

Protein	Uniprot ID	"Best Localization Scan Number"	"Localization Probability"	Anzahl der P-Stellen	Position	phosphorylierte Aminosäure	PEP	"Score of best localized peptide"	modifizierte Sequenz	Phospho (STYR) Wahrscheinlichkeiten	Ladung	m/z (rekalibriert, MaxQuant)	m/z aus den Rohdaten	Massenabweichung [ppm]	Intensität	HCD Fragmentierung
YioV	O34751	8785	0,999998	1	255	R	0,00712643	123,25	_pREFDEGTFR_	R(1)EFDEGTFR	2	618,7559	618,7562	0,4514	89011	
YsiB	P94549	8957	0,999986	1	230	R	0,0250298	99,82	_pRFGEAFESDAK_	R(1)FGEAFESDAK	2	733,3034	733,3032	-0,3245	84138	
GItA	P39812	5708	1	1	904	R	0,0696833	76,04	_pRFVPDENGDDR_	R(1)FVPDENGDDR	2	700,2855	700,2854	-0,2319	94207	
RpsM	P20282	3256	1	1	93	R	0,024512	110,63	_pRGLPVR_	R(1)GLPVR	2	389,2102	389,2102	-0,0431	2752100	HCD
AlaR	O05236	8781	1	1	79	R	0,00586741	137,71	_pRGVGFDEVAER_	R(1)GVGFDEVAER	2	657,7955	657,7955	-0,1267	407520	
LeuB	P05645	11638	1	1	4	R	3,76E-06	141,65	_pRIALLPGDGGIGPEVLESATDVLR_	R(1)IALLPGDGGIGPEVLESATDVLR	3	815,0997	815,0992	-0,5693	2876600	
PlkA	O34529	6889	0,985822	1	233	R	0,00380185	154,45	_pRIEETNLETR_	R(0,986)IEEET(0,014)NLETR	2	735,3352	735,3351	-0,2429	159250	
YtlI	O34571	7994	0,999994	1	205	R	0,00741249	107,76	_pRIEQTIGEK_	R(1)IEQTIGEK	2	633,8263	633,8263	-0,0017	742200	
MtnK	O31663	6525	0,999999	1	365	R	0,0010779	113,49	_pRIALETGTAFIEKR_	R(1)IALETGTAFIEKR	3	562,2976	562,2976	-0,0612	69862	
YdcI	O31489	7223	0,999764	1	473	R	0,052619	93,08	_pRLNESLR_	R(1)LNESLR	2	484,2397	484,2398	0,3452	7785600	
Nin	P12669	15237	0,984992	1	96	R	0,0969562	70,088	_pRLSFDLPK_	R(0,985)LS(0,015)FDLPK	2	528,2679	528,2679	-0,0357	135010	
RpoC	P37871	7982	1	1	803	R	0,000410284	148,63	_pRLVDAQDVIR_	R(1)LVDAQDVIR	2	738,9003	738,9007	0,4638	31337	
YdjO	O34759	7333	1	1	7	R	0,009139	101,48	_pRNQEPK_	R(1)NQEPLK	2	531,2606	531,2605	-0,2839	3823400	HCD
RplW	P42924	4285	0,999948	1	10	R	0,0756529	65,74	_pRPVITER_	R(1)PVITER	2	475,7446	475,7444	-0,4873	78621	HCD
ComK	P40396	11600	1	1	165	R	0,0198266	95,14	_pRQEFMLYPK_	R(1)QEFMLYPK	2	646,2989	646,2991	0,3273	107960	
LeuC	P80858	5876	0,999982	1	81	R	0,022725	99,27	_pRQVTALEIR_	R(1)QVTALEIR	2	526,7661	526,7659	-0,2135	99787	
RpoC	P37871	4478	0,991073	1	335	R	0,12619	69,68	_pRVDVSGR_	R(0,991)VDY(0,008)S(0,001)GR	2	466,7029	466,7026	-0,6647	804000	
