

9 Anhang

9.1 MS/MS Daten der tryptischen Peptide der verdauten Komplement-Faktor-I-Fraktion und der Fraktion 5**9.1.1 Peptid EANVACLDLGFQQGADTQR**

Abbildung 34 zeigt das MS/MS Spektrum des Peptids EANVACLDLGFQQGADTQR des Komplement-Faktors-I a) aus dem tryptischen Verdau der gekauften Komplement-Faktor-I-Fraktion b) aus dem tryptischen Verdau der Fraktion 5.

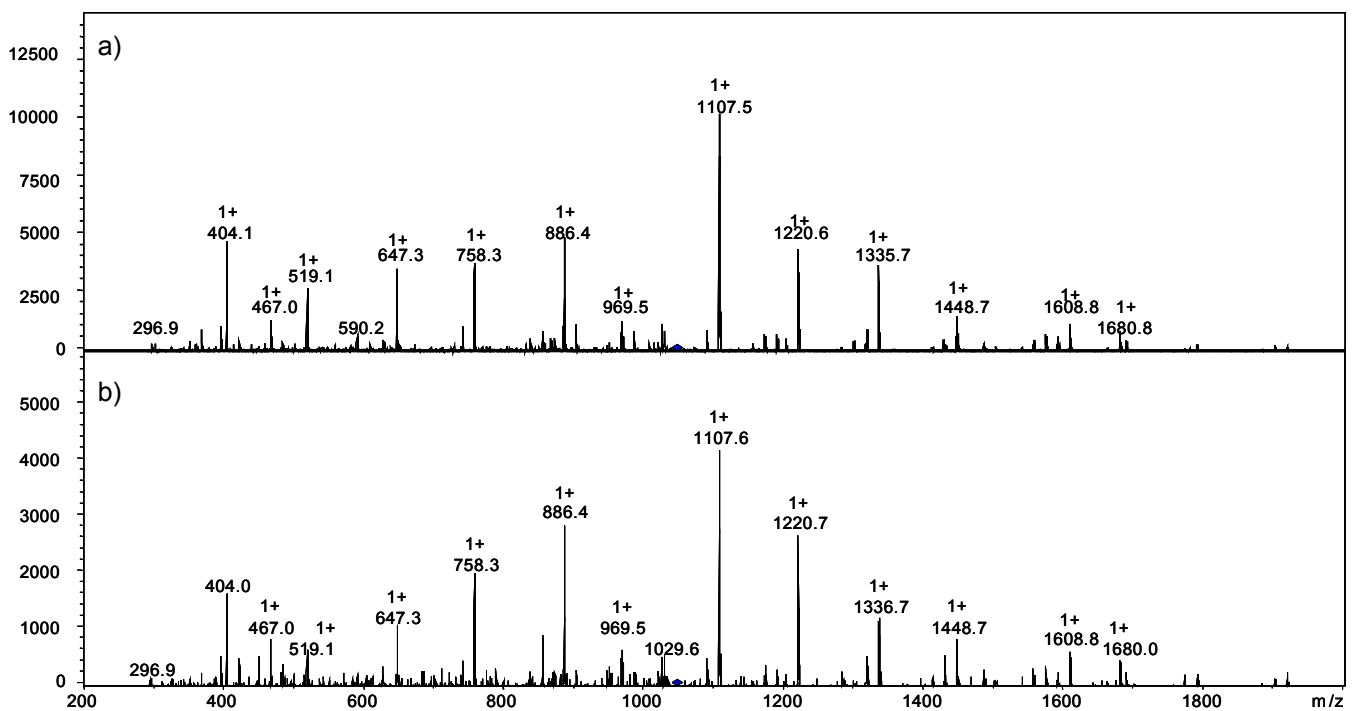


Abb. 34: MS/MS-Spektren des Peptids EANVACLDLGFQQGADTQR mit der Masse 1047.0Da. a) der verdauten Komplement-Faktor-I-Fraktion. b) der Fraktion 5 aus der Größenausschluss-Chromatographie.

A

Pos.	b	b++	b*	b***	b0	b0++	Seq.	y	y++	y*	y***	y0	y0++	Pos.
1	130,05	65,53			112,04	56,52	E							19
2	201,09	101,05			183,08	92,04	A	1.963,93	982,47	1.946,90	973,95	1.945,92	973,46	18
3	315,13	158,07	298,10	149,56	297,12	149,06	N	1.892,89	946,95	1.875,87	938,44	1.874,88	937,94	17
4	414,20	207,60	397,17	199,09	396,19	198,60	V	1.778,85	889,93	1.761,82	881,41	1.760,84	880,92	16
5	485,24	243,12	468,21	234,61	467,22	234,12	A	1.679,78	840,39	1.662,75	831,88	1.661,77	831,39	15
6	645,27	323,14	628,24	314,62	627,26	314,13	C	1.608,74	804,88	1.591,72	796,36	1.590,73	795,87	14
7	758,35	379,68	741,32	371,17	740,34	370,67	L	1.448,71	724,86	1.431,69	716,35	1.430,70	715,85	13
8	873,38	437,19	856,35	428,68	855,37	428,19	D	1.335,63	668,32	1.318,60	659,80	1.317,62	659,31	12
9	986,46	493,73	969,43	485,22	968,45	484,73	L	1.220,60	610,80	1.203,58	602,29	1.202,59	601,80	11
10	1.043,48	522,24	1.026,46	513,73	1.025,47	513,24	G	1.107,52	554,26	1.090,49	545,75	1.089,51	545,26	10
11	1.190,55	595,78	1.173,52	587,27	1.172,54	586,77	F	1.050,50	525,75	1.033,47	517,24	1.032,49	516,75	9
12	1.318,61	659,81	1.301,58	651,30	1.300,60	650,80	Q	903,43	452,22	886,40	443,70	885,42	443,21	8
13	1.446,67	723,84	1.429,64	715,32	1.428,66	714,83	Q	775,37	388,19	758,34	379,68	757,36	379,18	7
14	1.503,69	752,35	1.486,66	743,84	1.485,68	743,34	G	647,31	324,16	630,28	315,65	629,30	315,15	6
15	1.574,73	787,87	1.557,70	779,35	1.556,72	778,86	A	590,29	295,65	573,26	287,14	572,28	286,64	5
16	1.689,75	845,38	1.672,73	836,87	1.671,74	836,38	D	519,25	260,13	502,23	251,62	501,24	251,12	4
17	1.790,80	895,90	1.773,77	887,39	1.772,79	886,90	T	404,23	202,62	387,20	194,10	386,21	193,61	3
18	1.918,86	959,93	1.901,83	951,42	1.900,85	950,93	Q	303,18	152,09	286,15	143,58			2
19							R	175,12	88,06	158,09	79,55			1

