1109 1.0000 0.7227 0.4283 0.1187 0.0613 0.0716 - 99 3(2) 0.0872 1.0000 0.8705 0.4620 0.1073 1.0000 0.7677 0.4577 0.0186 0.0892 0.0275 0.1049 0.0523 0.0566 - 99 1(2) 0.0284 1.0000 0.9408 0.7288 0.1410 0.0280 0.0282 - 99 3(4) 0.0348 1.0000 1.0542 0.7419 0.1549 0.0317 0.0347 - 99 3(4) 0.0402 1.0000 1.0570 0.8422 0.0350 0.0297 0.0299 - 95 1(1) 0.1222 1.0000 1.3630 0.8146 0.1349 0.0554 0.0648 - 99 2(2) 0.1098 1.0000 0.9423 0.7828 0.1000 0.0000 0.0000 0.1749 0.0909 0.0909 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 - 99 1(9) 0.0798 1.0000 1.0165 0.8096 0.0903 0.0371 0.0396 0.03859572 99 2(8) 0.0702 1.0000 1.0979 0.7125 0.0857 0.0333 0.0364 0.03859572 99 3(7) 0.0782 1.0000 1.0270 0.9460 0.0761 0.0761 1.0471 0.8227 0.0052 0.0443 0.1173 0.0919 0.0359 0.0357 0.03859572 99 1(6) 0.0191 1.0000 0.9423 0.7828 0.0236 0.0142 0.0142 0.0348 0.03859572 99 2(6) 0.0245 1.0000 0.9655 0.7943 0.2014 0.0312 0.0331 0.03859572 99 3(6) 0.0320 1.0000 1.0564 0.8953 0.0252 0.0252 0.9881 0.8085 0.0065 0.0603 0.0807 0.1921 0.0361 0.0362 0.03859572 99 1(3) 0.0737 1.0000 0.8946 0.8069 0.0716 0.0561 0.0592 - 99 2(3) 0.0586 1.0000 1.0788 0.8585 0.1418 0.0400 0.0426 - 99 3(3) 0.0538 1.0000 1.1051 0.9660 0.0620 1.0000 1.0261 0.8534 0.0104 0.1147 0.1151 0.1074 0.0293 0.0290 - 99 3(3) 0.0667 1.0000 1.0655 0.9377 0.0667 1.0000 1.0655 0.9377 0.0000 0.0000 0.0000 0.1178 0.0354 0.0349 - 99 1(3) 0.9888 1.0000 1.0259 1.0628 0.0548 0.0545 0.0545 - 99 2(2) 0.9884 1.0000 1.1917 1.1147 0.0313 0.0299 0.0304 - 99 3(2) 0.9839 1.0000 1.0277 1.1564 0.9837 1.0000 1.0818 1.1180 0.0152 0.0952 0.0369 0.0322 0.0320 0.0298 - 99 3(1) 0.6174 1.0000 0.8863 0.6483 0.7890 0.8306 0.7742 0.7603 0.0000 0.0000 0.0000 0.1124 0.0360 0.0375 0.03514363, 51770420 99 2(2) 0.4327 1.0000 0.9579 0.8069 0.0916 0.0691 0.0691 - 99 2(1) 0.1220 1.0000 1.9768 2.0216 0.1220 1.0000 1.9768 2.0216 0.0000 0.0000 0.0000 0.1569 0.0619 0.0624 - 99 1(2) 0.8202 1.0000 1.0392 1.0825 0.0963 0.0915 0.0941 - 99 1(1) 0.8706 1.0000 0.9451 0.8086 0.0816 0.0870 0.0870 - 99 3(2) 0.7965 1.0000 0.9740 1.1679 0.8624 1.0000 1.0410 1.0652 0.0623 0.0680 0.1124 0.0808 0.0755 0.0728 - 70 1(3) 0.0561 1.0000 0.6746 0.4054 0.0952 0.0348 0.0409 - 98 2(3) 0.0525 1.0000 0.6883 0.4607 0.0903 0.0292 0.0330 - 99 3(3) 0.0984 1.0000 0.6726 0.4737 0.0663 1.0000 0.6568 0.4233 0.0209 0.0255 0.0325 0.1125 0.0230 0.0251 - 99 1(3) 0.0977 1.0000 0.6962 0.4531 0.0711 