

8 Tabellen

Tab. 10: Daten zur Aktivitätsbestimmung von GST-PKCa

Probe	ng GST-PKCa	cpm
Background	-	37
100 %	-	997004
nur Histon	-	4010
nur GST-PKCa	2,5	8836
0,1 µl	0,25	12313
0,5 µl	1,25	59906
1,0 µl	2,5	73505
3,0 µl	7,5	235329
6,0 µl	15	557582
9,0 µl	22,5	725868
12 µl	30	827169
15 µl	37,5	717649

Abb. 11 zeigt die Graphische Darstellung dieser Daten

Tab. 11: Cerenkov-Messung und Gegenüberstellung ausgeschnittener Gelstücke

PMA		Ro		? cpm	MW (kD) ^{# 10}
Gelstück	cpm	Gelstück	cpm		
46	164	A	17	147	n.b.
4	103	O	27	76	n.b.
41+55	5520+354	l+m	41+36	5797	17
18	358	b1+b0	44+24	290	30
1	24	e	15	9	n.b.
4-6	103+117+155	g+h+i	20+36+24	295	n.b.
17	461	b4	130	331	30
19	490	?		420	33
58	593	c0	67	525	33
24	493	?			n.b.
24a	242	c3	279	<0	n.b.
25	513	c5	120	393	n.b.
26	900	?			n.b.
22	724	c1	190	534	n.b.
39	550	?			n.b.
50	750	b1	24	700	28

n.b.: nicht bestimmt, Darstellung in Abb. 25

^{# 10} : Die Molekulargewichte wurden graphisch bestimmt.