B

Pos.	b	b++	b*	b***	b0	b0++	Seq.	y	y++	y*	y***	y0	y0++	Pos.
1	130,05	65,53			112,04	56,52	E							19
2	201,09	101,05			183,08	92,04	A	1963,93	982,47	1946,90	973,96	1945,92	973,46	18
3	315,13	158,07	298,10	149,56	297,12	149,06	N	1892,89	946,95	1875,87	938,44	1874,88	937,94	17
4	414,20	207,60	397,17	199,09	396,19	198,60	V	1778,85	889,93	1761,82	881,42	1760,84	880,92	16
5	485,24	243,12	468,21	234,61	467,23	234,12	A	1679,78	840,39	1662,75	831,88	1661,77	831,39	15
6	645,27	323,14	628,24	314,62	627,26	314,13	C	1608,74	804,88	1591,72	796,36	1590,73	795,87	14
7	758,35	379,68	741,32	371,17	740,34	370,67	L	1448,71	724,86	1431,69	716,35	1430,70	715,86	13
8	873,38	437,19	856,35	428,68	855,37	428,19	D	1335,63	668,32	1318,60	659,81	1317,62	659,31	12
9	986,46	493,73	969,44	485,22	968,45	484,73	L	1220,60	610,81	1203,58	602,29	1202,59	601,80	11
10	1043,48	522,25	1026,46	513,73	1025,47	513,24	G	1107,52	554,26	1090,49	545,75	1089,51	545,26	10
11	1190,55	595,78	1173,53	587,27	1172,54	586,77	F	1050,50	525,75	1033,47	517,24	1032,49	516,75	9
12	1318,61	659,81	1301,58	651,30	1300,60	650,80	Q	903,43	452,22	886,40	443,70	885,42	443,21	8
13	1446,67	723,84	1429,64	715,33	1428,66	714,83	Q	775,37	388,19	758,34	379,68	757,36	379,18	7
14	1503,69	752,35	1486,66	743,84	1485,68	743,34	G	647,31	324,16	630,28	315,65	629,30	315,15	6
15	1574,73	787,87	1557,70	779,35	1556,72	778,86	A	590,29	295,65	573,26	287,14	572,28	286,64	5
16	1689,75	845,38	1672,73	836,87	1671,74	836,38	D	519,25	260,13	502,23	251,62	501,24	251,13	4
17	1790,80	895,90	1773,78	887,39	1772,79	886,90	T	404,23	202,62	387,20	194,10	386,22	193,61	3
18	1918,86	959,93	1901,83	951,42	1900,85	950,93	Q	303,18	152,09	286,15	143,58			2
19							R	175,12	88,06	158,09	79,55			1

Tab. 11: Theoretisch mögliche Peptidmassen, die bei einem MS/MS-Experiment des Peptids **EANVACLDLGFQQGADTQR** entstehen können. A) Komplement-Faktor-I. B) Fraktion 5. Fett gedruckte Peptidmassen stellen die Massen dar, die identifiziert werden konnten.

9.1.2 Peptid VFSLQWGEVK

Abbildung 35 zeigt das MS/MS Spektrum des Peptids VFSLQWGEVK des Komplement-Faktor-I a) aus dem tryptischen Verdau der gekauften Komplement-Faktor-I-Präparation b) aus dem tryptischen Verdau der Fraktion 5

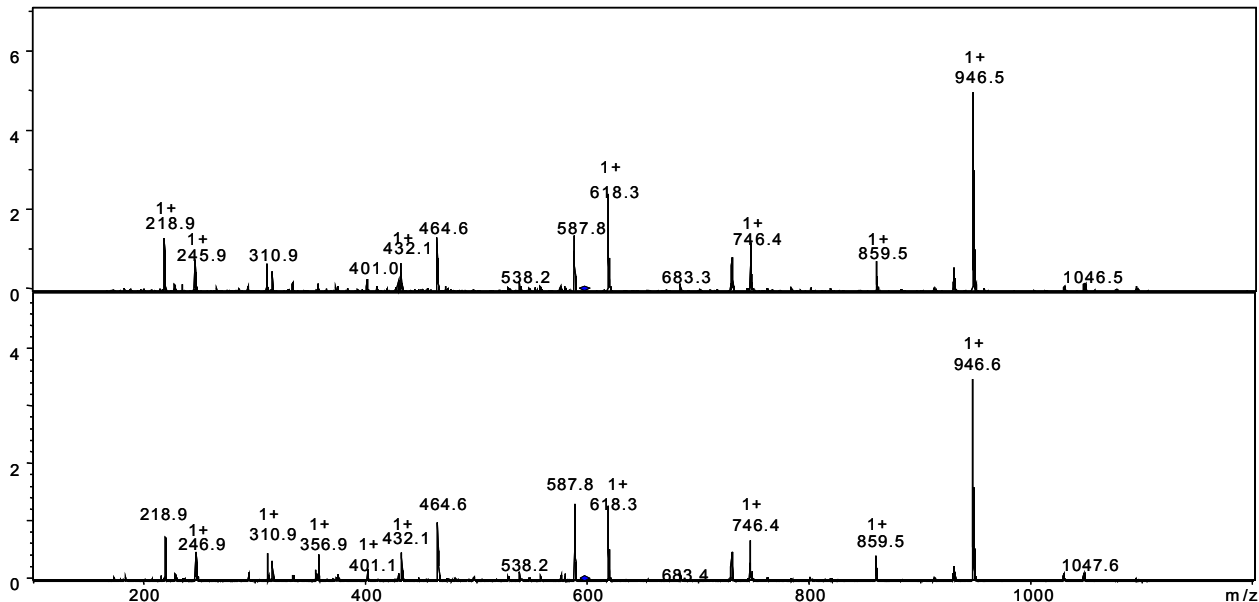


Abb. 35: MS/MS-Spektren des Peptids mit der AS-Sequenz VFSLQWGEVK und der Masse 596.9Da.
a) der verdauten Komplement-Faktor-I-Präparation. b) der Fraktion 5

