BMJ Publishing Group Limited (BMJ) disclaims all liability and responsibility arising from any reliance placed on this supplemental material which has been supplied by the author(s)

Data file S3. Differentially expressed proteins (DEPs) identified by LDA (Prob<0.05) by comparing PSMs from B16/F10 melanoma model untreated (CTR, n=6), treated with SNFs-OVA (SNFs-OVA, n=6), tre
(SNFs-OVA-CpG, n=6). Average and normalized (%) PSMs are shown. Pairwise comparisons (CTR vs SFNs-OVA; CTR vs SFNs-CpG; CTR vs SFNs-OVA-CpG) by DAve index are reported; positive DAve values
SFNs treatments), while negative DAve values (in blue) indicate proteins up-regulated following SFNs treatments (down-regulated in CTR).

Annotations					LDA		Av. PSMs (B16/F10 MELANOMA MODEL)				Dave index		
ID UNIPROT	Gene name	Description	MW [kDa]	calc. pI	F Ratio	Prob>F	CTR	SFNs-OVA	SFNs-CpG	SFNs-OVA-CpG	CTR *vs* SFNs-OVA	CTR *vs* SFNs-CpG	CTR *vs* SFNs-OVA-CpG
A0A0R4J083	Acadl	Long-chain specific acyl-CoA dehydrogenase, mitochondrial	47,9	8,15	4	2,5E-02	0,0	0,0	0,7	0,0		-2,00	
Q99KI0	Aco2	Aconitate hydratase, mitochondrial	85,4	7,93	5	8,0E-03	4,7	0,7	1,3	1,6	1,50	1,16	1,00
P68134	Acta1	Actin, alpha skeletal muscle	42	5,39	19	5,0E-06	42,6	64,1	71,9	65,5	-0,40	-0,51	-0,42
V9GXQ2	Actb	Predicted gene 17087	41,7	7,37	11	1,9E-04	78,4	101,0	105,8	99,6	-0,25	-0,30	-0,24
P63268	Actg2	Actin, gamma-enteric smooth muscle	41,9	5,48	15	2,8E-05	38,4	58,8	62,4	61,4	-0,42	-0,48	-0,46
Q8R5C5	Actr1b	Beta-centractin	42,3	6,4	3	3,7E-02	0,6	1,9	1,0	1,3	-1,04	-0,47	-0,71
Q641P0	Actr3b	Actin-related protein 3B	47,5	6,02	8	1,1E-03	0,0	1,6	2,1	1,2	-2,00	-2,00	-2,00
Q640N1	Aebp1	Adipocyte enhancer-binding protein 1	128,3	5,08	4	2,9E-02	2,1	0,0	0,0	0,5	2,00	2,00	1,19
P50247	Ahcy	Adenosylhomocysteinase	47,7	6,54	3	4,1E-02	0,0	0,7	0,6	1,2	-2,00	-2,00	-2,00
A0A338P7H5	Ahsg	Alpha-2-HS-glycoprotein	32,2	6,95	6	6,3E-03	1,4	1,3	0,3	0,0		1,25	2,00
P07724	Alb	Albumin	68,6	6,07	23	1,2E-06	60,7	34,3	34,6	23,0	0,56	0,55	0,90
Q9Z110	Aldh18a1	Delta-1-pyrroline-5-carboxylate synthase	87,2	7,55	6	6,2E-03	2,1	0,6	0,5	1,1	1,12	1,26	0,66
P47738	Aldh2	Aldehyde dehydrogenase, mitochondrial	56,5	7,62	6	4,3E-03	4,2	6,1	9,9	7,9	-0,35	-0,80	-0,60
G5E8J2	Ank1	Ankyrin-1	202,4	6,65	10	3,2E-04	1,7	0,0	0,0	0,0	2,00	2,00	2,00
Q9CQM6	Ankrd61	Ankyrin repeat domain-containing protein 61	46,6	8,85	5	9,6E-03	0,6	0,0	0,0	0,0	2,00	2,00	2,00
P07356	Anxa2	Annexin A2	38,7	7,69	6	3,8E-03	4,3	6,3	7,3	3,3	-0,38	-0,52	0,26
P59999	Arpc4	Actin-related protein 2/3 complex subunit 4	19,7	8,43	5	1,3E-02	1,8	1,2	4,2	3,5	0,42	-0,79	-0,62
E9QNX7	Atp4a	Sodium/potassium-transporting ATPase subunit alpha	114	5,81	3	4,1E-02	0,0	0,5	0,5	0,0	-2,00	-2,00	
Q9DCX2	Atp5pd	ATP synthase subunit d, mitochondrial	18,7	5,69	5	7,2E-03	4,0	1,4	1,8	1,3	0,94	0,76	1,02
P62814	Atp6v1b2	V-type proton ATPase subunit B, brain isoform	56,5	5,81	5	8,5E-03	3,4	0,2	1,6	1,6	1,81	0,71	0,74
Q923D2	Blvrb	Flavin reductase (NADPH)	22,2	7,01	16	1,5E-05	2,1	0,0	0,3	0,5	2,00	1,46	1,28
