



Ministero dell'Istruzione, dell'Università e della Ricerca
Direzione Generale per il coordinamento e lo sviluppo e della ricerca
Ufficio III

Rendiconto di spesa Fondi 5 per mille ANNO 2015
 Enti della Ricerca Scientifica

Ente: **UNIVERSITA' DEL SALENTO**
Codice fiscale: 80008870752
Indirizzo sede legale: Piazza Tancredi n. 7 - 73100 Lecce
Referenti

- Alessandro Quarta, 0832292319, alessandro.quarta@unisalento.it
- Antonio Bax, 0832 299207, antonio.bax@unisalento.it

Attività: «L'Università del Salento, di seguito denominata Università o Ateneo, è una comunità di persone che si riconoscono nella libera promozione della ricerca e della didattica come strumenti di sviluppo umano, di affermazione del pluralismo e di perseguimento delle pari dignità sociale.»
 (art.1, comma 1 dello Statuto).

Data di inizio progetto: 27/06/2017
Data di fine progetto: 27/06/2018

Voci di spesa	Costo complessivo	Quota finanziata con fondi 5 per mille
Spese per assegni di ricerca	0	0
Piccola strumentazione	32.398,90	32398,9
Spese per missioni	7.880,16	7880,16
Divulgazione dei risultati di ricerca conseguiti	31.785,75	31785,75
Acquisto di libri e abbonamenti a periodici	7.708,70	7708,7
Spese di personale per la ricerca rendicontabile al 30 maggio 2017		0
TOTALE	79.773,51	79.773,51

Data

Il Legale Rappresentante
 Prof. Vincenzo Zara

Si autorizza al trattamento dei dati ai sensi del d.lgs. 196/2003

Il Legale Rappresentante
 Prof. Vincenzo Zara



UNIVERSITÀ
DEL SALENTO

DIREZIONE GENERALE
AREA GESTIONE PROGETTI E FUND RAISING
UFFICIO FUND RAISING E VALORIZZAZIONE RICERCA

**Edificio IBIL
Complesso Ecotekne
Via per Monteroni
73100 Lecce**

Università del Salento

Relazione finale

Fondi 5 x 1000

Anno 2015

Sommario

Premessa	2
I progetti approvati	4
- per la tipologia A).....	4
- per la tipologia B).....	4
Rendicontazione economica	5
RIEPILOGO COMPLESSIVO.....	5
VALORI SUDDIVISI PER TIPOLOGIA E PROGETTO.....	5
Tipologia A)	5
per la tipologia B).....	5
ALLEGATI	7
RELAZIONI SCIENTIFICHE E RENDICONTAZIONI ANALITICHE.....	7

Premessa

Con il D.R. n. 453 del 7 agosto 2017 è stato approvato il Bando 2017 “5 per mille per la ricerca” – anno 2015 stabilendo i termini di chiusura del bando al 2 ottobre 2017, posticipati poi con successivo provvedimento al 13 ottobre 2017, per permettere la più ampia partecipazione. I progetti pervenuti sono riportati nello schema seguente, suddivisi per tipologia:

• Tipologia a) n.10 proposte progettuali

Titolo progetto	Proponente
1. Digitalizzazione di beni culturali e modellizzazione tridimensionale attraverso l'utilizzo di aeromobili a pilotaggio remoto (aggiornamento in seguito alla nuova scadenza)	Blasi Gianni
2. Rinforzo di volte a stelle in pietra leccese mediante FRP-spruzzato	Cascardi Alessio
3. Acque, infrastrutture e territorio fra storia, diritto ed ecologia. Ancora sul caso air-gun	Cataldo Giorgio
4. Feticismo e alienazione tra merci e parole. Marx e Wittgenstein	De Iaco Moira
5. Sistema per la misura di parametri meteorologici e la dispersione di inquinanti in atmosfera con l'ausilio di un pallone aerostatico frenato	De Lorenzis Alessandro
6. Mapping autonomo di fondali marini	De Palma Daniela
7. Scavi di Ateneo. Le ricerche archeologiche dell'Università del Salento in mostra	Meo Francesco
8. Discovering the unseen. Progetto per la fruizione virtuale dei sotterranei del Castello di Gallipoli (aggiornamento in seguito alla nuova scadenza)	Quarta Aurora
9. Smart monitoring and Alerting system for Fire and Emergency situations - SAFE	Rametta Piercosimo
10. Educazione finanziaria e utilizzo responsabile dei servizi finanziari nell'era digitale: Quanto ne sanno i giovani? (aggiornamento in seguito alla nuova scadenza)	Toma Pierluigi