A

Pos.	b	b++	b*	b*++	b0	b0++	Seq	y	y++	y*	y*++	y0	y0++	Po
1	100,08	50,54					V							10
2	247,14	124,08					F	1.093,57	547,29	1.076,54	538,77	1.075,56	538,28	9
3	334,18	167,59			316,17	158,59	S	946,50	473,75	929,47	465,24	928,49	464,75	8
4	447,26	224,13			429,25	215,13	L	859,47	430,24	842,44	421,72	841,46	421,23	7
5	575,32	288,16	558,29	279,65	557,31	279,16	Q	746,38	373,70	729,36	365,18	728,37	364,69	6
6	761,40	381,20	744,37	372,69	743,39	372,20	W	618,32	309,67	601,30	301,15	600,31	300,66	5
7	818,42	409,71	801,39	401,20	800,41	400,71	G	432,25	216,63	415,22	208,11	414,23	207,62	4
8	947,46	474,23	930,44	465,72	929,45	465,23	E	375,22	188,12	358,20	179,60	357,21	179,11	3
9	1.046,53	523,77	1.029,50	515,26	1.028,52	514,76	V	246,18	123,59	229,15	115,08			2
10							K	147,11	74,06	130,09	65,55			1

B

Pos.	b	b++	b*	b*++	b0	b0++	Seq.	y	y++	y*	y*++	y0	y0++	Pos.
1	100,076	50,542					V							10
2	247,145	124,076					F	1093,57	547,288	1076,54	538,775	1075,56	538,283	9
3	334,177	167,592			316,166	158,587	S	946,5	473,754	929,473	465,241	928,489	464,749	8
4	447,261	224,134			429,25	215,129	L	859,468	430,238	842,441	421,725	841,457	421,233	7
5	575,319	288,164	558,293	279,65	557,309	279,158	Q	746,384	373,696	729,357	365,183	728,373	364,691	6
6	761,399	381,203	744,372	372,69	743,388	372,198	W	618,325	309,667	601,299	301,153	600,315	300,661	5
7	818,42	409,714	801,394	401,201	800,41	400,709	G	432,246	216,627	415,219	208,114	414,235	207,622	4
8	947,463	474,235	930,436	465,722	929,452	465,23	E	375,224	188,116	358,198	179,603	357,214	179,111	3
9	1046,53	523,77	1029,5	515,256	1028,52	514,764	V	246,182	123,595	229,155	115,082			2
10							K	147,113	74,0606	130,087	65,5473			1

Tab. 11: Mögliche Peptidmassen, die bei dem MS/MS-Experiment des Peptids VFSLQWGEVK theoretisch entstehen können. A) Komplement-Faktor-I. B) Fraktion 5. Fett gedruckte Peptidmassen stellen die Massen dar, die identifiziert werden konnten.

9.1.3 Peptid TMGYQDFADVVCYTQK

Abbildung 35 zeigt das MS/MS Spektrum des Peptids TMGYQDFADVVCYTQK des Komplement-Faktor-I a) aus dem tryptischen Verdau der gekauften Komplement-Faktor-I-Präparation b) aus dem tryptischen Verdau der Fraktion 5.

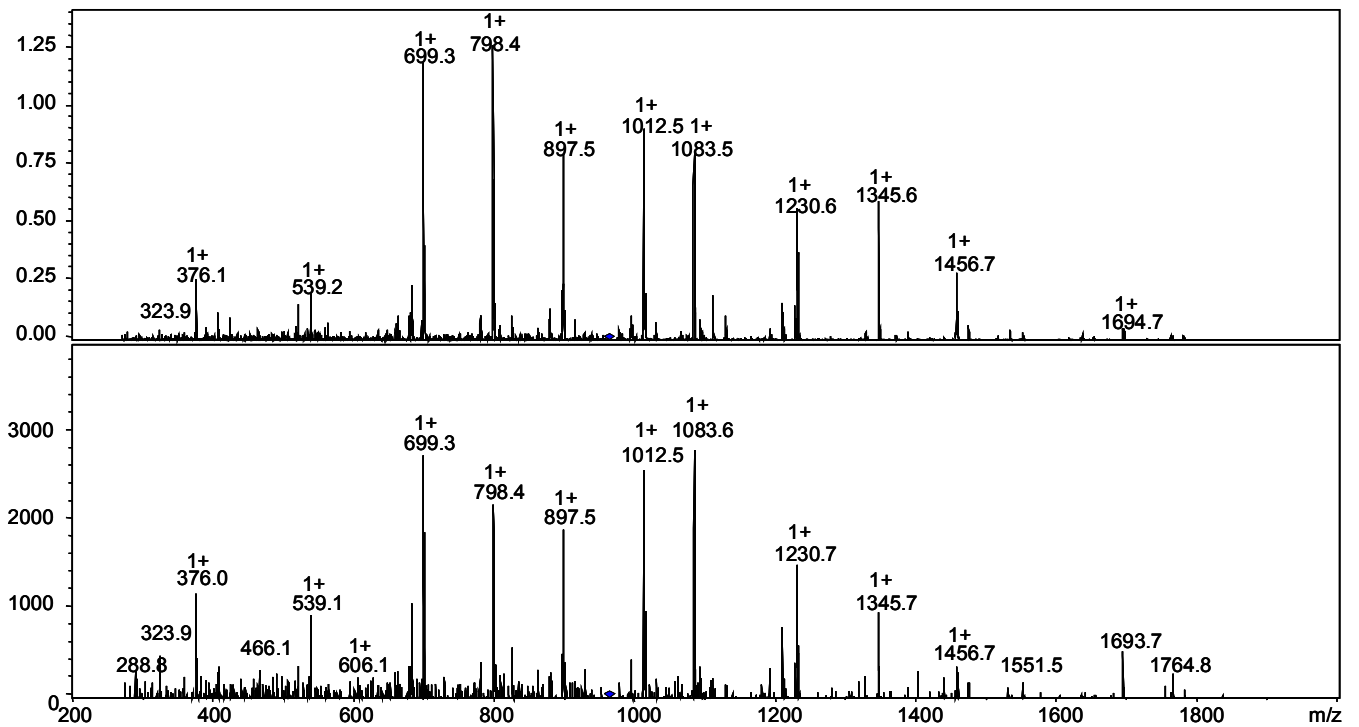


Abb. 35: MS/MS-Spektren des Peptids mit der AS-Sequenz TMGYQDFADVVCYTQK und der Masse 963.5Da. a) der verdauten Komplement-Faktor-I-Präparation. b) der Fraktion 5 aus der Größenausschluss-Chromatographie.