Tab. 12: Peptidsequenzen nach Hartinger

Probe	MW (kD)	ermittelte Peptidsequenzen	Name Gen/Protein Notation	Aminosäure-Sequenz	potentielle CK2-Phosphorylierung [302]	potentielle PKC-Phosphorylierung [302]
(1)	33	VNDAVTTDGVQTTR	λ-Immunglobulin EMBL: L07570 .	QSLTPQASVSGTLGQTVTISCSSGSSNIGHYSYVNGWYQQ IPGTAPKTLIYGNKRASGVDFRFSGSKSGNTATLTIISGL QAEDEADYCGTYYSDDIDGAFGGGTHLTIAGGPTSTPS VSLFPPSSEELSANKATVVCLISDFSPSGLEVIWKVNDAV TTDGVQTTR SSKQSNKYAASSYLTRTSAQWKSYSVSCQ VKHQGKTVEKLSPESEC	SSDD, SSEE, SGLE, SPSE	TTR SSK
		ISQTYQQQYGR GLGTDDNTLIR AEIDMoxLDIR DEGNLYDDALVR	Annexin IV (Lipocortin IV, Endo- nexin I, Chromobindin 4, Protein II, P32.5, Placental anticoagulant protein II, PAP-II, PP4- X, 35-β Calcimedin, Carbohydrate-Binding Protein P33/P41) ANX4_human P09525	ATKGGTVKASGFNAMEDAQTLRKAMKGLGTDEDAIISVL AYRNTAQEQEIRTAYKSTIGRDLIDDLKSELSGNFEQVIV GMMTPVLYDVQELRRAMKAGTDEGCLIEILASRTPEEI RRISQTYQQQYGRSLEDDIRSDTSFMRQVVLVLSAGGR EGNYLDDALVR QDAQDLYEAGEKKWGTDEVKFLTVLCSR RNHLLHFVDEYKRISQKDIQSIKSETSGSFEDALLAIVK CMRNKSAYFAEKLYSMK GLGTDDNTLIR VMVSR AEIDML DIR AHFKRLYGKSLYSFKGDTSGDYRKVLLVLCGGDD	TDED, TPEE, SLED, SQKD, SFED, SRAE, TSGD	TVK, TLR, SQK, SIK, SMK
		4 nicht identifiziert	-- // -- // --	--	--	--
(6)	30	VNDAVTTDGVQTTR	λ-Immunglobulin // s.o	s.o.	s.o.	s.o.
		LVQAFQYTDK	Antioxidant Enzyme TDXN_HUMAN Q13162	MEALPPLAATTPDHGRHRRLLLLPLLLFLLPAGAVQGWET EERPRTRREEECHFYAGGQVYPGEASRVVADHSLHLSKAK ISKPAPYWEHTAVIDGFEKELKLTDIRGKYLVEFFYPDF TFVCPTEIIAFGDRLEEFRSINTEVVACSVDSQFTHLAWI NTPRRQGGGPIRIPLLSDLTHQISKDYGVYLEDSEGHTLR GLFIIDDKGILRQITLNDLPVGRSVDETLRLVQAFQYTDK HGEVCPAGWKPGSETIIPDPAGKLYFDKLN	TPPD, TREE, SVAD, TLND, SVDE	TDK , TPR , 3*TLR
		4 nicht identifiziert	-- // -- // --	--	--	--