• Tipologia b): n. 13 proposte progettuali da 7 dipartimenti

Dipartimento Proponente
Beni Culturali
Area 03-Scienze chimiche
Prodotti Naturali per la Protezione di Beni Artistici Lapidei (DOTT.SSA DANIELA FICO)
Area 10 Scienze dell'Antichità, filologico-letterarie e storico-artistiche
L'utilizzazione del bestiame nell'antichità: analisi istologica di metapodi bovini per la definizione dei modelli di sfruttamento dei prodotti animali (DOTT.SSA CLAUDIA ABATINO)
DISTEBA
BIO/06
Caratterizzazione del meccanismo di azione della proteina antitumorale TRIM3 nelle cellule di glioma: ruolo nel cross-talk tra autofagia, infiammazione e rilascio di esosomi. (DOTT.SSA ELISABETTA CARATA)
BIO/09; BIO/10; CHIM/07
Putting Zeb1 in context: ruolo fisio-patologico del fattore di trascrizione Zeb1 nel processo di

Dipartimento Proponente
transizione epitelio mesenchimale (DOTT. DANIELE VERGARA)
INGEGNERIA DELL'INNOVAZIONE
ING-IND 07, ING-IND 08, ING-IND 09.
Stabilizzazione di fiamme ultra-magre a basso impatto ambientale con nanoparticelle e microtecnologie (PESCINI ELISA)
ingegneria industriale: ING-IND 24 ING-IND 23
Sviluppo e caratterizzazione di inchiostri conduttivi a base di filler grafitici, derivanti dal recupero delle ceneri prodotte dal processo di piro-gassificazione (GIURI ANTONELLA)
MATEMATICA E FISICA
FIS/05
UN TELESCOPIO RITCHEY-CHRETIEN PER LO STUDIO DI EVENTI TRANSIENTI (DOTT.SSA FRANCESCA MANCARELLA)
Scienze matematiche e fisiche
Sviluppo di metodi probabilistici e statistici e di algoritmi neurali per l'analisi e l'ottimizzazione di reti complesse ad alto interesse socio economico (DOTT. ADRIANO BARRA)
SCIENZE DELL'ECONOMIA
Economia e gestione delle imprese SECS-P/08
Sviluppi teorici ed evidenze empiriche sui driver del passaparola in contesti di mercato (PROF. ALESSANDRO PELUSO)
Scienze merceologiche SECS P/13
Business footprint Accounting: come valutare gli impatti della produzione sulle risorse idriche (DOTT. PIERPAOLO MIGLIETTA)
SCIENZE GIURIDICHE
Scienze giuridiche area 12
I contratti payment by result per il finanziamento dei servizi di reinserimento sociale e lavorativo dei detenuti. Uno studio di fattibilità (DOTT. CARLO MIGNONE)
STUDI UMANISTICI
AREA 10 – SCIENZE DELL'ANTICHITÀ, FILOLOGICO-LETTERARIE E STORICO-ARTISTICHE
"Etica e letteratura: le responsabilità della fictio nella post-truth Era". Giornate dottorali con keynote lectures di docenti esperti. Pubblicazione degli atti. (NISI ANTONELLA)
L-FIL-LET06
Medioevo greco e romanzo: manoscritti, scritture e testi (PROF. ALESSANDRO CAPONE)

La selezione delle proposte è stata curata da una apposita Commissione di selezione i cui componenti, in rappresentanza delle Aree rappresentative dell'Ateneo ex art. 19 dello statuto, nominati con Decreto del Rettore, così come previsto all'art. 7 c.1 del Bando 2017 "5 per mille per la ricerca - anno 2015".

Il DR n. 629 del 21 novembre 2017 ha nominato la Commissione di selezione nelle persone dei professori:

- Stefano Polidori (coordinatore);
- Maria Bozzetti (componente);
- Marcella Leopizzi (componente con funzioni di segretario).