A

Pos.	b	b++	b*	b*++	b0	b0++	Seq.	y	y++	y*	y*++	y0	y0++	Pos.
1	102,06	51,53			84,04	42,53	T							16
2	249,09	125,05			231,08	116,04	M	1.840,79	920,90	1.823,76	912,38	1.822,78	911,89	15
3	306,11	153,56			288,10	144,55	G	1.693,75	847,38	1.676,73	838,87	1.675,74	838,37	14
4	469,18	235,09			451,16	226,09	Y	1.636,73	818,87	1.619,70	810,36	1.618,72	809,86	13
5	597,23	299,12	580,21	290,61	579,22	290,12	Q	1.473,67	737,34	1.456,64	728,82	1.455,66	728,33	12
6	712,26	356,63	695,23	348,12	694,25	347,63	D	1.345,61	673,31	1.328,58	664,80	1.327,60	664,30	11
7	859,33	430,17	842,30	421,65	841,32	421,16	F	1.230,58	615,79	1.213,56	607,28	1.212,57	606,79	10
8	930,37	465,69	913,34	457,17	912,36	456,68	A	1.083,51	542,26	1.066,49	533,75	1.065,50	533,26	9
9	1.045,39	523,20	1.028,37	514,69	1.027,38	514,19	D	1.012,48	506,74	995,45	498,23	994,47	497,74	8
10	1.144,46	572,73	1.127,44	564,22	1.126,45	563,73	V	897,45	449,23	880,42	440,72	879,44	440,22	7
11	1.243,53	622,27	1.226,50	613,76	1.225,52	613,26	V	798,38	399,69	781,35	391,18	780,37	390,69	6
12	1.403,56	702,28	1.386,53	693,77	1.385,55	693,28	C	699,31	350,16	682,29	341,65	681,30	341,15	5
13	1.566,62	783,82	1.549,60	775,30	1.548,61	774,81	Y	539,28	270,14	522,26	261,63	521,27	261,14	4
14	1.667,67	834,34	1.650,65	825,83	1.649,66	825,33	T	376,22	188,61	359,19	180,10	358,21	179,61	3
15	1.795,73	898,37	1.778,70	889,86	1.777,72	889,36	Q	275,17	138,09	258,14	129,58			2
16							K	147,11	74,06	130,09	65,55			1

B

Pos.	b	b++	b*	b*++	b0	b0++	Seq.	y	y++	y*	y*++	y0	y0++	Pos.
1	102,06	51,53			84,04	42,53	T							16
2	233,10	117,05			215,09	108,05	M	1824,79	912,90	1807,77	904,39	1806,78	903,90	15
3	290,12	145,56			272,11	136,56	G	1693,75	847,38	1676,73	838,87	1675,74	838,38	14
4	453,18	227,09			435,17	218,09	Y	1636,73	818,87	1619,71	810,36	1618,72	809,86	13
5	581,24	291,12	564,21	282,61	563,23	282,12	Q	1473,67	737,34	1456,64	728,82	1455,66	728,33	12
6	696,27	348,64	679,24	340,12	678,26	339,63	D	1345,61	673,31	1328,58	664,80	1327,60	664,30	11
7	843,33	422,17	826,31	413,66	825,32	413,17	F	1230,58	615,80	1213,56	607,28	1212,57	606,79	10
8	914,37	457,69	897,35	449,18	896,36	448,68	A	1083,51	542,26	1066,49	533,75	1065,50	533,26	9
9	1029,40	515,20	1012,37	506,69	1011,39	506,20	D	1012,48	506,74	995,45	498,23	994,47	497,74	8
10	1128,47	564,74	1111,44	556,22	1110,46	555,73	V	897,45	449,23	880,42	440,72	879,44	440,22	7
11	1227,54	614,27	1210,51	605,76	1209,53	605,27	V	798,38	399,69	781,36	391,18	780,37	390,69	6
12	1387,57	694,29	1370,54	685,77	1369,56	685,28	C	699,31	350,16	682,29	341,65	681,30	341,16	5
13	1550,63	775,82	1533,60	767,31	1532,62	766,81	Y	539,28	270,15	522,26	261,63	521,27	261,14	4
14	1651,68	826,34	1634,65	817,83	1633,67	817,34	T	376,22	188,61	359,19	180,10	358,21	179,61	3
15	1779,74	890,37	1762,71	881,86	1761,73	881,37	Q	275,17	138,09	258,15	129,58			2
16							K	147,11	74,06	130,09	65,55			1

Tab. 12: Mögliche Peptidmassen, die bei MS/MS-Versuchen des Peptids TMGYQDFADVVCYTQK entstehen können. A) Komplement-Faktor-I. B) Fraktion 5. Fett gedruckte Peptidmassen stellen die Massen dar, die identifiziert werden konnten.

9.1.4 Peptids YQIWTTVVDWIHPDLK

Abbildung 36 zeigt das MS/MS Spektrum des Peptids YQIWTTVVDWIHPDLK des Komplement-Faktor-I a) aus dem tryptischen Verdau der gekauften Komplement-Faktor-I-Präparation b) aus dem tryptischen Verdau der Fraktion 5.