Q64152	Btf3	Transcription factor BTF3	22	9,52	5	1,3E-02	1,6	0,4	0,0	1,3	1,28	2,00	0,22
P01027	C3	Complement C3	186,4	6,73	13	5,8E-05	18,0	2,6	5,5	1,3	1,49	1,07	1,74
P00920	Ca2	Carbonic anhydrase 2	29	7,01	5	1,4E-02	1,5	0,0	0,0	0,0	2,00	2,00	2,00
P47753	Capza1	F-actin-capping protein subunit alpha-1	32,9	5,55	3	4,1E-02	0,2	1,2	1,5	1,4	-1,41	-1,52	-1,51
P47754	Capza2	F-actin-capping protein subunit alpha-2	32,9	5,85	4	3,2E-02	0,2	1,2	1,8	1,7	-1,41	-1,59	-1,59
P80314	Cct2	T-complex protein 1 subunit beta	57,4	6,4	8	1,4E-03	13,3	8,0	6,8	6,9	0,50	0,66	0,64
P80318	Cct3	T-complex protein 1 subunit gamma	60,6	6,7	8	9,7E-04	5,1	4,4	2,5	2,9		0,69	0,56
P80315	Cct4	T-complex protein 1 subunit delta	58	8,02	6	3,1E-03	7,8	1,2	1,1	1,3	1,47	1,49	1,43
P80316	Cct5	T-complex protein 1 subunit epsilon	59,6	6,02	17	8,2E-06	10,6	2,5	4,1	4,1	1,25	0,89	0,89
Q61390	Cct6b	T-complex protein 1 subunit zeta-2	58,1	7,36	9	6,0E-04	2,1	0,0	0,0	0,0	2,00	2,00	2,00
P97377	Cdk2	Cyclin-dependent kinase 2	39	8,54	3	4,9E-02	0,3	2,2	1,8	1,7	-1,52	-1,42	-1,40
P23953	Ces1c	Carboxylesterase 1C	61	5,06	11	1,5E-04	8,4	2,6	2,5	2,2	1,05	1,09	1,18
O35744	Chil3	Chitinase-like protein 3	44,4	5,69	6	4,2E-03	0,0	0,0	1,2	0,3		-2,00	-2,00
Q8BMK4	Ckap4	Cytoskeleton-associated protein 4	63,7	5,64	9	6,5E-04	0,0	0,0	1,1	0,3		-2,00	-2,00
Q04447	Ckb	Creatine kinase B-type	42,7	5,67	9	6,6E-04	20,1	24,8	17,4	18,3	-0,21		
Q68FD5	Cltc	Clathrin heavy chain 1	191,4	5,69	32	8,7E-08	9,3	21,0	17,0	17,3	-0,77	-0,59	-0,60
Q06890	Clu	Clusterin	51,6	5,67	5	9,0E-03	0,0	0,0	1,5	0,0		-2,00	
P11087	Col1a1	Collagen alpha-1(I) chain	137,9	5,85	3	4,6E-02	2,8	9,2	8,9	6,9	-1,06	-1,04	-0,83
E9Q6A6	Col6a6	Collagen alpha-6(VI) chain	246,3	6,9	6	4,7E-03	2,0	0,0	0,2	0,0	2,00	1,69	2,00
Q8VBV7	Cops8	COP9 signalosome complex subunit 8	23,2	5,2	5	6,5E-03	1,1	0,0	0,0	0,2	2,00	2,00	1,45
O89053	Coro1a	Coronin-1A	51	6,48	10	2,7E-04	0,0	0,2	3,3	1,5	-2,00	-2,00	-2,00
P19783	Cox4i1	Cytochrome c oxidase subunit 4 isoform 1, mitochondrial	19,5	9,23	4	1,7E-02	1,5	0,0	0,7	0,6	2,00	0,76	0,78
Q8CJ40	Crocc	Rootletin	226,8	5,55	8	8,1E-04	0,2	0,0	1,0	0,0	2,00	-1,31	2,00
P97315	Csrp1	Cysteine and glycine-rich protein 1	20,6	8,57	4	2,0E-02	0,0	0,5	0,5	1,5	-2,00	-2,00	-2,00
Q9JLM8	Dclk1	Serine/threonine-protein kinase DCLK1	84,1	8,87	4	1,6E-02	0,0	0,5	1,3	0,5	-2,00	-2,00	-2,00
P28654	Dcn	Decorin	39,8	8,68	7	2,5E-03	0,5	2,3	2,5	2,5	-1,35	-1,39	-1,39
G3UZN1	Ddt	D-dopachrome decarboxylase	8,2	7,34	4	1,8E-02	0,0	0,3	1,0	1,1	-2,00	-2,00	-2,00
Q501J6	Ddx17	Probable ATP-dependent RNA helicase DDX17	72,4	8,59	5	1,2E-02	3,1	2,9	2,7	4,5		0,16	-0,37
Q9Z1N5	Ddx39b	Spliceosome RNA helicase Ddx39b	49	5,67	8	9,1E-04	0,8	2,9	2,1	2,5	-1,13	-0,90	-1,04
Q62167	Ddx3x	ATP-dependent RNA helicase DDX3X	73,1	7,18	10	3,5E-04	4,6	7,7	4,6	9,0	-0,50		-0,64
Q62095	Ddx3y	ATP-dependent RNA helicase DDX3Y	73,4	7,53	4	3,1E-02	3,4	4,9	2,7	6,1	-0,35	0,25	-0,55
E9PZQ1	Ddx60	DExD/H box helicase 60	197,5	7,55	3	3,6E-02	1,3	1,3	0,3	2,8		1,17	-0,75
Q99LT0	Dpy30	Protein dpy-30 homolog	11,2	4,88	3	3,7E-02	0,0	1,1	0,2	0,5	-2,00	-2,00	-2,00