(2)	29	DPENFPFVVLGNK FQSLGVAFYR	RAB-7 RAB7_human P51149	MTRSKVLLKVIILGDSGVGKTSLMNQYVNNKFSNQYKAT IGADFLTKVEMVDDRLVMTQIWDTAGQER FQSLGVAFYR ADCCVLVDFVDTAPNTFKTLDSWRDEFLIQASPR DPENFPF VVLGNK IDLENRQVATKRAQAWCYSKNNIPYFETSAKEAI NVEQAFQTIARNALKQETEVELYNEFFPEPIKLDKNDRAKA SAESCSC	4* (SWRD , SPRD, S AKE, TEV E)	7* (TSR , SRK , TFK , SWR , SP R , TKR , S AK
(3)	29	LQIWDTAGQER	RAB-8 (Oncogene C-MEL) RAB8_human P24407	MAKTYDYLFKLLLIIGDSGVGKTCVLFREFSADAFNSTFIST IGIDFKIRTIELDGKRIK LQIWDTAGQER FRTITITAYYRG AMGIMLVYDITNEKSFNIRNWRNIRNIEHASADVEKMLG NKCDVNDKRQVSKERGEKALADYGIKFMETSAKANINVEN AFFTLARDIKAKMDKLEGNSPQGSNQGVKITPDQQRSS FFRCVLL	--	SAK
(4)	17	WESGYNTR STDYGIQINSR LGMoxDGYR GISLANWMOxCamLA K YWCamNDGK	Lysozymer C (EC 3.2.1.17, 1,4-β-N- Acetylmuramidase C) LYC_human P00695	MKALIVLGLVLLSVTVQGVFERCELARTLKR LGMDGYRG ISLANWMLAKWESGYNTR ATNYNAGDR STDYGIQINSR YWCNDGK TPGAVNACHLSCSALLQDNIADAVACAKRVVVD PQGIRAWAVARNRQNRDVRQYVQCGV	--	TLK
		TFVNITPAEVGLVVG K	Profilin PRO1_human P07737	AGWNAIYIDNLMADGTCQDAAIVGYKDSPSVWAAVPGK TFV NITPAEVGLVVGK DRSSFYVNGLTGGQKCSVIRDSLLQD GEFSMDLRTKSTGGAPTFNVTVTK TDK TLVLLMGKEGVHG GLINKKCYEMASHLRRSQY	TPAE, TCQD, TKTD	TDK
		WQNNLLPSR	Ribosomal protein S15A RS1A_human P39027	VRMNVLADALKSINNAEKRGKRQVLIRPCSKVIVRFLTVM MKHGYIGEFEIIDDHRAGKIVVNLTRLNKCGVISPRFDV QLKDLEK WQNNLLPSR QFGFIVLTTASAGIMDHEEARRKHT GGKILGFFF	--	TGR , SPR
(5)	15	NLQSEVEGVK	Endobrevin EST66449 Mips g2996192	MEEASEGGGNDLVR NLQSEVEGVK NIMTQNVERILARGEN LEHLRNKTEDLEATSEHFKT SQV ARKFWKKNVMIVLI CVIVFIIILFIVLFATGAFS	SEVE	SQK
		ADALQAGASQFETSA AK	Synaptobrevin 2 (Vesicle-associated membrane protein 2, VAMP-2) SYB2_human P19065	SATAATAPPAAPAGEGGPPAPPNLTSNRRLQQTQAQVDE VVDIMRVNDKVLERDQKLSLDDR ADALQAGASQFETSA AKL KRKYWKNLKMMLILGVICAILIIVVYFSS	SQFE, SELD	SNR
		6 nicht identifiziert	-- // -- // --	--	--	--

Tab. 13: Rohdaten der Cerenkovmessung nach Görg (s. Kap. 5.9.3.1)