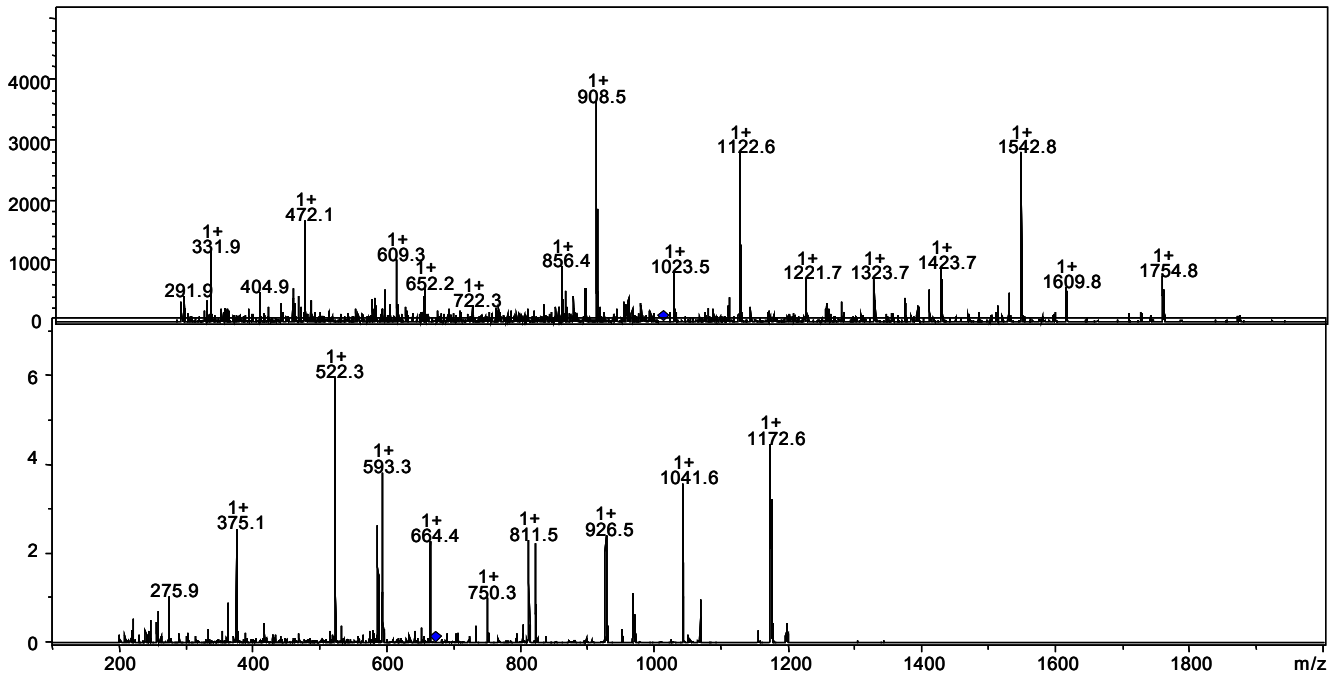


Abb. 36: MS/MS-Spektren des Peptids mit der AS-Sequenz YQIWTTVVDWIHPDLK und der Masse 672.3Da. a) der verdauten Komplement-Faktor-I-Präparation. b) der Fraktion 5.

A

Pos.	b	b++	b*	b*++	b0	b0++	Seq.	y	y++	y*	y*++	y0	y0++	Pos.
1	164,07	82,54					Y							16
2	292,13	146,57	275,10	138,06			Q	1.850,98	925,99	1.833,95	917,48	1.832,97	916,99	15
3	405,21	203,11	388,19	194,60			I	1.722,92	861,96	1.705,89	853,45	1.704,91	852,96	14
4	591,29	296,15	574,27	287,64			W	1.609,84	805,42	1.592,81	796,91	1.591,83	796,42	13
5	692,34	346,67	675,31	338,16	674,33	337,67	T	1.423,76	712,38	1.406,73	703,87	1.405,75	703,38	12
6	793,39	397,20	776,36	388,68	775,38	388,19	T	1.322,71	661,86	1.305,68	653,35	1.304,70	652,85	11
7	892,46	446,73	875,43	438,22	874,45	437,73	V	1.221,66	611,33	1.204,64	602,82	1.203,65	602,33	10
8	991,52	496,27	974,50	487,75	973,51	487,26	V	1.122,59	561,80	1.105,57	553,29	1.104,58	552,80	9
9	1.106,55	553,78	1.089,53	545,27	1.088,54	544,77	D	1.023,53	512,27	1.006,50	503,75	1.005,52	503,26	8
10	1.292,63	646,82	1.275,60	638,31	1.274,62	637,81	W	908,50	454,75	891,47	446,24	890,49	445,75	7
11	1.405,72	703,36	1.388,69	694,85	1.387,70	694,36	I	722,42	361,71	705,39	353,20	704,41	352,71	6
12	1.542,77	771,89	1.525,75	763,38	1.524,76	762,89	H	609,34	305,17	592,31	296,66	591,32	296,17	5
13	1.639,83	820,42	1.622,80	811,90	1.621,82	811,41	P	472,28	236,64	455,25	228,13	454,27	227,64	4
14	1.754,85	877,93	1.737,83	869,42	1.736,84	868,93	D	375,22	188,12	358,20	179,60	357,21	179,11	3
15	1.867,94	934,47	1.850,91	925,96	1.849,93	925,47	L	260,20	130,60	243,17	122,09			2
16							K	147,11	74,06	130,09	65,55			1

B

Pos.	b	b++	b*	b*++	b0	b0++	Seq.	y	y++	y*	y*++	y0	y0++	Pos.
1	164,07	82,54					Y							16
2	292,13	146,57	275,10	138,06			Q	1850,98	925,99	1833,95	917,48	1832,97	916,99	15
3	405,21	203,11	388,19	194,60			I	1722,92	861,96	1705,90	853,45	1704,91	852,96	14
4	591,29	296,15	574,27	287,64			W	1609,84	805,42	1592,81	796,91	1591,83	796,42	13
5	692,34	346,67	675,31	338,16	674,33	337,67	T	1423,76	712,38	1406,73	703,87	1405,75	703,38	12
6	793,39	397,20	776,36	388,68	775,38	388,19	T	1322,71	661,86	1305,68	653,35	1304,70	652,85	11
7	892,46	446,73	875,43	438,22	874,45	437,73	V	1221,66	611,34	1204,64	602,82	1203,65	602,33	10
8	991,53	496,27	974,50	487,75	973,51	487,26	V	1122,59	561,80	1105,57	553,29	1104,58	552,80	9
9	1106,55	553,78	1089,53	545,27	1088,54	544,77	D	1023,53	512,27	1006,50	503,75	1005,52	503,26	8
10	1292,63	646,82	1275,61	638,31	1274,62	637,81	W	908,50	454,75	891,47	446,24	890,49	445,75	7
11	1405,72	703,36	1388,69	694,85	1387,71	694,36	I	722,42	361,71	705,39	353,20	704,41	352,71	6
12	1542,77	771,89	1525,75	763,38	1524,76	762,89	H	609,34	305,17	592,31	296,66	591,33	296,17	5
13	1639,83	820,42	1622,80	811,90	1621,82	811,41	P	472,28	236,64	455,25	228,13	454,27	227,64	4
14	1754,85	877,93	1737,83	869,42	1736,84	868,93	D	375,22	188,12	358,20	179,60	357,21	179,11	3
15	1867,94	934,47	1850,91	925,96	1849,93	925,47	L	260,20	130,60	243,17	122,09			2
16							K	147,11	74,06	130,09	65,55			1