E9Q557	Dsp	Desmoplakin	332,7	6,8	9	5,3E-04	2,2	0,2	0,0	0,0	1,72	2,00	2,00
P10126	Eef1a1	Elongation factor 1-alpha 1	50,1	9,01	3	3,7E-02	21,8	34,3	24,8	22,7	-0,44		
Q6ZWX6	Eif2s1	Eukaryotic translation initiation factor 2 subunit 1	36,1	5,08	8	1,3E-03	0,0	0,3	1,3	1,9	-2,00	-2,00	-2,00
Q8JZQ9	Eif3b	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit B	91,3	5,02	5	8,8E-03	2,0	0,8	1,8	0,9	0,86		0,71
P60229	Eif3e	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit E	52,2	6,04	10	2,6E-04	1,4	0,2	0,0	0,0	1,61	2,00	2,00
Q8BGD9	Eif4b	Eukaryotic translation initiation factor 4B	68,8	5,67	4	1,5E-02	0,2	1,8	1,3	2,2	-1,69	-1,58	-1,74
P70372	Elavl1	ELAV-like protein 1	36,1	9,04	5	8,9E-03	0,2	1,6	1,9	2,0	-1,66	-1,71	-1,73
Q99K41	Emilin1	EMILIN-1	107,5	5,3	4	1,8E-02	1,0	0,0	0,0	0,0	2,00	2,00	2,00
P17182	Eno1	Alpha-enolase	47,1	6,8	4	2,9E-02	49,0	43,3	31,9	42,2		0,42	0,15
P21550	Eno3	Beta-enolase	47	7,18	4	3,1E-02	11,0	9,0	4,1	7,9	0,20	0,92	0,33
P10404	env	MLV-related proviral Env polyprotein	69,6	7,96	4	2,1E-02	2,0	3,5	3,5	2,8	-0,55	-0,53	-0,33
Q8R180	Ero1a	ERO1-like protein alpha	54,1	6,54	4	1,6E-02	1,6	0,5	0,0	0,6	1,13	2,00	0,94
P26040	Ezr	Ezrin	69,4	6,1	17	9,4E-06	1,6	3,7	6,2	5,8	-0,78	-1,18	-1,13
P19096	Fasn	Fatty acid synthase	272,3	6,58	5	8,7E-03	17,4	26,3	19,9	21,7	-0,41		-0,22
Q61554	Fbn1	Fibrillin-1	312,1	4,92	4	2,5E-02	0,0	0,0	0,7	0,0		-2,00	
Q8K0E8	Fgb	Fibrinogen beta chain	54,7	7,08	4	2,3E-02	9,1	1,1	22,1	3,3	1,57	-0,83	0,94
Q8VCM7	Fgg	Fibrinogen gamma chain	49,4	5,86	4	2,1E-02	14,9	5,2	16,5	4,7	0,96		1,04
A0A0A6YWE2	Flg	Filaggrin	27,3	10,92	7	2,1E-03	6,2	0,5	0,0	0,0	1,71	2,00	2,00
Q8BTM8	Flna	Filamin-A	281	6,04	10	3,0E-04	10,2	1,9	2,8	1,5	1,37	1,13	1,50
A0A087WS56	Fn1	Fibronectin	249,4	5,82	4	2,2E-02	19,7	5,4	25,3	6,0	1,14	-0,25	1,07
A3KG36	G6pdx	Glucose-6-phosphate 1-dehydrogenase (Fragment)	45,2	6,27	4	2,2E-02	0,0	0,0	0,9	1,4		-2,00	-2,00
Q8BHN3	Ganab	Neutral alpha-glucosidase AB	106,8	6,06	4	2,9E-02	0,0	1,1	2,6	2,6	-2,00	-2,00	-2,00
V9GX06	Gapdh	Predicted gene 11214 (Fragment)	19,9	7,42	7	2,6E-03	7,0	16,1	17,2	19,5	-0,79	-0,85	-0,94
P21614	Gc	Vitamin D-binding protein	53,6	5,5	5	1,1E-02	13,2	3,3	4,4	1,6	1,21	0,99	1,57
A0A1D5RLD8	Gm10358	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase	35,8	8,25	16	1,4E-05	53,2	85,3	79,1	72,9	-0,46	-0,39	-0,31
E9PZF0	Gm20390	Nucleoside diphosphate kinase	30,2	8,72	4	2,0E-02	1,8	6,4	4,1	5,0	-1,13	-0,79	-0,94
E9PY39	Gm20431	Predicted gene 20431	42,1	6,76	6	6,0E-03	0,0	0,6	0,8	1,6	-2,00	-2,00	-2,00
P05201	Got1	Aspartate aminotransferase, cytoplasmic	46,2	7,14	3	3,5E-02	1,1	4,1	4,7	5,3	-1,17	-1,26	-1,33
P13020	Gsn	Gelsolin	85,9	6,18	6	3,1E-03	4,1	2,2	1,0	0,9	0,61	1,22	1,28
K3W4S6	Gyg	Glycogenin	41,9	6,02	4	1,8E-02	1,1	0,2	0,0	0,2	1,45	2,00	1,45
P10922	H1-0	Histone H1.0	20,8	10,9	4	3,1E-02	0,7	0,7	0,0	0,0		2,00	2,00
P43277	H1-3	Histone H1.3	22,1	11,03	8	1,0E-03	4,6	11,2	8,6	7,2	-0,83	-0,60	-0,44
P43274	H1-4	Histone H1.4	22	11,11	3	4,9E-02	4,8	9,9	7,2	7,0	-0,69	-0,40	-0,38
Q3THW5	H2az2	Histone H2A.V	13,5	10,58	6	3,9E-03	9,5	13,3	14,5	15,3	-0,33	-0,42	-0,47