0.0359 0.0407 - 99 3(3) 0.1291 1.0000 0.9227 0.5775 0.0519 0.0345 0.0368 - 99 2(3) 0.1589 1.0000 0.8806 0.5046 0.0852 0.0338 0.0368 - 99 3(3) 0.5687 1.0000 1.1555 0.9045 0.0793 0.0696 0.0732 - 99 2(2) 0.6181 1.0000 1.2973 0.9515 0.0573 0.0529 0.0546 - 99 2(2) 0.5045 1.0000 1.0907 0.9193 0.5638 1.0000 1.1811 0.9251 0.0569 0.1057 0.0240 0.0546 0.0495 0.0496 - 99 1(4) 0.0518 1.0000 0.6730 0.3601 0.1012 0.0365 0.0439 - 70 2(4) 0.0549 1.0000 0.5245 0.4068 0.1092 0.0427 0.0463 - 98 3(3) 0.0462 1.0000 0.5609 0.3566 0.0509 1.0000 0.5861 0.3745 0.0044 0.0774 0.0281 0.1125 0.0382 0.0414 - 99 1(3) 0.1650 1.0000 0.7373 0.5095 0.6801 1.0000 0.8975 0.9153 0.0000 0.0000 0.0000 0.1255 0.0942 0.1005 - 99 3(3) 0.1310 1.0000 0.8569 0.5528 0.1089 0.0846 0.0880 - 99 2(4) 0.1109 1.0000 0.8005 0.5741 0.1356 1.0000 0.8237 0.5488 0.0273 0.0648 0.0344 0.1089 0.0740 0.0754 - 99 2(1) 0.6285 1.0000 1.6226 1.2362 0.1142 0.0559 0.0578 - 99 3(2) 0.5880 1.0000 1.2591 1.1897 0.6133 1.0000 1.4408 1.2130 0.0000 0.0000 0.0000 0.1187 0.0968 0.1045 - 21 1(1) 0.1023 1.0000 1.0970 0.9007 0.1023 1.0000 0.9070 0.9007 0.0000 0.0000 0.0000 0.0878 0.0822 0.0808 - 99 1(1) 0.4507 1.0000 0.8562 0.7397 0.0671 0.0555 0.0583 - 95 3(2) 0.4833 1.0000 1.0386 0.8459 0.4670 1.0000 0.9464 0.7928 0.0000 0.0000 0.0000 0.0488 0.0382 0.0386 - 43 1(2) 0.7268 1.0000 1.0358 0.9512 0.0779 0.0703 0.0734 - 87 2(1) 0.6013 1.0000 0.9952 0.7092 0.6639 1.0000 1.0155 1.0152 0.0000 0.0000 0.0000 0.1186 0.1045 0.1030 - 99 2(1) 0.3273 1.0000 1.7409 2.8147 0.0866 0.0580 0.0558 29788787 99 3(2) 0.1967 1.0000 1.9801 3.7628 0.1325 0.0698 0.0651 29788787 99 1(2) 0.5214 1.0000 0.9066 0.7259 0.1459 0.1213 0.1358 - 99 2(2) 0.4447 1.0000 0.8418 0.7360 0.1204 0.1027 0.1102 - 95 3(2) 0.5032 1.0000 0.8028 0.9013 0.4898 1.0000 0.8504 0.7877 0.0401 0.0524 0.0985 0.1094 0.0956 0.0964 - 99 1(4) 0.1598 1.0000 0.8124 0.7813 0.0250 0.0250 0.0250 0.0250 0.0250 0.0250 0.0250 0.0250 0.0250 0.0250 0.0250 - 99 2(3) 1.1221 1.0000 1.0852 0.9406 0.0327 0.0325 0.0338 0.03281693 99 3(3) 1.0665 1.0000 0.9535 0.9162 1.1161 1.0000 1.0170 0.8794 0.0470 0.0660 0.0858 0.0204 0.0211 0.0202 0.02181693 99 1(1) 0.5803 1.0000 0.9273 0.7598 0.0500 0.0475 0.0508 - 0 3(1) 0.7103 1.0000 1.0592 1.1989 0.7103 1.0000 0.6592 1.1989 0.0000 0.0000 0.0000 0.0718 0.0647 0.0592 - 99 2(1) 0.3532 1.0000 1.2356 1.0951 0.1102 0.0957 0.0971 - 99 3(1) 0.3300 1.0000 0.9744 1.1565 0.3431 