Tab. 13: Mögliche Peptidmassen, die bei MS/MS-Experimenten des Peptids YQIWTTVVDWIHPDLK entstehen können. A) Komplement-Faktor-I. B) Fraktion 5. Fett gedruckte Peptidmassen stellen die Massen dar, die identifiziert werden konnten.

9.1.5 Peptid GLETSLAECTFTK

Abbildung 37 zeigt das MS/MS Spektrum des Peptids GLETSLAECTFTK des Komplement-Faktors-I a) aus dem tryptischen Verdau der gekauften Komplement-Faktor-I-Präparation b) aus dem tryptischen Verdau der Fraktion 5.

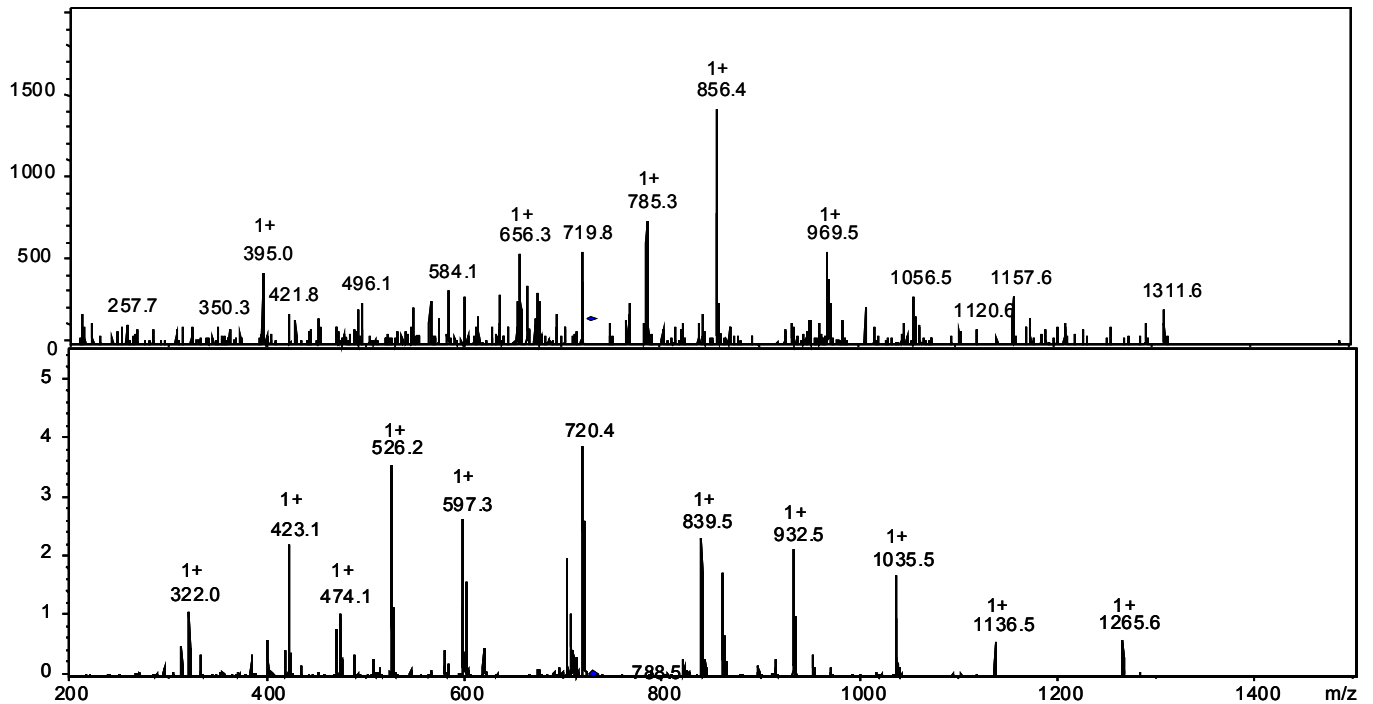


Abb. 37: MS/MS-Spektren des Peptids mit der AS-Sequenz GLETSLAECTFTK und der Masse 1455.6Da. a)verdaute Komplement-Faktor-I-Präparation. b) Fraktion 5.

A

Pos.	b	b++	b0	b0++	Seq.	y	y++	y*	y*++	y0	y0++	Pos.
1	58,03	29,52			G							13
2	171,11	86,06			L	1.399,68	700,34	1.382,65	691,83	1.381,67	691,34	12
3	300,16	150,58	282,14	141,58	E	1.286,59	643,80	1.269,57	635,29	1.268,58	634,80	11
4	401,20	201,11	383,19	192,10	T	1.157,55	579,28	1.140,52	570,77	1.139,54	570,27	10
5	488,24	244,62	470,22	235,62	S	1.056,50	528,76	1.039,48	520,24	1.038,49	519,75	9
6	601,32	301,16	583,31	292,16	L	969,47	485,24	952,44	476,73	951,46	476,23	8
7	672,36	336,68	654,35	327,68	A	856,39	428,70	839,36	420,18	838,38	419,69	7
8	801,40	401,20	783,39	392,20	E	785,35	393,18	768,32	384,67	767,34	384,17	6
9	961,43	481,22	943,42	472,21	C	656,31	328,66	639,28	320,14	638,30	319,65	5
10	1.062,48	531,74	1.044,47	522,74	T	496,28	248,64	479,25	240,13	478,27	239,64	4
11	1.209,55	605,28	1.191,54	596,27	F	395,23	198,12	378,20	189,60	377,22	189,11	3
12	1.310,59	655,80	1.292,58	646,80	T	248,16	124,58	231,13	116,07	230,15	115,58	2
13					K	147,11	74,06	130,09	65,55			1