1.Präparation				2.Präparation nach Phosphoimager-Kontrolle			
Nr	Probe	Cpm	Δ cpm	Nr	Probe	cpm	Δ cpm
1	0	17,13	0	0	0	16,5	0
39	GPMA38	46,25	29,12	1	a	88,38	71,88
40	GPMA39	51,38	34,25	2	b	30,25	13,75
41	GPMA40	44,25	27,12	3	c	53,63	37,13
42	GPMA41	36,25	19,12	4	d	57,13	40,63
43	GPMA42	91,5	74,37	5	e	41,88	25,38
44	GPMA43	31,38	14,25	6	f	122,88	106,38
45	GPMA44	55,75	38,62	7	g	39,63	23,13
46	GPMA45	124,63	107,5	8	h	45,75	29,25
47	GPMA46	35,38	18,25	9	i	27,25	10,75
48	GPMA47	95	77,87	10	j	47	30,5
49	GPMA48	82,5	65,37	11	k	39,38	22,88
50	GPMA49	58,63	41,5	12	l	38,5	22
51	GPMA50	61,63	44,5	13	m	32,88	16,38
52	GPMA51	42,5	25,37	14	n	17,5	1
53	GPMA52	35,38	18,25	15	o	26,25	9,75
54	GPMA53	45,75	28,62	16	p	27,63	11,13
55	GPMA54	41,88	24,75	17	q	26,38	9,88
56	GPMA55	45,13	28	18	r	28,25	11,75
57	GPMA56	35,38	18,25	19	s	33,75	17,25
58	GPMA57	73,13	56	20	t	126,75	110,25
59	GPMA58	35	17,87	21	u	38,38	21,88
60	Gro59	31,25	14,12	22	v	98,13	81,63
61	Gro60	59	41,87	23	w	19,75	3,25
62	Gro61	41,63	24,5	24	x	27,75	11,25
63	Gro62	34,63	17,5	25	y	39,5	23
64	Gro63	26	8,87				
65	Gro64	39,5	22,37				
66	Gro65	41,38	24,25				
67	Gro66	30,38	13,25				
68	Gro67	31	13,87				
69	Gro68	65,38	48,25				
70	Gro69	53,75	36,62				
71	Gro70	45,13	28				
72	Gro71	33,13	16				

GPMA: Proben aus dem Gel der PMA-Stimulation.

a-r: 2.Präparation von Gelstücken aus dem gleichen Gel der PMA-Stimulation

Gro: Proben aus der Ro 31-8220 Hemmung.

s-y: 2.Präparation von Ro-Gelstücken

Zusammenstellung der aus Tab. 13 sequenzierten Proteine.

Probe	Beschreibung	Proteingehalt nach CBB-Anfärbung	vermutete Identität	pI	MW, (kD) ^{# 10}	cpm
42+I	GPMA42+i	Keine Färbung	unbekannt	sauer	22	85
G1	GPMA39+e	deutliche Färbung	Annexin IV	sauer	30	60
G2	GPMA35+d	Keine Färbung	unbekannt	sauer	44	94
G3	GPMA34+c	deutliche Färbung	unbekannt	sauer	50	84
G4	GPMA45+g	schwache Färbung	Profilin I	basisch	18	131
G5	GPMA46+f	deutliche Färbung	Profilin I	basisch	19	125
41	GPMA41	Keine Färbung	Profilin I	sauer	18	19
44	GPMA44	Keine Färbung	Profilin I	sauer	19	39
43	GPMA43	Keine Färbung	unbekannt	sauer	20	14
40	GPMA40	schwache Färbung	Annexin IV	sauer	29	27
G6	GPMA53	schwache Färbung	Annexin IV	sauer	35	29
G7	GPMA54	schwache Färbung	Annexin IV	sauer	34	25
G8	GPMA55	deutliche Färbung	Annexin IV	sauer	33	28
56	GPMA56	schwache Färbung	unbekannt	sauer	45	18
C1	c1	Keine Färbung	unbekannt	basisch	6,4	70
G9	c2	Keine Färbung	unbekannt	basisch	6,4	52
G10	GPMA47	schwache Färbung	Rab-Protein	basisch	27	78

^{# 10} : Die Molekulargewichte wurden graphisch bestimmt.