I progetti approvati

La commissione ha approvato 6 proposte i progetti riportati nelle tabelle seguenti, suddivise per tipologie:

- per la tipologia A)

TITOLO progetto	Proponente	Importo
Acque, infrastrutture e territorio fra storia, diritto ed ecologia. Ancora sul caso air-gun	Cataldo Giorgio	Euro 1.740,00
Sistema per la misura di parametri meteorologici e la dispersione di inquinanti in atmosfera con l'ausilio di un pallone aerostatico frenato	De Lorenzis Alessandro	Euro 13.260,00

- per la tipologia B)

AREA	TITOLO progetto	Proponente	Importo finanziato
Area Giuridico-economico	I contratti payment by result per il finanziamento dei servizi di reinserimento sociale e lavorativo dei detenuti. Uno studio di fattibilità	Mignone Carlo	21.900,00
Area tecnico-scientifico	Putting Zeb1 in context: ruolo fisio-patologico del fattore di trascrizione Zeb1 nel processo di transizione epitelio mesenchimale	Vergara Daniele	21.200,00
Area Umanistico - sociale	Medioevo greco e romano: manoscritti, scritture e testi	Capone Alessandro	10.700,00
Area tecnico-scientifica	Stabilizzazione di fiamme ultra-magre a basso impatto ambientale con nanoparticelle e microtecnologie	Pescini Elisa	10.973,51

I progetti si sono avviati a partire da gennaio 2018 e si sono conclusi il 27/06/2018



DIREZIONE GENERALE
AREA GESTIONE PROGETTI E FUND RAISING
UFFICIO FUND RAISING E VALORIZZAZIONE RICERCA

Edificio IBIL
Complesso Ecotekne
Via per Monteroni
73100 Lecce

Rendicontazione economica

RIEPILOGO COMPLESSIVO

TIP.	IMPORTO ASSEGNATO	IMPORTO RENDICONTATO	RESIDUO
TIPOLOGIA A)	15.000,00 €	14.765,29 €	234,71 €
TIPOLOGIA B)	64.773,51 €	65.008,22 €	-234,71 €
TOTALE	79.773,51 €	79.773,51 €	-0,00 €

VALORI SUDDIVISI PER TIPOLOGIA E PROGETTO

Tipologia A)

TITOLO progetto	Proponente	Importo assegnato	Importo rendicontato	Residuo
Acque, infrastrutture e territorio fra storia, diritto ed ecologia. Ancora sul caso air-gun	Cataldo Giorgio	€ 1.740,00	€ 1.508,20	€ 231,80
Sistema per la misura di parametri meteorologici e la dispersione di inquinanti in atmosfera con l'ausilio di un pallone aerostatico frenato	De Lorenzis Alessandro	€ 13.260,00	13257,09	€ 2,91
TOTALE		€ 15.000,00	€ 14.765,29	€ 234,71

per la tipologia B)

AREA	TITOLO progetto	Proponente	Importo finanziato	Importo rendicontato	Residuo
Area Giuridico-economico	I contratti payment by result per il finanziamento dei servizi di reinserimento sociale e lavorativo dei detenuti. Uno studio di	Mignone Carlo	21.900,00 €	21.900,00 €	0,00



DIREZIONE GENERALE
AREA GESTIONE PROGETTI E FUND RAISING
UFFICIO FUND RAISING E VALORIZZAZIONE RICERCA

Edificio IBIL
Complesso Ecotekne
Via per Monteroni
73100 Lecce

fattibilità						
Area tecnico-scientifico	Putting Zeb1 in context: ruolo fisiopatologico del fattore di trascrizione Zeb1 nel processo di transizione epitelio mesenchimale	Vergara Daniele	21.200,00 €	19.522,47 €	1.677,53	
Area Umanistico - sociale	Medioevo greco e romanzo: manoscritti, scritture e testi	Capone Alessandro	10.700,00 €	6.796,01 €	3.903,99	
Area tecnico-scientifica	Stabilizzazione di fiamme ultra-magre a basso impatto ambientale con nanoparticelle e microtecnologie	Pescini Elisa	10.973,51 €	6.241,11 €	4.732,40	
Area Umanistico - sociale	Dottorato di ricerca - Dipartimento Studi umanistici	Giovanni Tateo	- €	10.548,63 €	-	10.548,63
			64.773,51 €	65.008,22 €	-234,71 €	

ALLEGATI

RELAZIONI SCIENTIFICHE E RENDICONTAZIONI ANALITICHE

Al Magnifico Rettore
Dell'Università del Salento
Prof. Vincenzo Zara

e p.c.