B

Pos.	b	b++	b0	b0++	Seq.	y	y++	y*	y*++	y0	y0++	Pos.
1	58,03	29,52			G							13
2	171,11	86,06			L	1399,68	700,34	1382,65	691,83	1381,67	691,34	12
3	300,16	150,58	282,15	141,58	E	1286,59	643,80	1269,57	635,29	1268,58	634,80	11
4	401,20	201,11	383,19	192,10	T	1157,55	579,28	1140,52	570,77	1139,54	570,27	10
5	488,24	244,62	470,23	235,62	S	1056,50	528,76	1039,48	520,24	1038,49	519,75	9
6	601,32	301,16	583,31	292,16	L	969,47	485,24	952,45	476,73	951,46	476,23	8
7	672,36	336,68	654,35	327,68	A	856,39	428,70	839,36	420,18	838,38	419,69	7
8	801,40	401,20	783,39	392,20	E	785,35	393,18	768,32	384,67	767,34	384,17	6
9	961,43	481,22	943,42	472,21	C	656,31	328,66	639,28	320,14	638,30	319,65	5
10	1062,48	531,74	1044,47	522,74	T	496,28	248,64	479,25	240,13	478,27	239,64	4
11	1209,55	605,28	1191,54	596,27	F	395,23	198,12	378,20	189,61	377,22	189,11	3
12	1310,59	655,80	1292,58	646,80	T	248,16	124,58	231,13	116,07	230,15	115,58	2
13					K	147,11	74,06	130,09	65,55			1

Tab. 14: Mögliche Peptidmassen, die bei MS/MS-Experimenten des Peptids GLETSLAECTFT entstehen können. A) Komplement-Faktor-I. B) Fraktion 5. Fett gedruckte Peptidmassen stellen die Massen dar, die identifiziert werden konnten.

9.1.6 Peptids ADSPMDDFFQCVNGK

Abbildung 38 zeigt das MS/MS Spektrum des Peptids ADSPMDDFFQCVNGK des Komplement-Faktor-I a) aus dem tryptischen Verdau der gekauften Komplement-Faktor-I-Präparation b) aus dem tryptischen Verdau der Fraktion 5.

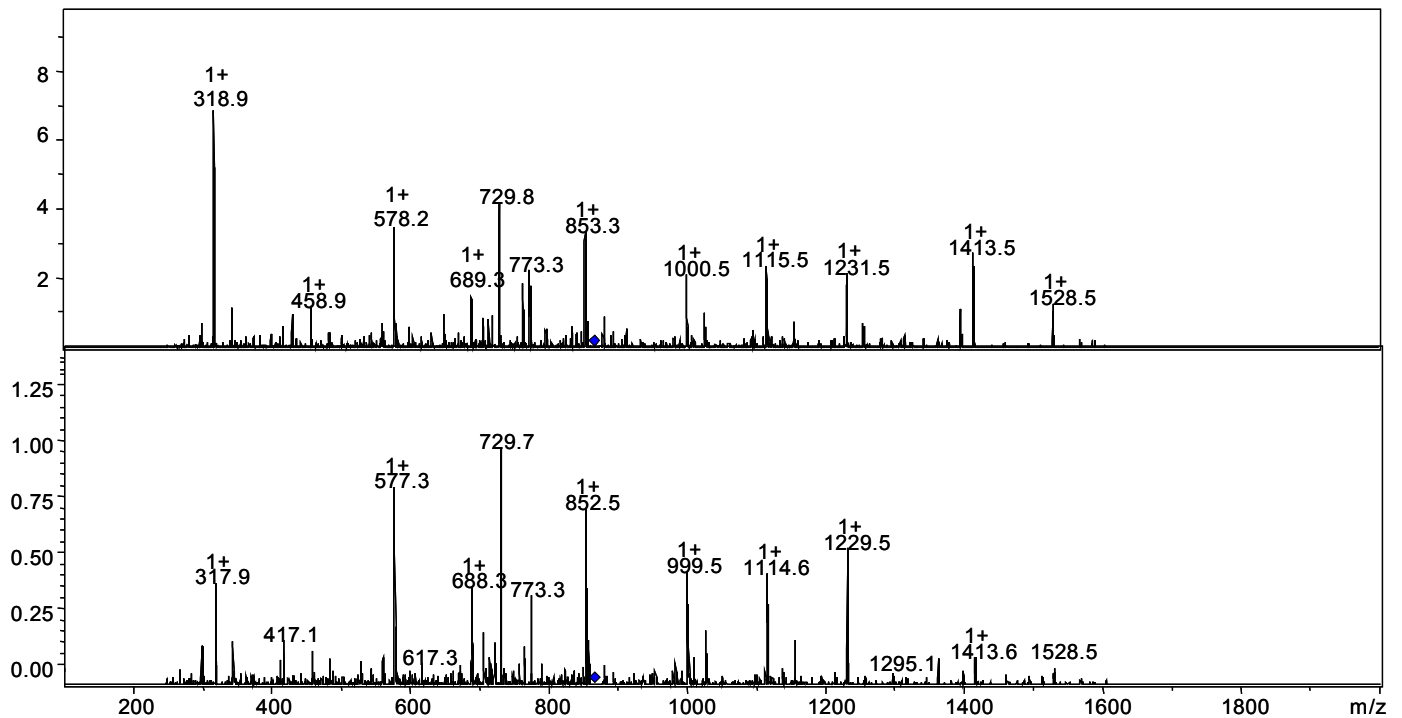


Abb. 38: MS/MS-Spektren des Peptids mit der AS-Sequenz ADSPMDDFFQCVNGK und der Masse 1729.7Da. a) der verdauten Komplement-Faktor-I-Präparation. b) der Fraktion 5.