1.0000 1.1050 1.1258 0.0000 0.0000 0.0000 0.1089 0.0991 0.0981 - 99 1(3) 0.2907 1.0000 1.3723 1.2762 0.0418 0.0418 0.0418 0.0418 0.0418 0.0418 0.0418 0.0418 0.0418 0.0418 0.0418 - 99 2(2) 0.2321 1.0000 1.3312 1.2044 0.0425 0.0321 0.0328 - 99 3(1) 0.2583 1.0000 1.3941 1.5587 0.2433 1.0000 1.3659 1.3475 0.0135 0.0319 0.1867 0.0383 0.0310 0.0305 - 23 1(1) 0.6363 1.0000 1.0298 0.7362 0.0570 0.0527 0.0548 - 3 2(1) 0.7568 1.0000 1.1407 0.9382 0.0498 0.0457 0.0475 - 21 3(1) 0.7848 1.0000 1.0995 0.7531 0.7351 1.0000 1.0900 0.9753 0.0633 0.0561 0.0873 0.0521 0.0488 0.0476 - 99 1(1) 0.9968 1.0000 1.1214 1.0489 0.0714 0.0700 0.0709 - 99 2(1) 1.1032 1.0000 1.0780 0.7374 0.0676 0.0676 0.0676 0.0676 0.0676 0.0676 0.0676 0.0676 0.0676 0.0676 0.0676 - 99 1(3) 0.6160 1.0000 1.0669 0.9877 0.0828 0.0739 0.0785 - 99 2(2) 0.5640 1.0000 1.2045 1.0491 0.0556 0.0474 0.0504 - 99 3(4) 0.5973 1.0000 1.0246 1.1830 0.5924 1.0000 0.9887 0.0732 0.0263 0.0941 0.0999 0.0403 0.0354 0.0349 - 99 3(2) 0.7383 1.0000 0.8625 0.8619 0.7383 1.0000 0.9625 0.8619 0.0000 0.0000 0.0000 0.0720 0.0686 0.06799937, 41054968, 47607490, 50233866, 51704841, 51706253, 51710824, 51711087 99 1(2) 0.2537 1.0000 0.8496 0.8323 0.1147 0.0801 0.0851 - 99 2(1) 0.3286 1.0000 1.1879 0.8701 0.1074 0.0779 0.0836 - 99 3(6) 0.2708 1.0000 0.9470 1.0512 0.2944 1.0000 0.9948 0.9179 0.0392 0.1741 0.1170 0.0952 0.0865 0.0865 - 20 3(1) 0.3730 1.0000 1.0523 1.1980 0.3730 1.0000 1.0523 1.1980 0.0000 0.0000 0.0000 0.1164 0.0835 0.0790 - 44 1(1) 0.2967 1.0000 0.8580 0.7587 0.0855 0.0628 0.0665 -						
22122607 hypothetical protein LOC226250	LOC226250	IESPEpYEEAEFFDR TDPSELLTpYVYDAER VDAQQLSLVGGVDLPDPSPDHLPpYSFR VDAQQLSLVGGVDLPDPSPDHLPpYSFR	Y88	-	no	99 3(1) 0.8481 1.0000 0.9166 0.8691 0.8407 1.0000 0.9459 0.7979 0.0323 0.0417 0.0617 0.0314 0.0306 0.0300 - 99 3(2) 0.8650 1.0000 0.9529 1.2403 0.8650 1.0000 0.9028 1.2403 0.0000 0.0000 0.0000 0.0845 0.0823 0.0799 - 88 1(1) 0.5972 1.0000 0.9852 0.9898 0.5972 1.0000 0.9852 0.9898 0.0000 0.0000 0.0000 0.0552 0.0869 0.0896 - 99 2(3) 0.9522 1.0000 0.9920 0.9072 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0741 0.0762 0.0748 - 99 3(1) 0.8421 1.0000 0.7046 0.8325 0.9074 1.0000 0.8483 0.8698 0.0000 0.0000 0.0000 0.0844 0.0839 0.0825 - 99 2(2) 1.2537 1.0000 1.0405 0.8876 0.0550 0.0564 0.0597 - 99 3(1) 1.2053 1.0000 0.9869 0.9620 1.2295 1.0000 1.0136 0.9248 0.0000 0.0000 0.0000 0.0596 