Tab. 14: Peptidsequenzen nach Görg

Probe	MW (kD) [#] ₁₀	nachgewiesene Peptide	Name Gen/Protein Notation	Aminosäure-Sequenz	mögliche CK2-site [302]	potentielle PKC site [302]
G3	50	AVDPDGDGHVSWDEYK YSEFFTGSK	Cab45 (Stromal cell-derived factor 4, SDF-4) CB45_maus Q61112; Q61113	MVWLVA MT PRQSSLCGLAAHGLWFLGLVLLMDATA RPA NH SS TR ERAA N RE NE IMP PD H LN GV K LE MD G HL NK DFH Q EV FL G K DM D GF DE SE PR RS RR K LM VI FS KV D V NT DR RI SA K EM Q H W IM E K T AE H F Q E AV K E N KL H F RA VDPDGDGHVSWDEYK V K FL AS K GH NER E I AE A IK N H E EL K V DE ET Q EV L GN L R DR W Y Q AD N PP AD LL L TE DE FL S FL H PE HS R G ML K FM V KE I FR D LD Q D G K Q L S L PE F I S L P V G T V EN Q Q Q D ID D N W V K D R KK E F E EL I D S N H D G I V T M E E LE N Y M D P M N E Y N AL N E A K Q M I A I AD EN Q N H H LE P EE I L K Y SEFFTGSK L M D Y AR N V H E E F	STRE, SKVD, SAKE, SWDE, TEDE, SLPE, SNHD, TMEE	TPR, TAR, STR, SRR, TDR, SAK
G3	50	DLGDFEDEAPR	Cab45 ähnlich / -- / --t	--	--	--
G5	19	LGGSAVISLEGKPL	Cofilin (non-muscle isoform) COF1_human P23528	MASG V AVSDG V IK V F N DM K VR K S ST P EE V K RR K KA V LF CL S ED K NI I LE E G K E I L V G D V G Q T V D D P Y A T F V K ML P D K DC R Y AL Y D A T Y ET K ES K ED L V F I F W A P ES AP L K SK M I Y AS S K DA I K KK L T G IK H EL Q AN C Y E EV K DR CT LA E K L G G S A V I S L E G K P L	STPE, TPEE, TVDD, SKKE, SSKD, TLAE	SKK, SSK
G4	44	YEELQITAGR TLLEGEESR	Cytokeratin 1 (CK 1, Hair α Protein) K2C1_human P04264	SRQ F SS R SG Y RS G GG F SS G S A GI I NY QR RT S SS T R RS GG GG GR F SS CG GG G S F G AG GG F GS R SL V N L G G SK S I S I S V AR GG GR G SG F GG G Y GG GG G GG F G GG F GG G IG GG GG F GG F SG GG GG F GG G GG G Y GG G Y GP V CP GG I Q EV T I N Q S LL Q PL N VE ID PE I Q K V K S R ER E Q I K SL NN Q F AS F I D K V R F LE QQ N Q V L Q T K W EL L Q Q V D T S T R TH N LE P Y F ES F I NN L R RR V D Q L K S D Q S R LD S EL K N M Q D M VE D Y R N K Y E D E I N K R T NA E N E F V T I K K D V D G A Y M T K V D L Q A K L D N L Q Q E I D FL T A LY Q AE L S Q M Q T Q I S E T N V I L S M D N R S L D L D S I I A EV K A Q N E D I A Q K S K A E A ES L Y Q S K Y E EL Q I T A G R H G D S V R N S K I E I S E L N R V I Q R L R S E I D N V K Q I S N L Q Q S I S D A E Q R G E N A L K D A K N K L N D L E D A L Q Q A E D L A R L L R D Y Q E L M N T K L A L D L E I A T Y R T L L E G E E S R MS G E C A P N V S V S T S H T I S G G S R G G GG G Y G S G G S S Y G S GG S Y G SG G GG G GR G S Y G S GG S S Y G S G G G S Y G SG G GG G H G S Y G S GG S GG Y R G G S GG G G S SG R G S GG S GG S I G GR G SS S GG V K S GG S S V R F V S T T Y S G V T R	SFID, TKWE, SRLD, TNAE, TKVD, SKAE, SKYE, SKIE, SEID, SISD, SDAE, TLLE	SSR, 4*STR, TRR, TIK, SVR
G2,	44	GDVTAEEAAGASPAK AAATPESQEPQAK	MacMARCKS (MRP) MRP_human P49006	GS Q SS K AP R GD V T A E E A A G A S P A K ANG Q EN G H V K S N GD L S P K G E G S PP V NG T D E A A G A T G D A L E P A PP S Q G A E A K G E V P P K E T P K K K K F S F K K P F K L S G L S F K R N R K E G GG D S S AS S P T E E Q E Q G E I G A C S D E G T A Q E G K AAATPESQEPQAK G A E A S A S E E E A G P Q A T E P S T P S G P E S G P T P A S A E Q N E	TAAE, SNGD, SPTE, TEEE, TAQE, SEEE	SSK, SPK, TPK, 2*SFK
G10	27	LVFLGEQSVGK	RAB-6 RAB6_human P20340	M S T G G D F GN PL R K F K L V FL G EQ S V G K T S L I T R F MY D S F D N T Y Q A T I G I D F L S K T M Y L E D R T V R L Q L W D T A Q Q E R F R S L I P S Y I R D S T V A V V Y D I T N V S F Q Q T T K W I D D V R T E R G S D V I I M L V GN K T D L A D K R Q V S I E E G E R K A K E L N V M F I E T S A K A G Y N V K Q L F R R V A A A L P G M E S T Q D R S R E D M I D I K L E K P Q E Q V S E G G C S C	TGGD, SIEE, STQD, SRED	TVR, TTK, TER, SAK
G4	44	EQISDIDDAVR	P15 (activated RNA Polymerase II, Transcriptional Coactivator P15, PC4, P14). P15_human P53999	P K S K E L V S S S S S G S D S D S E V D K L K R K K Q V A P E K P V K K Q K T G E T S R A L S S S K Q S S S R D N M F Q I G K M R Y V S V R D F K G V L I D I R E Y W M D P E G E M K P G R K G I S L N P E Q S Q L K EQISDIDDAVR K L	SGSD, SDSD, SDSE, SEVD, SSRD, SRDD, SVRD, SDID	TSR, SSK, SSR, SVR