A

Pos.	b	b++	b*	b*++	b0	b0++	Seq.	y	y++	y*	y*++	y0	y0++	Pos.
1	72,04	36,53					A							15
2	187,07	94,04			169,06	85,03	D	1.659,68	830,34	1.642,65	821,83	1.641,67	821,34	14
3	274,10	137,56			256,09	128,55	S	1.544,65	772,83	1.527,62	764,32	1.526,64	763,82	13
4	371,16	186,08			353,15	177,08	P	1.457,62	729,31	1.440,59	720,80	1.439,61	720,31	12
5	502,20	251,60			484,19	242,60	M	1.360,57	680,79	1.343,54	672,27	1.342,56	671,78	11
6	617,22	309,12			599,21	300,11	D	1.229,53	615,27	1.212,50	606,75	1.211,52	606,26	10
7	732,25	366,63			714,24	357,62	D	1.114,50	557,75	1.097,47	549,24	1.096,49	548,75	9
8	879,32	440,16			861,31	431,16	F	999,47	500,24	982,45	491,73			8
9	1.026,39	513,70			1.008,38	504,69	F	852,40	426,71	835,38	418,19			7
10	1.154,45	577,73	1.137,42	569,21	1.136,44	568,72	Q	705,33	353,17	688,31	344,66			6
11	1.314,48	657,74	1.297,45	649,23	1.296,47	648,74	C	577,28	289,14	560,25	280,63			5
12	1.413,54	707,28	1.396,52	698,76	1.395,53	698,27	V	417,25	209,13	400,22	200,61			4
13	1.527,59	764,30	1.510,56	755,78	1.509,58	755,29	N	318,18	159,59	301,15	151,08			3
14	1.584,61	792,81	1.567,58	784,30	1.566,60	783,80	G	204,13	102,57	187,11	94,06			2
15							K	147,11	74,06	130,09	65,55			1

B

Pos.	b	b++	b*	b*++	b0	b0++	Seq.	y	y++	y*	y*++	y0	y0++	Pos.
1	72,04	36,53					A							15
2	187,07	94,04			169,06	85,03	D	1659,68	830,34	1642,65	821,83	1641,67	821,34	14
3	274,10	137,56			256,09	128,55	S	1544,65	772,83	1527,62	764,32	1526,64	763,82	13
4	371,16	186,08			353,15	177,08	P	1457,62	729,31	1440,59	720,80	1439,61	720,31	12
5	502,20	251,60			484,19	242,60	M	1360,57	680,79	1343,54	672,27	1342,56	671,78	11
6	617,22	309,12			599,21	300,11	D	1229,53	615,27	1212,50	606,75	1211,52	606,26	10
7	732,25	366,63			714,24	357,62	D	1114,50	557,75	1097,47	549,24	1096,49	548,75	9
8	879,32	440,16			861,31	431,16	F	999,47	500,24	982,45	491,73			8
9	1026,39	513,70			1008,38	504,69	F	852,40	426,71	835,38	418,19			7
10	1154,45	577,73	1137,42	569,21	1136,44	568,72	Q	705,34	353,17	688,31	344,66			6
11	1314,48	657,74	1297,45	649,23	1296,47	648,74	C	577,28	289,14	560,25	280,63			5
12	1413,55	707,28	1396,52	698,76	1395,53	698,27	V	417,25	209,13	400,22	200,61			4
13	1527,59	764,30	1510,56	755,78	1509,58	755,29	N	318,18	159,59	301,15	151,08			3
14	1584,61	792,81	1567,58	784,30	1566,60	783,80	G	204,13	102,57	187,11	94,06			2
15							K	147,11	74,06	130,09	65,55			1

Tab.15: Mögliche Peptidmassen, die bei MS/MS-Experimenten des Peptids ADSPMDDFFQCVNGK entstehen können. A) Komplement-Faktor-I. B) Fraktion 5. Fett gedruckte Peptidmassen stellen die Massen dar, die identifiziert werden konnten.

9.2 Tabelle der identifizierten Proteine in der Komplement-Faktor-I-Präparation

Protein	Organismus	EC-Nummer	Score	Sequenzabdeckung
Komplement-Faktor-I	Mensch	3.4.21.45	998	34%
Komplement-Faktor-I	Maus	3.4.21.45	133	3%
Serum Albumin	Rind	-	125	4%
Na/K ATPase Transporter	Mensch	3.6.3.9.	111	2%
Lactotransferrin	Mensch	-	101	4%
Trypsin	Schwein	3.4.21.4	79	21%

9.3 Weitere identifizierte Proteine der Fraktion 5

Protein	Organismus	EC-Nummer	Score	Sequenzabdeckung
transferrin precursor	Mensch	-	1327	36%
Hypothetical protein DKFZp459H0229	Orangutan	-	679	25%
Serum Albumin	Mensch	-	507	16%
Brain cDNA, clone: QccE-13766, similar to human transferrin	Affe	-	503	20%
apolipoprotein A-I	Mensch	-	275	16%
Serum Albumin	Rhesusaffe	-	274	12%
Hemopexin	Mensch	-	255	12%
alpha-1-antitrypsin	Mensch	-	132	4%

9.4 Tabelle der identifizierten Proteine der Fraktion 6

Protein	Organismus	EC-Nummer	Score	Sequenzabdeckung
Trypsin	Schwein	3.4.21.4	65	7%

9.5 Tabelle der identifizierten Proteine der Fraktion 4

Protein	Organismus	EC-Nummer	Score	Sequenzabdeckung
α -2-Makro-globulin	Mensch	-	1092	17%
Transferrin	Mensch	-	807	22%
Haptoglobin	Mensch	-	723	38%
Haptoglobin-related protein	Pavian	-	501	32%
CR925941	Fledermaus	-	499	23%
Serum Albumin	Mensch	-	381	17%
iga1 Kette a und b,	Mensch	-	310	12%
Hirn-cDNA, Klon: QccE-13766, ähnlich humanem Transferrin	Affe	-	292	9%
Haptoglobin-related protein	Mensch	-	250	9%
α -1-Antitrypsin	Mensch	-	211	17%
MUSHAPTGA	Maus	-	211	18%
α -Makro-globulin	Meerschwein	-	206	2%
Apolipoprotein A-I	Mensch	-	203	15%