CtsR	P37568	11672	1	1	15	R	0,0527805	79,35	_pRVLQNGK_	R(1)VLQNGK	2	505,2450	505,2448	-0,2303	40024	
RpoB	P37870	2017	0,929658	1	694	R	0,012024	90,08	_pRYEEVDGQK_	R(0,93)Y(0,07)EEVDGQK	2	602,2557	602,2558	0,1535	4843,9	HCD
YscC	P94400	6307	0,924083	1	58	R	0,0200345	95,61	_QEGSLpRTDEK_	QEGSL(0,015)R(0,924)T(0,061)DEK	2	650,2825	650,2823	-0,2444	330610	
OxdC	O34714	7681	1	1	12	R	0,000890954	157,57	_QNDIPQIPRGDK_	QNDIPQIPR(1)GDK	2	730,8483	730,8483	-0,0770	164390	
RpoB	P37870	11466	1	1	1106	R	0,036982	80,52	_SDDVGR(1)VK_	SDDVGR(1)VK	2	527,7501	527,7502	0,3190	451960	
ComFA	P39145	3279	0,999888	1	446	R	0,264608	40,77	_SMLDAPRK_	SMLDAR(1)K	2	450,7041	450,7046	1,1420	306090	HCD
GatC	O06492	8264	0,901648	1	3	R	0,000562166	177,18	_SpRSIEEVK_	S(0,098)R(0,902)SIEEVK	2	570,7867	570,7867	0,0636	1057100	
ThyB	P11044	12172	0,894269	1	102	R	0,00302637	126,67	_SWpRGADGETIDQISR_	S(0,106)WR(0,894)GADGETIDQISR	2	885,8940	885,8932	-0,8227	37580	
ComFA	P39145	10181	1	1	186	R	0,0395926	88,23	_TDVLELAPpRLK_	TDVLELAPR(1)LK	2	717,3918	717,3924	0,8553	100230	
Mdh	P49814	10702	0,961545	1	156	R	0,0605664	84,94	_VIGQSGVLDpRFR_	VIGQSGVLD(0,022)AR(0,962)FR(0,016)	3	533,6065	533,6062	-0,5554	220590	
KatA	P26901	12247	0,987054	1	366	R	0,00591428	107,29	_VNNYQpRDGQMR_	VNNY(0,013)QR(0,987)DGQMR	2	730,8087	730,8088	0,1924	34054	
RpoB	P37870	7533	1	1	539	R	0,000297729	115,71	_VnpRFGFIETPYR_	VNR(1)FGFIETPYR	2	789,8769	789,8767	-0,2561	29589	
MerB	P23966	4787	0,998958	1	78	R	0,00510147	98,36	_VpRHGGVGDQIPR_	VR(0,999)GHGGY(0,001)VGDDQIPR	3	569,2651	569,2654	0,5212	777670	HCD
RpsI	P21470	7167	1	1	20	R	0,109255	66,89	_VpRLVPEGR_	VR(1)LVPEGR	2	531,7764	531,7768	0,7452	35360	
MtnK	O31663	7867	0,993205	1	80	R	0,0097147	85,19	_VVGESWPLTIDpRAR_	VVGESWPLT(0,003)DR(0,993)AR(0,004)	2	839,9193	839,9198	0,6005	6956,4	
YyyG	P39808	11239	0,996369	1	60	R	0,0143257	111,87	_YQAITQTEDDpRIK_	YQAITQT(0,004)EDDR(0,996)K	2	887,4246	887,4253	0,8191	20580	
YurP	O32157	4147	0,999847	1	48	R	0,000676392	136,21	_YVFDpRESK_	YVFR(1)ESK	2	562,2446	562,2445	-0,1855	45041	

diese farbige Füllung markiert ein zweifach phosphoryliertes Peptid

diese farbige Füllung markiert ein Peptid mit einer uneindeutigen Zuordnung

p= Phosphorylierung
(ox)= Methioninoxidation