Q61425	Hadh	Hydroxyacyl-coenzyme A dehydrogenase, mitochondrial	34,4	8,65	8	1,2E-03	0,0	0,8	1,8	1,4	-2,00	-2,00	-2,00
Q9QUP5	Hapln1	Hyaluronan and proteoglycan link protein 1	40,5	7,8	81	2,4E-11	2,3	0,3	0,0	0,0	1,53	2,00	2,00
Q91VB8	Hba-a1	Alpha globin 1	15,1	8,22	11	2,0E-04	87,5	25,4	22,5	21,7	1,10	1,18	1,21
P02089	Hbb-b2	Hemoglobin subunit beta-2	15,9	8,05	8	1,2E-03	18,6	7,0	7,6	9,3	0,90	0,84	0,67
A8DUK4	Hbb-bs	Beta-globin	15,7	7,69	14	3,0E-05	201,5	26,8	28,9	30,9	1,53	1,50	1,47
P70349	Hint1	Histidine triad nucleotide-binding protein 1	13,8	6,87	5	8,2E-03	0,4	2,2	1,1	0,7	-1,34	-0,88	-0,51
A0A384DV79	Hmga1	High mobility group protein HMG-I/HMG-Y	12	10,43	10	3,2E-04	1,7	0,0	0,0	0,0	2,00	2,00	2,00
P63158	Hmgb1	High mobility group protein B1	24,9	5,74	5	6,5E-03	0,0	1,5	0,3	0,0	-2,00	-2,00	
Q9Z2X1	Hnrnpf	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein F	45,7	5,49	3	3,8E-02	1,0	3,2	3,4	2,9	-1,09	-1,13	-1,00
Q8C2Q7	Hnrnph1	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein H	51,2	6,8	4	2,8E-02	0,6	3,0	2,6	2,7	-1,32	-1,25	-1,27
P61979	Hnrnpk	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein K	50,9	5,54	5	1,0E-02	6,5	10,4	8,0	9,1	-0,46	-0,21	-0,33
P07901	Hsp90aa1	Heat shock protein HSP 90-alpha	84,7	5,01	10	3,7E-04	18,1	32,6	23,7	28,4	-0,58	-0,27	-0,44
P11499	Hsp90ab1	Heat shock protein HSP 90-beta	83,2	5,03	7	1,9E-03	32,2	44,9	35,3	38,0	-0,33		-0,17
P08113	Hsp90b1	Endoplasmin	92,4	4,82	7	1,6E-03	15,0	20,1	13,2	15,6	-0,29		
P63017	Hspa8	Heat shock cognate 71 kDa protein	70,8	5,52	4	2,9E-02	31,5	42,4	39,0	42,7	-0,30	-0,21	-0,30
P03975	Iap	IgE-binding protein	62,7	9,31	4	1,6E-02	14,5	17,4	9,2	12,2	-0,18	0,45	0,18
Q91VA7	Idh3b	Isocitrate dehydrogenase [NAD] subunit, mitochondrial	42,2	8,6	5	1,3E-02	1,5	0,0	0,3	0,5	2,00	1,25	1,03
A0A0A6YXW6	Igha	Immunoglobulin heavy constant alpha (Fragment)	42	4,94	11	1,7E-04	3,5	1,0	0,0	0,0	1,13	2,00	2,00
A0A0A6YVP0	Ighg2b	Immunoglobulin heavy constant gamma 2B (Fragment)	44,3	6,52	8	7,9E-04	10,7	5,1	3,2	2,2	0,72	1,07	1,32
A0A0A6YY53	Ighg2c	Immunoglobulin heavy constant gamma 2C (Fragment)	36,5	8,02	9	6,3E-04	8,3	1,3	0,3	0,0	1,45	1,84	2,00
P01872	Ighm	Immunoglobulin heavy constant mu	49,9	7,01	35	3,8E-08	8,0	1,3	1,3	0,0	1,44	1,43	2,00
A0A075B5Y4	Ighv1-81	Immunoglobulin heavy variable 1-81 (Fragment)	13	8,79	7	1,5E-03	1,3	0,0	0,0	0,0	2,00	2,00	2,00
A0A0B4J1I9	Igkv4-55	Immunoglobulin kappa variable 4-55 (Fragment)	12,7	6,48	6	5,7E-03	3,3	1,0	0,8	0,0	1,07	1,24	2,00
Q9JKF1	Iqgap1	Ras GTPase-activating-like protein IQGAP1	188,6	6,48	3	3,7E-02	2,5	3,6	7,1	5,7	-0,36	-0,94	-0,76
P01592	Jchain	Immunoglobulin J chain	18	4,89	9	7,4E-04	1,5	0,0	0,0	0,0	2,00	2,00	2,00
Q02257	Jup	Junction plakoglobin	81,7	6,14	4	3,3E-02	0,6	1,0	0,0	0,0	-0,50	2,00	2,00
P04104	Krt1	Keratin, type II cytoskeletal 1	65,6	8,15	9	6,3E-04	6,0	7,0	1,0	0,4	-0,15	1,43	1,73
A2A513	Krt10	Keratin, type I cytoskeletal 10	57	5,07	8	9,2E-04	7,1	9,5	2,0	3,4	-0,28	1,12	0,71
Q61781	Krt14	Keratin, type I cytoskeletal 14	52,8	5,17	23	1,2E-06	31,6	13,8	3,9	5,3	0,78	1,56	1,43