0.0524 0.0511 - 99 1(1) 0.6053 1.0000 1.0672 1.0864 0.0595 0.0538 0.0543 - 95 2(1) 0.6306 1.0000 1.2245 1.2265 0.6180 1.0000 1.1459 1.1564 0.0000 0.0000 0.0000 0.0675 0.0568 0.0571 - 99 2(1) 0.5025 1.0000 0.7513 0.5013 0.1017 0.0893 0.1017 - 99 3(1) 0.4822 1.0000 0.8224 0.7264 0.4923 1.0000 0.8368 0.6139 0.0000 0.0000 0.0000 0.0912 0.0773 0.0788 - 88 1(1) 0.8552 1.0000 1.0888 0.9703 0.1094 0.1042 0.1088 - 98 2(3) 0.7229 1.0000 0.8925 0.7604 0.0826 0.0771 0.0813 - 99 3(2) 0.8590 1.0000 0.8528 0.9149 0.8157 1.0000 0.9580 0.8818 0.0804 0.1132 0.1088 0.0491 0.0480 0.0462 - 99 1(2) 0.4929 1.0000 0.9650 0.7438 0.1032 0.0865 0.0939 - 99 2(2) 0.4600 1.0000 1.0002 0.7531 0.1019 0.0830 0.0894 - 99 3(1) 0.4455 1.0000 0.9273 0.7648 0.4661 1.0000 0.9642 0.7539 0.0243 0.0364 0.0105 0.0859 0.0731 0.0743 - 99 2(2) 0.0748 1.0000 1.3755 1.3762 0.0728 0.0228 0.0241 - 99 3(1) 0.0910 1.0000 1.4385 1.4524 0.0829 1.0000 1.4070 1.2653 0.0000 0.0000 0.0000 0.0719 0.0250 0.0242 - 99 2(1) 0.1347 1.0000 0.9263 0.7302 0.1960 0.1273 0.1311 - 99 3(2) 0.2038 1.0000 0.8897 0.7514 0.1693 1.0000 0.9125 0.7408 0.0000 0.0000 0.0000 0.1349 0.0989 0.0992 - 99 1(2) 0.1652 1.0000 0.6851 0.7208 0.1179 0.0762 0.0748 - 87 2(3) 0.1897 1.0000 0.9020 0.7242 0.1128 0.0716 0.0754 - 99 3(4) 0.1738 1.0000 0.7501 0.7914 0.1762 1.0000 0.7724 0.7455 0.0124 0.1200 0.0398 0.1023 0.0673 0.0653 - 99 1(1) 0.1238 1.0000 0.7828 0.7439 0.1113 0.0655 0.0685 - 99 2(3) 0.1109 1.0000 0.7227 0.4283 0.1187 0.0613 0.0716 - 99 3(2) 0.0872 1.0000 0.8705 0.4620 0.1073 1.0000 0.7677 0.4577 0.0186 0.0892 0.0275 0.1049 0.0523 0.0566 - 99 1(2) 0.0284 1.0000 0.9408 0.7288 0.1410 0.0280 0.0282 - 99 3(4) 0.0348 1.0000 1.0542 0.7419 0.1549 0.0317 0.0347 - 99 3(4) 0.0402 1.0000 1.0570 0.8422 0.0350 0.0297 0.0299 - 95 1(1) 0.1222 1.0000 1.3630 0.8146 0.1349 0.0554 0.0648 - 99 2(2) 0.1098 1.0000 0.9423 0.7828 0.1000 0.0000 0.0000 0.1749 0.0909 0.0909 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 - 99 1(9) 0.0798 1.0000 1.0165 0.8096 0.0903 0.0371 0.0396 0.03859572 99 2(8) 0.0702 1.0000 1.0979 0.7125 0.0857 0.0333 0.0364 0.03859572 99 3(7) 0.0782 1.0000 1.0270 0.9460 0.0761 0.0761 1.0471 0.8227 0.0052 0.0443 0.1173 0.09						

* unpaired
t-test

. 51746812, 51764212, 51765535, 51768209, 51769013, 51770336, 51772149, 51776405, 63504611, 63561841, 63667681, 63680476, 63694595, 63723883, 63748706, 64427146, 51712674, 6357261