Fortsetzung Tab. 14: Peptidsequenzen nach Görg

Probe	MW (kD) [#] ₁₀	nachgewiesene Peptide	Name Gen/Protein Notation	Aminosäure-Sequenz	mögliche CK2-site [302]	potentielle PKC site [302]
G1	30	NQLTSNPENTVFDK	GRP78 (78 KD Glucose Regulated Protein Precursor, Immunoglobulin Heavy Chain Binding Protein, BIP) GR78_human P11021	MKLSLVAAMLLLLSAARAEEDKKEDVGTVVGIDL GTTYSCVGVFKNGRVEI IANDQGNRITPSYVAFTP EGERLIGDAAKNQLTSNPENTVFDKRLIGRTWND PSVQQDIKFLPFKVVVEKTKPYIQVDIGGGQTKTF APEEISAMVLTKMKETAAYLGKKVTHAVVTVPAY FNDAQRQATKDAGTIAGLNVMRI INEPTAAAIAYG LDKREGEKNILVFDLGGGTFDVSLLTIDNGVFEVV ATNGDTHLGGEDFDQVRMEHF I KLYKKKTGKDVVK DNRAVQKLRREVEKAKALSSQHQARIEIESFYEGE DFSETLTRAKFEELNMDLFRSTMKPVQKVLSDSL KKSIDEIVLVGGSTRIPKIQQLVKEFFNGKEPSR GINPDEAVAYGAAVQAGVLSGDQDTGDLVLLHVCP LTLGIETVGGVMTKLIPSNVTPVTKNSQIFSTASD NQPTVTIKVYEGEERPLTKDNHLLGTFDLTGIPPAP RGVPOIEVTFEIDVNGILRVTAEDKGTGNKNKITI TNDQNRLTPEEIERMVNDAEKFAEEDKCLKERIDT RNELESYAYS LKNQIGDKEKLGKLSSEDKETMEK AVEEKIEWLESHQDADIEDFKAKKKELEEIVQPII SKLYGSAGPPPTGEEDTAEKDEL	SNPE, TVFD, TWND, TNGD, TGKD, SFYE, SDID, TASD, TAED, TPEE, TRNE, SSED, SHQD, TGEE	TGK, TMK, STR, TIK, SLK
V	50	LSELEAALQR LQAEIEGLK AQYEDIANR LEGLTDEINFLR TEMENEFVLIK LVSESSDVLPK	Cytokeratin 8 (K8, CK 8) K2C8_human P05787	SIRVTQKSYKVSSTGPRAFSSRSYTSVSGPGRISSS SFSRVGSSNFRGGLGGYGGASGMGITAVTVNQS LLSPLVLEVDPNIQAVRTQEKEQIKTLNKFASFI DKVRFLEQQNKMLKTSLLQQQKTARSNMDNMF SYINNLRQLETLGQEKLEAEELGNMQGLVEDFK NKYEDEINKRTEMENEFVLIKDVDEAYMNKVELE SRLEGLTDEINFLRQLYEEEIRELQSQISDTSVVL SMDNSRSLDMSIIAEVKAQYEDIANRSRAEAESM YQIKYEELQSLAGKHGDDLRRRTKTEISEMNRNISR LQAEIEGLKQGRASLEAAIADAEQRGELAIKDANA KLSELEAALQRAKQDMARQLREYQELMNVKLLALDI E IATYRKLLEGEESRLESQMNMSIHTKTTGGYAG GLSSAYGGLTSPGLSYSLGSSFGSGGSSSFSRSTS SSRAVVVKKIETRDGKLVSESSDVLPK	SFID, SNMD, TEME, SRLE, SRLE, SRAE, TKTE, SELE	SIR, TQK, SYK, 2*SSR, TAR, TYR
BP1	45	AGFAGDDAPR AVFPSIVGR DSYVGDEAQSK VAPEEHPVLLTEAPL NPK GYSFTTTAER EITALAPSTMK PQEYDESGPSIVHR	β-Aktin ACTB_human P02570	MDDIIAALVVDNNGSGMCKAGFAGDDAPRAVFPISV GRPRHQVGMVGMGQKDSYVGDEAQSKRGILTLKYP IEHGIVTNWDDMEKIWHHTFYNELRVAPPEHPVLL TEAPLNPKANREKMTQIMFETFNTPAMYVAIQAVL SLYASGRTTGIVMDSGDGVHTVPIYEGYALPHAI LRLLDLAGRDLDYLMKILTERGYSFTTTAEREIVR DIKEKLCYVALDFEQEMATAASSSLEKSYELPDG QVITIGNERFRCPALFPQSFGLMESCGIHETTFN SIMKCDVDIRKDLANTVLSGGTTMYPGIADRMQK EITALAPSTMKIKI IAPPERKYSVWIGGSILASLS TFQQMWISKQEYDESGPSIVHRKCF	TNWD, TTAE, SSLE, SKQE	SKR, TLK, SGR, TER, TMK
VI	48	VIDDTNITR STFSTNYR AQYDELAR ETMoxQSLNDR KQSVENDIHGLR SLGVSQAPSYGAR	Cytokeratin 18 (Keratin - type I cytoskeletal 18, , K18, CK 18) K1CR_human P05783	SFTTRSTFSTNYRSLGVSQAPSYGARPVSSAASVY AGAGGSGSRISVSRSTSFRRGMSGGLATGIAGGL AGMGGIQNEKETMQSLNDRLASYLDRVRSLETENR RLESKIREHLEKKGQVRDWSHYFKI IEDLRAQIF ANTVDNARIVLQIDNARLAADDFRVKYETELAMRQ SVENDIHGLRKVIDDTNITRLQLETEIEALKEELL FMKKNHEEEVKGLQAQIASSGLTVEVDAPKSQDLA KIMADIRAQYDELARKNREELDKYWSQQIEESTTV VTTQSAEVGAAETTLTELRRTVQSLEIDLDSMRNL KASLENSLREVEARYALQMEQLNGILLHLESELAQ TRAEGQRQAQYEALLNIKVKLEAEIATYRRLLED GEDFNGLDALDSSNSMQTIQKTTTRRIVDGKVVSE TNDTKVLRH	SLND, SYLD, TEIE, TLTE, SLRE, TRAE	2*TTR, SFR, SMR, SLR, TYR
III	22	EAFNMoxIDQNR LNGTDPEDVIR FTDEEVDELVR GNFNIEFTR	regulatorische leichte Kette des Myosinkomplexes 2A (Myosin RLC) MLRM_human P19105	SSKRTKTKTKRPPQRATSNVFMFQSQIQEFKEA FNMIDQNRDGFIDKEDLDMLASLGKNPTDEYLDA MMNEAPGPINFMTFLTMFGEKLNGTDPEDVIRNAF ACDDEEATGTIQEDYLRLELLTTMGDRFTDEEVDEL YREAPIDKKGNFNIEFTRILKHGAKDKDD	TDPE, TIQE, TMGD, TDEE	SSK, SKR, TKK

^{#10} : Die Molekulargewichte wurden graphisch bestimmt.