Al Direttore
Del Dipartimento di Scienze Giuridiche
Università del Salento
Prof.ssa Manolita Francesca

e

Al Capo Ufficio
Dell'Ufficio Fund Raising
Avv. Antonio Bax

e

Al Coordinatore amministrativo
Del Dipartimento di Scienze Giuridiche
Università del Salento
Dott.ssa Paola Solombrino

Lecce, 20 giugno 2018

Oggetto: Relazione scientifica - Fondo 2015 per il «5 per mille per la ricerca» - Progetto finanziato: "Acque, infrastrutture e territorio fra storia, diritto ed ecologia. Ancora sul caso air-gun"

Premesso che

- In data **1 ottobre 2017** il sottoscritto, Giorgio Cataldo, dottorando di ricerca in "Diritto dei beni privati, pubblici e comuni. Tradizione e innovazione nei modelli di appartenenza e fruizione (XXXI Ciclo)", presso questo Dipartimento, ha partecipato alla selezione bandita dall'Ateneo per l'assegnazione di fondi per iniziative di ricerca realizzate o proposte da professori, ricercatori e dottorandi e assegnisti minori di anni quaranta, finanziati da proventi derivanti dal 5 per mille per la ricerca (anno 2015);

- In seguito a valutazione comparativa, in data 8 gennaio 2018 (D.R: n. 3), è risultato

assegnatario della somma di € 1.740 in relazione al progetto intitolato «*Acque, infrastrutture e territorio fra storia, diritto ed ecologia. Ancora sul caso air-gun*», il cui ammontare, in coerenza con il progetto originale, è stato impiegato nell'organizzazione di un seminario (vitto, viaggio e alloggio per n. 3 docenti provenienti da altro Ateneo, buffet).

- Pertanto, avvalendosi della proficua collaborazione dei dott. Aniello Atorino, prof. Raffaele D'Alessio, prof. Mario Esposito, prof.ssa Francesca Lamberti, prof. Aniello Parma, prof. Vincenzo Tondi della Mura, prof. Michele Troisi, organizzava per il giorno 7 maggio 2018 un convegno inerente al prefato progetto, sotto il titolo «*Acque, infrastrutture e territorio fra storia, diritto e biologia. Ancora sul caso air gun*», essendo relatori, oltre lo scrivente, il prof. Raffaele D'Alessio (di questo Ateneo), il prof. Stelio Mangiameli (Università degli Studi di Teramo, direttore dell'ISSIRFA), il prof. Mario Fiorentini, (Università degli Studi di Trieste), il prof. Giuseppe Notarbartolo di Sciara (Tethys Research Institute), nonché i prof. Francesca Lamberti e Vincenzo Tondi della Mura (di questo Ateneo). Il convegno ha raccolto ampio consenso nel territorio. In esso, dopo un approfondito *excursus* dello *status quaestionis* è stato affrontato lo studio delle problematiche relative agli effetti dell'utilizzo della tecnica dell'air-gun nel fondale marino per le attività di prospezione e di ricerca di idrocarburi, in una prospettiva multidisciplinare (diritto costituzionale, diritto romano, biologia ed ecologia).

I lavori hanno preso in considerazione le questioni aperte che già erano state messe in rilievo nell'analogo appuntamento seminariale organizzato lo scorso anno (mediante i fondi del 5 per mille – anno 2014) sul tema “Acque, territorio, infrastrutture fra storia e diritto. Il caso air-gun”.

In particolare, sotto il profilo del diritto costituzionale, sono state affrontate le novità soprattutto sul piano giurisprudenziale, relativamente ad alcune sentenze della Corte costituzionale (nn. 38 e 114 del 2017) sulle trivellazioni condotte entro le 12 miglia marittime e del Consiglio di Stato (nn. 1230, 1231, 1232, 1233, 1234, 1235, 1236, 1237 e 1238 del 2018) sulle valutazioni di impatto ambientale accordate dal Ministero dell'Ambiente in occasione del rilascio di titoli minerari concernenti anche l'utilizzo della tecnica dell'air-gun per le attività di prospezione e di ricerca di idrocarburi liquidi e gassosi nel fondale marino. Dopo una rapida rassegna delle pendenti istanze per attività di prospezione e ricerca, analizzate anche dal punto di vista della “nazionalità” degli operatori e del periodo in cui sono state proposte, l'attenzione si è spostata sul piano della ripartizione di competenze legislative e amministrative fra Stato e Regioni, in particolare prendendo in esame il conflitto fra prerogative di natura “esclusiva”, come la materia della tutela dell'ambiente, e prerogative di natura “concorrente”, come la produzione e il

