

- ^a Spotnummern beziehen sich auf die Proteinspots des 2-DE Standard Muster, das für Mausgehirn, cytosolische Fraktion veröffentlicht ist.
(Gauss et al. 1999 und URL: <http://www.charite.de/humangenetik>)
- ^b Proteine wurden mit MALDI-Massenspektrometrie identifiziert (siehe Kap.2.2.3 sowie Kap.3.4 und 4.5).
- ^c Spotvolumina (Spotfläche x Optische Dichte per Pixel) wurden von Klose ermittelt (Klose et al., eingereicht)
- ^d Namen der varianten Spots beinhalten Buchstaben, die den Typ (m, pa, a) der genetischen Variation (V) bezeichnen und die laufende Nummer der polymorphen Proteinspots der des Standardmusters der cytosolischen Fraktion von Mausgehirn (brain supernatant, BS). mV: Variation der elektrophoretischen Mobilität; paV: presence/absence Variation; aV: Mengenvariation (amount Variation)
- ^e Kategorien: (A) der Polymorphismus des Spots zeigt Segregation in F1- und B1-Generation; (B) der Polymorphismus des Spots zeigt Segregation in der F1-Generation, jedoch keine mendelnde Segregation in der Rückkreuzungs-generation B1; (C) der Polymorphismus tritt zwischen den Spezies *Mus musculus* und *Mus spretus* auf, lässt sich in der F1- und B1-Generation jedoch nicht interpretieren.
- ^f In Fällen, in denen verschiedene Proteinspots, die als dasselbe Protein identifiziert worden sind, auf verschiedene Positionen desselben Proteins kartieren wird dies durch Nummerierung der Positionen deutlich gemacht.
- ^g Der hier ermittelte Kartierungsort (Region oder Chromosom) stimmt mit dem bisher bekannten überein
(siehe Chromosome Committee Report; URL: <http://www.informatics.jax.org/bin/ccr/index>).
- ^h Ein neu kartierter Genort, der von dem bisher bekannten abweicht (Kartierungspositionen siehe Chromosome Committee Report; URL: <http://www.informatics.jax.org/bin/ccr/index>).
- ⁱ Abgeleitete Identifizierung: ein Proteinspot, der dem gleichen Variationstyp angehört und dasselbe Segregationsmuster zeigt wie ein bereits identifizierter Spot