Q61414	Krt15	Keratin, type I cytoskeletal 15	49,1	4,86	7	2,6E-03	11,0	9,1	2,0	4,6	0,20	1,38	0,83
Q9Z2K1	Krt16	Keratin, type I cytoskeletal 16	51,6	5,2	12	1,0E-04	14,9	5,8	0,5	3,1	0,88	1,87	1,31
Q9QWL7	Krt17	Keratin, type I cytoskeletal 17	48,1	5,06	15	2,1E-05	16,8	9,7	2,7	3,8	0,54	1,45	1,26
Q6IFX2	Krt42	Keratin, type I cytoskeletal 42	50,1	5,16	9	4,6E-04	8,9	5,8	1,5	2,7	0,42	1,42	1,07
Q922U2	Krt5	Keratin, type II cytoskeletal 5	61,7	7,75	4	1,9E-02	19,6	18,4	5,3	4,7		1,14	1,23
P50446	Krt6a	Keratin, type II cytoskeletal 6A	59,3	7,94	7	2,4E-03	23,9	12,2	1,8	2,5	0,65	1,72	1,62
Q3UV11	Krt6b	Keratin, type II cytoskeletal 6B	59,5	8,15	7	2,6E-03	24,2	12,2	1,8	2,5	0,66	1,72	1,62
Q9R0H5	Krt71	Keratin, type II cytoskeletal 71	57,3	6,99	7	2,4E-03	2,9	3,0	1,2	0,3		0,85	1,62
Q6NXH9	Krt73	Keratin, type II cytoskeletal 73	58,9	8,09	5	6,7E-03	1,2	2,8	0,2	0,3	-0,81	1,51	1,19
Q6IFZ6	Krt77	Keratin, type II cytoskeletal 1b	61,3	8,02	4	2,8E-02	15,3	13,1	5,0	6,9	0,16	1,01	0,76
Q61233	Lcp1	Plastin-2	70,1	5,33	5	9,0E-03	0,4	0,0	3,3	4,4	2,00	-1,56	-1,66
A0A1B0GSX0	Ldha	L-lactate dehydrogenase	39,7	8,35	18	7,9E-06	17,2	25,0	14,7	13,2	-0,37	0,16	0,26
Q9CRB1	Lgals7	Galectin	15,2	6,89	8	9,3E-04	7,0	5,1	2,0	0,5	0,32	1,11	1,74
P48678	Lmna	Prelamin-A/C	74,2	6,98	4	2,6E-02	9,9	10,2	6,0	8,8		0,49	
P51885	Lum	Lumican	38,2	6,43	8	1,4E-03	0,0	0,5	1,4	1,2	-2,00	-2,00	-2,00
P26645	Marcks	Myristoylated alanine-rich C-kinase substrate	29,6	4,34	4	1,6E-02	0,0	0,3	0,6	0,0	-2,00	-2,00	
Q80UM7	Mogs	Mannosyl-oligosaccharide glucosidase	91,8	9	4	2,6E-02	1,3	0,6	0,0	0,2	0,68	2,00	1,53
P26041	Msn	Moesin	67,7	6,6	5	7,3E-03	6,0	8,9	11,9	13,0	-0,39	-0,67	-0,75
P00405	Mtco2	Cytochrome c oxidase subunit 2	26	4,73	6	6,4E-03	4,7	6,4	7,3	8,6	-0,31	-0,44	-0,59
A0A0N4SW94	Myadm	Myeloid-associated differentiation marker (Fragment)	8,6	8,38	10	3,2E-04	1,7	0,0	0,0	0,0	2,00	2,00	2,00
A0A2R8VHF9	Myh11	Myosin-11	223,2	5,5	4	2,5E-02	2,4	0,3	2,5	1,6	1,55		0,39
Q8BSH9	Nap1l1	Nucleosome assembly protein 1-like 1	44,6	4,56	5	8,5E-03	1,3	2,8	0,8	2,4	-0,74	0,44	-0,60
E9PWG6	Ncapg	Non-SMC condensin I complex, subunit G	112,8	5,55	3	4,5E-02	0,2	0,2	0,0	0,6		2,00	-1,22
Q62425	Ndufa4	Cytochrome c oxidase subunit NDUFA4	9,3	9,52	10	2,4E-04	0,0	1,2	1,1	1,9	-2,00	-2,00	-2,00
O08692	Ngp	Neutrophilic granule protein	19,3	5,31	4	2,2E-02	0,0	0,0	4,0	1,8		-2,00	-2,00
Q99K48	Nono	Non-POU domain-containing octamer-binding protein	54,5	8,95	4	3,0E-02	3,0	5,8	8,8	9,0	-0,64	-0,99	-1,01
P29341	Pabpc1	Polyadenylate-binding protein 1	70,6	9,5	4	2,7E-02	1,5	3,6	3,7	4,2	-0,81	-0,85	-0,95
P60335	Pcbp1	Poly(rC)-binding protein 1	37,5	7,09	6	3,8E-03	0,4	2,7	0,8	2,0	-1,44	-0,61	-1,29
P17918	Pcna	Proliferating cell nuclear antigen	28,8	4,77	3	3,8E-02	0,2	0,2	1,1	0,9		-1,53	-1,43
A0A0R4J0Z1	Pdia4	Protein disulfide-isomerase A4	72,3	5,22	5	8,4E-03	2,1	0,0	0,7	0,2	2,00	1,04	1,73
P12382	Pfkl	ATP-dependent 6-phosphofructokinase, liver type	85,3	7,17	6	6,2E-03	1,0	3,2	3,0	1,1	-1,02	-0,96	
P62962	Pfn1	Profilin-1	14,9	8,28	10	3,9E-04	2,9	7,4	6,7	8,3	-0,89	-0,81	-0,97