trasporto dell'energia. È emerso, per ciò che riguarda l'ambito delle c.d. trivellazioni, un quadro di ripartizione delle competenze ancora "tutto da chiarire" e caratterizzato da confini poco precisi, soprattutto in considerazione del progressivo restringimento della sfera d'azione delle Regioni e degli enti locali. Difatti, è stato messo in luce come i continui rilievi negativi sollevati dagli enti territoriali minori in fase procedimentale di rilascio della VIA non siano stati presi in considerazione dallo Stato, nonostante l'evidenziazione di rischi concreti derivanti dall'utilizzo della tecnica dell'air-gun a livello locale, le cui ripercussioni non graverebbero soltanto sull'ambiente, ma anche, di riflesso, su altri interessi di natura prettamente regionale, come il turismo, la pesca e, più in generale, le forme economiche di sussistenza, di natura prettamente locale e varianti di regione in regione.

Proprio in relazione agli aspetti problematici essenziali delle conseguenze dell'utilizzo della tecnica dell'air-gun, un ampio spazio è stato dedicato all'analisi biologico-marina dell'argomento. Sono state evidenziate le ripercussioni dell'utilizzo della tecnica dell'air-gun sia in generale, sia in particolare sui cetacei del Mare Mediterraneo centro-orientale, ovvero quello delle coste pugliesi: gli effetti si riflettono sia sul piano del comportamento sia su quello della fisiologia uditiva; inoltre, sono stati sottolineati anche gli impatti sul piano comportamentale e su quello patologico per quanto riguarda i pesci, con una conseguente diminuzione delle uova depositate. Infine, sono stati messi in luce anche gli effetti sullo zooplancton e le relative – potenziali – conseguenze su tutta la catena alimentare marittima di cui esso costituisce la base.

Sotto il profilo storico, dopo una breve rassegna degli risultati scientifici raggiunti in argomento dalla storiografia più accreditata nel panorama internazionale, l'indagine si è concentrata sull'analisi delle ripercussioni che le attività umane hanno prodotto sull'ambiente in età romana, gravitando intorno all'interrogativo se la riflessione dei giuristi romani e gli interventi normativi degli imperatori abbiano mirato a disciplinare le esternalità negative che le attività umane hanno prodotto sull'ambiente. La ricerca ha preso le mosse dallo studio dai testi ulpiane *18 ad Sab. D. 7.1.13. 5* e *79 ad ed. D. 7.9.1.3* per esaminare la suggestiva impressione di un interesse 'ambientalistico' che traspare da queste testimonianze. La questione è stata confrontata con la valutazione delle esigenze di una civiltà preindustriale complessa come quella romana, di procurarsi le materie prime indispensabili alle innumerevoli attività manifatturiere. L'impatto di tali attività è stato esaminato alla luce dei risultati archeologici raggiunti a livello microregionale. Gli esiti di queste ricerche sono stati poi integrati con l'esame delle fonti giuridiche e altre fonti d'informazione. Particolare attenzione è stata, inoltre, dedicata alle ripercussioni delle attività economiche dell'Impero sull'ecosistema marino e alle problematiche

connesse all'impatto ambientale delle grandi opere.

Ai lavori sono seguiti ampi e numerosi interventi degli astanti e un vivace dibattito con i relatori.

Il progetto ha raggiunto gli obiettivi proposti: in particolare sono state approfondite le tematiche inerenti l'impatto ambientale delle indagini sismiche nel mare, anche tratteggiando le conseguenze negative anche per specie ittiche di interesse commerciale (che dispongono nella zona di aree per la riproduzione) e, in definitiva, per l'economia locale.

In fede, Giorgio Cataldo

A handwritten signature in black ink, reading "Giorgio Cataldo". The signature is written in a cursive, flowing style with a large initial 'G'.

Progetto di ricerca "Acque, infrastrutture e territorio fra storia, diritto ed ecologia. Ancora sul caso air
 Responsabile del progetto: Dott. Giorgio Cataldo, dottorando in Diritto dei beni privati, pubblici e con

Rendicontazione finale del progetto

DATA	DESCRIZIONE	IMPORTO
16/05/2018	Organizzazione del seminario "Acque, infrastrutture e territorio fra storia, diritto e biologia. Ancora sul caso airgun" in data 7 maggio 2018. Organizzazione di un servizio buffet al termine dei lavori.	€ 600,00
24/05/2018	Organizzazione del seminario "Acque, infrastrutture e territorio fra storia, diritto e biologia. Ancora sul caso airgun" in data 7 maggio 2018. Rimborso spese di viaggio, vitto e alloggio dell'ospite prof. Giuseppe Notarbartolo di Sciara (Tethys Research Institute)	€ 97,06
31/05/2018	Organizzazione del seminario "Acque, infrastrutture e territorio fra storia, diritto e biologia. Ancora sul caso airgun" in data 7 maggio 2018. Rimborso spese di viaggio, vitto e alloggio dell'ospite prof. Mario Fiorentini (Università degli Studi di Trieste)	€ 295,70
20/06/2018	Organizzazione del seminario "Acque, infrastrutture e territorio fra storia, diritto e biologia. Ancora sul caso airgun" in data 7 maggio 2018. Rimborso spese di viaggio, vitto e alloggio dell'ospite prof. Stelio Mangiameli (Università degli Studi di Teramo)	€ 470,84
20/06/2018	Organizzazione del seminario "Acque, infrastrutture e territorio fra storia, diritto e biologia. Ancora sul caso airgun" in data 7 maggio 2018. Rimborso spese grafiche per la pubblicizzazione del convegno (locandine 70x100, locandine 50x70, cavalieri)	€ 44,60
TOTALE:		€ 1.508,20

rgun" (5 per mille - anno 2015)

nuni, Dipartimento di Scienze giuridiche, Università del Salento

MANDATO

n. 3234

n. 3390

n. 3661

n. 4212

n. 4221

Riepilogo di spese finale:

Fondi assegnati al progetto (D.R. 3/2018):	€ 1.740,00
Previsione di spesa impegnata:	€ 1.520,00
Totale spese sostenute:	€ 1.508,20
Fondi rimamenti:	€ 12,00



Partitario Bilancio Spesa

Esercizio **2018**
 Data **20/06/2018**

Ente

Nome Ente

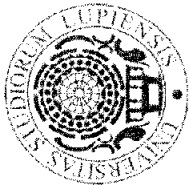
Nome Dipartimento

Università del Salento

UPB : Catado.CINQUEMILLE2015 - PROGETTO "AIR-GUN" BANDO CINQUE PER MILLE - ANNO 2015(comprensivo degli U.P.B. sottostanti)
 Bilancio:102170 Altre spese per attività istituzionali

	Residuo	Previsione iniziale: Variazioni di previsione: Previsione assestata: Impegni: Pagamenti: Disponibilità ad impegnare: Impegnato da pagare: Disponibilità a pagare: Ass. e Dot. Crediti	Competenza
Consistenza iniziale: Variazioni alla consistenza: Consistenza riaccertata: Pagamenti: Residui da pagare:			1.520,00 1.520,00 1.463,60 1.463,60 56,40

Vincolo		Liquidazione							
Data	Numero	Descrizione	Importo	Numero	Data	Disponibilità	Importo	Mandato	C/R
		Importo Originale : 0,00				0,00			



Partitario Bilancio Spesa

Esercizio 2018
Data 20/06/2018

Ente

Nome Ente

Nome Dipartimento

Università del Salento

UPB : Cataldo.CINQUEMILLE2015 - PROGETTO "AIR-GUN" BANDO CINQUE PER MILLE - ANNO 2015 (comprensivo degli U.P.B. sottostanti)
Bilancio:102170 Altre spese per attività istituzionali