Q9DBJ1	Pgam1	Phosphoglycerate mutase 1	28,8	7,18	4	2,8E-02	6,1	12,3	14,9	15,8	-0,67	-0,84	-0,88
Q9D0F9	Pgm1	Phosphoglucomutase-1	61,4	6,57	7	2,2E-03	3,0	0,5	0,5	1,2	1,44	1,45	0,88
P67778	Phb	Prohibitin	29,8	5,76	4	1,6E-02	9,5	5,6	5,3	4,7	0,51	0,57	0,68
O35129	Phb2	Prohibitin-2	33,3	9,83	3	4,7E-02	12,4	15,4	10,2	12,3	-0,21	0,19	
Q9QXS1	Plec	Plectin	533,9	5,96	7	1,8E-03	3,3	0,6	1,2	1,0	1,37	0,94	1,11
P20918	Plg	Plasminogen	90,7	6,6	5	1,1E-02	3,9	0,5	1,7	0,3	1,53	0,80	1,70
Q9DBG5	Plin3	Perilipin-3	47,2	5,62	4	2,6E-02	0,0	0,0	0,5	1,5		-2,00	-2,00
P62137	Ppp1ca	Serine/threonine-protein phosphatase PP1-alpha catalytic subunit	37,5	6,33	3	4,2E-02	0,0	0,8	0,0	0,0	-2,00		
P62715	Ppp2cb	Serine/threonine-protein phosphatase 2A catalytic subunit beta isoform	35,6	5,43	7	2,4E-03	0,0	0,0	1,5	1,6		-2,00	-2,00
F6RV17	Ppp2r2d	Serine/threonine-protein phosphatase 2A 55 kDa regulatory subunit B	33,4	6,65	6	3,5E-03	0,2	1,3	1,5	0,3	-1,59	-1,63	-0,71
Q61171	Prdx2	Peroxiredoxin-2	21,8	5,41	3	4,0E-02	4,7	2,9	4,5	3,0	0,48		0,45
P99029	Prdx5	Peroxiredoxin-5, mitochondrial	21,9	8,85	7	2,1E-03	0,0	0,0	2,2	1,2		-2,00	-2,00
Q99PV0	Prpf8	Pre-mRNA-processing-splicing factor 8	273,4	8,84	9	6,5E-04	0,0	0,5	2,1	0,9	-2,00	-2,00	-2,00
Q9Z1R9	Prss1	Protease, serine 1 (trypsin 1)	26,1	4,94	4	3,0E-02	1,4	3,8	2,2	1,5	-0,91	-0,41	
Q3U6K9	Psat1	Phosphoserine aminotransferase	40,2	7,65	4	1,9E-02	0,0	1,1	0,0	0,6	-2,00		-2,00
O35955	Psmb10	Proteasome subunit beta type-10	29	6,87	8	9,9E-04	0,0	0,0	0,0	0,8			-2,00
Q9R1P3	Psmb2	Proteasome subunit beta type-2	22,9	7,02	6	5,5E-03	0,0	0,8	0,0	0,2	-2,00		-2,00
P99026	Psmb4	Proteasome subunit beta type-4	29,1	5,64	4	2,8E-02	1,2	0,2	0,0	0,2	1,57	2,00	1,57
P70195	Psmb7	Proteasome subunit beta type-7	29,9	7,99	6	4,7E-03	2,8	0,3	0,0	0,6	1,60	2,00	1,27
O88685	Psmc3	26S proteasome regulatory subunit 6A	49,5	5,19	3	4,4E-02	0,0	0,9	0,5	0,0	-2,00	-2,00	
P14685	Psmd3	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 3	60,7	8,44	5	8,4E-03	0,4	1,5	1,5	1,9	-1,22	-1,22	-1,38
Q61838	Pzp	Pregnancy zone protein	165,7	6,68	20	3,2E-06	11,1	4,2	4,2	1,4	0,91	0,91	1,54
P61027	Rab10	Ras-related protein Rab-10	22,5	8,38	7	1,7E-03	0,2	0,8	2,0	1,2	-1,15	-1,60	-1,40
P51150	Rab7a	Ras-related protein Rab-7a	23,5	6,7	5	1,3E-02	0,9	2,6	4,7	5,6	-0,98	-1,36	-1,46
P68040	Rack1	Receptor of activated protein C kinase 1	35,1	7,69	6	3,3E-03	3,6	6,0	6,1	7,7	-0,51	-0,52	-0,74
P34022	Ranbp1	Ran-specific GTPase-activating protein	23,6	5,22	6	5,6E-03	0,0	1,5	0,5	1,3	-2,00	-2,00	-2,00
Q99JI6	Rap1b	Ras-related protein Rap-1b	20,8	5,78	9	5,9E-04	0,5	1,3	2,3	1,8	-0,97	-1,35	-1,18
O89086	Rbm3	RNA-binding protein 3	16,6	7,5	12	8,4E-05	1,7	3,9	5,2	5,4	-0,80	-1,04	-1,06
Q9CXW4	Rpl11	60S ribosomal protein L11	20,2	9,6	5	1,0E-02	2,3	3,0	2,0	1,9	-0,28	0,15	0,18
P35979	Rpl12	60S ribosomal protein L12	17,8	9,42	4	1,9E-02	0,2	2,5	1,3	1,6	-1,70	-1,47	-1,56
Q6ZWZ4	Rpl36	60S ribosomal protein L36	12,2	11,59	4	2,0E-02	0,0	1,0	0,2	0,2	-2,00	-2,00	-2,00
P47911	Rpl6	60S ribosomal protein L6	33,5	10,7	9	6,9E-04	2,5	9,9	9,5	6,9	-1,19	-1,16	-0,93