Data		Numero	Vincolo		Importo		Disponibilità	Data	Numero	Liquidazione		Importo	Mandato	C/R
			Descrizione								Descrizione			
24/04/2018	2018/5.523		Seminario "Acque, infrastrutture e territorio fra storia, diritto ed ecologia" del 07/05/2018 - Prof. Cataldo G. - Fondi 5Xmille - anno 2015		1.050,00	0,00		16/05/2018	2018/5.686		fattura n. 1 del 15/05/2018 - servizio catering per seminario del 07/05/2018 presso aula magna facoltà di Giurisprudenza	600,00	3.234	C
20/06/2018	Var. 1		Importo Originale : 1.050,00 somme eccedenti GECOM s.r.l.s.		-57,24						Mandato di pagamento n. 3234. Data Emissione 16/05/2018; Data Stampa 16/05/2018; Data Trasmissione 17/05/2018; Data Esitazione 22/05/2018;			
			Notarbartolo di Sciarra Giuseppe					24/05/2018	2018/5.873		Rimborso spese per Convegno 5Xmille del 07/05	97,06	3.390	
			Florentini Mario					31/05/2018	2018/6.179		Mandato di pagamento n. 3390. Data Emissione 24/05/2018; Data Stampa 24/05/2018; Data Trasmissione 06/06/2018; Data Esitazione 08/06/2018;			
											Rimborso spese Convegno Progetto 5Xmille prof. Cataldo del 07/05	295,70	3.661	
											Mandato di pagamento n. 3661. Data Emissione 31/05/2018; Data Stampa 31/05/2018; Data Trasmissione 06/06/2018; Data Esitazione 08/06/2018;			



Partitario Bilancio Spesa

Esercizio 2018
Data 20/06/2018

Ente

Nome Ente

Nome Dipartimento

Università del Salento

UPB : Catalogo.CINQUEMILLE2015 - PROGETTO "AIR-GUN" BANDO CINQUE PER MILLE - ANNO 2015(comprensivo degli U.P.B. sottostanti)
Bilancio:102170 Altre spese per attività istituzionali

Vincolo		Liquidazione								
Data	Numero	Descrizione	Importo	Disponibilità	Data	Numero	Descrizione	Importo	Mandato	C/R
20/06/2018	2018/7.148	Rimborso Convegno Progetto 5XMille prof. Cataldo del 07/05 <i>Importo Originale : 470,84</i> MANGIAMELI PROF. STELIO	470,84	0,00	20/06/2018	2018/6.829	Rimborso Convegno Progetto 5XMille prof. Cataldo del 07/05 Mandato di pagamento n. 4212. Data Emissione 20/06/2018; Data Stampa 20/06/2018;	470,84	4.212	C



Partitario Bilancio Spesa

Esercizio 2018
Data 20/06/2018

Ente

Nome Ente

Nome Dipartimento

Università del Salento

**UPB :Cataldo.CINQUEMILLE2015 - PROGETTO "AIR-GUN" BANDO CINQUE PER MILLE - ANNO 2015(comprensivo degli U.P.B. sottostanti)
Bilancio:103010 Spese di funzionamento e servizi**

	Residuo		Competenza
Consistenza iniziale:		Previsione iniziale:	
Variazioni alla consistenza:		Variazioni di previsione:	220,00
Consistenza riaccertata:		Previsione assestata:	220,00
Pagamenti:		Impegni:	44,60
Residui da pagare:		Pagamenti:	44,60
		Disponibilità ad impegnare:	175,40
		Impegnato da pagare:	
		Disponibilità a pagare:	
		Ass. e Dot. Crediti	

Vincolo					Liquidazione					
Data	Numero	Descrizione	Importo	Disponibilità	Data	Numero	Descrizione	Importo	Mandato	C/R
		<i>Importo Originale : 0,00</i>		0,00						
20/06/2018	2018/7.157	Reintegro fondo economale Fondo Economale Dip. Scienze Giuridiche <i>Importo Originale : 44,60</i> DIRETTORE DIPARTIMENTO DI SCIENZE GIURIDICHE	44,60	0,00						
					20/06/2018	2018/6.838	Reintegro fondo economale Fondo Economale Dip. Scienze Giuridiche Mandato di pagamento n. 4221. Data Emissione 20/06/2018; Data Stampa 20/06/2018;	44,60	4.221	C