P62918	Rpl8	60S ribosomal protein L8	28	11,03	6	5,2E-03	3,5	1,6	1,8	2,2	0,75	0,63	0,46
P14869	Rplp0	60S acidic ribosomal protein P0	34,2	6,25	3	4,2E-02	1,2	3,7	3,1	3,8	-1,02	-0,90	-1,06
P63325	Rps10	40S ribosomal protein S10	18,9	10,15	9	6,1E-04	1,2	4,3	2,4	3,3	-1,13	-0,69	-0,94
P62264	Rps14	40S ribosomal protein S14	16,3	10,05	6	3,3E-03	1,2	4,1	2,7	3,1	-1,11	-0,77	-0,89
P62843	Rps15	40S ribosomal protein S15	17	10,39	3	4,3E-02	1,8	1,8	3,6	5,6		-0,64	-1,01
P14131	Rps16	40S ribosomal protein S16	16,4	10,21	21	1,9E-06	3,5	8,7	7,4	6,7	-0,85	-0,71	-0,63
Q9CZX8	Rps19	40S ribosomal protein S19	19,4	10,45	4	3,2E-02	1,9	4,6	2,9	2,9	-0,84	-0,44	-0,42
P25444	Rps2	40S ribosomal protein S2	31,2	10,24	6	4,5E-03	0,8	5,2	4,4	4,0	-1,50	-1,42	-1,37
P62267	Rps23	40S ribosomal protein S23	15,8	10,49	4	3,1E-02	0,7	2,1	0,5	0,6	-0,95	0,38	0,15
A0A1L1SQA8	Rps25	40S ribosomal protein S25	10,3	9,99	5	6,6E-03	0,3	3,9	2,6	3,8	-1,71	-1,58	-1,70
Q6ZWN5	Rps9	40S ribosomal protein S9	22,6	10,65	4	2,0E-02	1,5	4,4	3,8	4,9	-0,96	-0,84	-1,05
P14206	Rpsa	40S ribosomal protein SA	32,8	4,87	14	4,3E-05	5,9	12,7	9,7	7,8	-0,74	-0,49	-0,28
A2AVJ7	Rrbp1	Ribosome-binding protein 1	158,3	9,19	9	6,0E-04	2,1	0,0	0,0	0,0	2,00	2,00	2,00
Q99P72	Rtn4	Reticulon-4	126,5	4,54	3	4,4E-02	0,0	0,0	0,8	0,3		-2,00	-2,00
P27005	S100a8	Protein S100-A8	10,3	5,68	6	4,6E-03	0,0	0,0	1,3	0,6		-2,00	-2,00
P31725	S100a9	Protein S100-A9	13	7,17	6	4,0E-03	1,3	2,7	7,5	5,8	-0,67	-1,40	-1,25
Q60710	Samhd1	Deoxynucleoside triphosphate triphosphohydrolase SAMHD1	75,8	7,93	4	3,0E-02	0,0	0,0	1,6	1,2		-2,00	-2,00
Q8K2B3	Sdha	Succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit, mitochondrial	72,5	7,37	7	2,2E-03	0,6	1,9	2,0	2,2	-1,05	-1,06	-1,14
E9Q1S3	Sec23a	Protein transport protein SEC23	82,9	7,46	4	2,2E-02	0,0	0,0	1,0	0,8		-2,00	-2,00
P07758	Serpina1a	Alpha-1-antitrypsin 1-1	46	5,72	7	2,2E-03	7,0	5,3	3,6	2,5	0,29	0,65	0,97
P22599	Serpina1b	Alpha-1-antitrypsin 1-2	45,9	5,54	8	9,2E-04	6,2	4,0	2,1	1,9	0,45	0,99	1,08
Q00897	Serpina1d	Alpha-1-antitrypsin 1-4	46	5,44	7	1,7E-03	5,7	3,1	1,9	1,9	0,58	0,98	1,02
P07759	Serpina3k	Serine protease inhibitor A3K	46,9	5,16	5	9,6E-03	17,8	2,3	1,7	0,0	1,54	1,66	2,00
P32261	Serpinc1	Antithrombin-III	52	6,46	16	1,5E-05	1,6	0,0	0,0	0,0	2,00	2,00	2,00
E9PWS2	Serpinf1	Pigment epithelium-derived factor	15,8	5,77	5	7,0E-03	2,9	0,2	0,0	0,9	1,78	2,00	1,09
O70456	Sfn	14-3-3 protein sigma	27,7	4,78	4	2,5E-02	2,9	5,9	2,7	5,0	-0,68		-0,53
P04919	Slc4a1	Band 3 anion transport protein	103,1	5,45	9	4,4E-04	2,3	0,0	0,0	0,0	2,00	2,00	2,00
P62320	Snrpd3	Small nuclear ribonucleoprotein Sm D3	13,9	10,32	7	2,3E-03	1,2	2,9	3,4	3,3	-0,80	-0,94	-0,91
P62307	Snrpf	Small nuclear ribonucleoprotein F	9,7	4,67	3	4,2E-02	0,8	0,0	0,2	0,0	2,00	1,38	2,00
P08228	Sod1	Superoxide dismutase [Cu-Zn]	15,9	6,51	3	4,9E-02	5,1	2,8	2,5	3,2	0,59	0,69	0,46
Q62261	Sptbn1	Spectrin beta chain, non-erythrocytic 1	274,1	5,58	11	1,7E-04	2,3	0,6	0,7	0,2	1,16	1,09	1,73
H7BX95	Srsf1	Serine/arginine-rich splicing factor 1	28,3	10,08	8	1,2E-03	0,0	0,3	2,2	2,2	-2,00	-2,00	-2,00
P84104	Srsf3	Serine/arginine-rich splicing factor 3	19,3	11,65	9	5,3E-04	1,8	3,1	3,6	4,7	-0,54	-0,67	-0,88
Q8BL97	Srsf7	Serine/arginine-rich splicing factor 7	30,8	11,9	9	6,0E-04	0,4	2,5	2,2	3,5	-1,51	-1,44	-1,63
E9Q1V0	St13	Hsc70-interacting protein (Fragment)	14,2	4,51	6	5,4E-03	0,0	0,8	0,0	0,2	-2,00		-2,00
P54116	Stom	Stomatin	31,4	6,93	10	3,2E-04	0,8	0,0	0,0	0,0	2,00	2,00	2,00
P11983	Tcp1	T-complex protein 1 subunit alpha	60,4	6,16	4	2,7E-02	4,7	2,0	2,6	2,4	0,79	0,59	0,65
Q921I1	Tf	Serotransferrin	76,7	7,18	6	5,8E-03	16,1	9,7	11,4	5,6	0,50	0,34	0,96
P35441	Thbs1	Thrombospondin-1	129,6	4,96	4	2,4E-02	1,9	0,0	0,7	0,0	2,00	0,95	2,00
A0A0R4IZY0	Thop1	Thimet oligopeptidase	78	5,99	4	2,0E-02	0,8	0,0	0,0	0,0	2,00	2,00	2,00
F6V084	Tmx1	Thioredoxin-related transmembrane protein 1 (Fragment)	14,4	5,06	10	3,2E-04	0,8	0,0	0,0	0,0	2,00	2,00	2,00
Q9CPQ3	Tomm22	Mitochondrial import receptor subunit TOM22 homolog	15,5	4,34	4	2,6E-02	0,0	0,0	1,0	0,9		-2,00	-2,00
Q9D173	Tomm7	Mitochondrial import receptor subunit TOM7 homolog	6,2	10,17	7	2,1E-03	1,1	0,0	0,0	0,0	2,00	2,00	2,00
P17751	Tpi1	Triosephosphate isomerase	26,7	7,3	4	2,8E-02	12,6	19,6	18,6	17,8	-0,43	-0,39	-0,34
P63028	Tpt1	Translationally-controlled tumor protein	19,5	4,86	4	1,8E-02	0,6	3,1	2,7	2,2	-1,34	-1,28	-1,15
P07309	Ttr	Transthyretin	15,8	6,16	7	2,5E-03	1,6	1,2	0,2	0,0	0,29	1,65	2,00
A2AQ07	Tubb1	Tubulin beta-1 chain	50,4	5,07	5	1,4E-02	5,7	11,4	12,2	13,1	-0,66	-0,72	-0,78
Q7TMM9	Tubb2a	Tubulin beta-2A chain	49,9	4,89	4	3,0E-02	25,7	37,4	41,5	41,2	-0,37	-0,47	-0,46
P68372	Tubb4b	Tubulin beta-4B chain	49,8	4,89	7	2,7E-03	28,8	48,8	51,1	49,7	-0,51	-0,56	-0,53
P99024	Tubb5	Tubulin beta-5 chain	49,6	4,89	4	2,1E-02	37,1	51,0	55,9	54,7	-0,32	-0,41	-0,38
Q922F4	Tubb6	Tubulin beta-6 chain	50,1	4,89	6	4,1E-03	11,5	19,8	23,3	21,4	-0,53	-0,68	-0,60
Q8BFR5	Tufm	Elongation factor Tu, mitochondrial	49,5	7,56	9	4,4E-04	2,1	0,2	0,8	0,3	1,74	0,90	1,46
Q3TW96	Uap1l1	UDP-N-acetylhexosamine pyrophosphorylase-like protein 1	56,6	5,43	12	1,2E-04	1,4	7,7	5,3	5,9	-1,39	-1,18	-1,24
Q9DB77	Uqcrc2	Cytochrome b-c1 complex subunit 2, mitochondrial	48,2	9,25	5	7,5E-03	1,5	0,3	0,2	0,0	1,26	1,59	2,00
P61759	Vbp1	Prefoldin subunit 3	22,4	6,28	5	9,7E-03	0,0	0,5	0,0	0,0	-2,00		
Q64727	Vcl	Vinculin	116,6	6	7	2,2E-03	9,3	0,0	1,6	0,8	2,00	1,40	1,67
P20152	Vim	Vimentin	53,7	5,12	5	1,2E-02	87,2	76,4	98,3	106,3			-0,20
P29788	Vtn	Vitronectin	54,8	5,88	4	3,1E-02	2,3	0,2	4,0	0,7	1,73	-0,55	1,08
Q3U3T8	Wdr62	WD repeat-containing protein 62	167,2	5,48	5	1,1E-02	0,6	0,0	0,0	0,0	2,00	2,00	2,00
Q9CQV8	Ywhab	14-3-3 protein beta/alpha	28,1	4,83	5	1,0E-02	3,6	8,7	7,2	8,1	-0,82	-0,66	-0,76
P62259	Ywhae	14-3-3 protein epsilon	29,2	4,74	18	7,4E-06	5,0	15,2	13,0	19,4	-1,01	-0,88	-1,18
P61982	Ywhag	14-3-3 protein gamma	28,3	4,89	7	2,6E-03	2,7	7,3	5,9	8,1	-0,91	-0,73	-0,99
P68510	Ywhah	14-3-3 protein eta	28,2	4,89	7	2,3E-03	3,2	7,2	4,8	6,9	-0,77	-0,40	-0,74
P68254	Ywhaq	14-3-3 protein theta	27,8	4,78	4	2,9E-02	2,7	6,0	5,5	6,5	-0,75	-0,67	-0,82