**UNIVERSITÀ
DEL SALENTO**



**DIPARTIMENTO
DI SCIENZE GIURIDICHE**

Mandato di Pagamento

N. **3390** del **24/05/2018** Esercizio Finanziario **2018**
Conto competenza

L'Istituto Cassiere		
BANCA POPOLARE PUGLIESE - Conto: T20990001100		
Nome e Indirizzo del beneficiario		
Notarbartolo di Sciara Giuseppe Data di nascita 27/11/1948 C.F. NTRGPP48S27L736J Via Benedetto Marcello, 45 - 20124 MILANO (MI)		
Modalità di Pagamento		
Bonifico presso altre banche UNICREDIT BANCA SPA - IBAN IT53V0200801629000100956516 Bonifico Trattamento delle spese: Cod. ESENTE; Natura del Pagamento: Esente; Causale Esenzione Spese: Esente;		
Causale del pagamento	Liquidazione	Importo
Rimborso spese per Convegno 5XMille del 07/05	5873	97,06
Impegno n. 5631/2018 Rimborso spese per Convegno 5XMille del 07/05 Documento: Mis. 18/000777 del 21/05/2018 Codice CUP: F87G18000000001 UPB: Cataldo.CINQUEXILLE2015 (PROGETTO "AIR-GUN" BANDO CINQUE PER MILLE - ANNO 2015) 10217001 (Convegni, conferenze ed altre iniziative)		
Importo al lordo delle ritenute:		97,06
(Euro novantasette/06)		
Importo netto da pagare al beneficiario:		97,06
(Euro novantasette/06)		

Importo lordo totale del mandato in Euro: € **97,06**

Euro **novantasette/06**

Dettagli SIOPE

Codice	Descrizione	Importo
1030202002	Indennità di missione e di trasferta	97,06
Totale:		97,06

Il Responsabile Amministrativo
 Il Coordinatore Amministrativo
Paola Solombrino

Il Direttore Generale
DIRETTORE
Prof.ssa Mandita Francesca

Trattamento bollo: ESENTE BOLLO



Prospetto di calcolo della missione

Missioni a estranei

Esercizio	2018
Numero	777
data	21/05/2018

Ente Emittente

Nome Ente	Università del Salento
Nome Dipartimento	

Incaricato

Nome Beneficiario	Notarbartolo di Sciara Giuseppe						
Posizione Giuridica	Matricola	Qualifica	Estraneo laureato / Assegnista di Ricerca	Classe stip.	0	Gruppo	0

Missione

Descrizione	Rimborso spese per Convegno 5XMille del 07/05					
Data autorizzazione	24/04/2018	Data inizio	07/05/2018	Data fine	07/05/2018	

Tappe missione

N. Giorni		N. Ore	
-----------	--	--------	--

Spese ed indennità supplementare

Spesa n.1: volo N36DXN			
Tipo di spesa Aereo, spese per biglietto		Data e ora inizio 07/05/2018 00:00:00 Data e ora fine 07/05/2018 00:00:00	
Valuta: EUR	Importo in valuta	97,06	
Tasso di Cambio 1,00000000	Località Estera:		

Importo spesa € 97,06

Indennità chilometrica

Indennità Km a piedi		
Indennità Km mezzo proprio		
Indennità Km mezzo amministrazione		

Anticipo missione

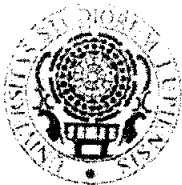
Totale Importo Anticipo	Totale Importo Anticipo Contabilizzato
-------------------------	--

Riepilogo dati contabili

Coef. lord.	Ind. di trasferta	Spese delle tappe	Indennità chilometriche	Totale importo anticipo	Tot importo anticipo contabilizzato
1,00		€ 97,06		0,00	

Importo lordo missione € 97,06

Importo ritenute -	0,00	Importo contributi +	0,00
Anticipo contab. -	0,00		
Netto da pagare = €	97,06	Importo globale = / €	97,06



Prospetto di calcolo della missione

Missioni a estranei

Esercizio	2018
Numero	777
data	21/05/2018

Ente Emittente	
Nome Ente	Università del Salento
Nome Dipartimento	

Incaricato					
Nome Beneficiario	Notarbartolo di Sciara Giuseppe				
Posizione Giuridica	Matricola	Qualifica	Estraneo laureato / Assegnista di Ricerca	Classe stip.	0 Gruppo 0

UNIVERSITÀ DEL SALENTO
DIPARTIMENTO DI SCIENZE GIURIDICHE

Accertata la regolarità della fornitura si liquida la spesa
per la somma di € 97,06

su Tit. 1 Cat. 02 Cap. 12/001

Buono di carico n° _____ del _____

Lecco, 24/5/2018 IL COORDINATORE AMMINISTRATIVO

Il Coordinatore Amministrativo

(Paolo Salombrino)



Mandato di Pagamento

N. **4212** del **20/06/2018** Esercizio Finanziario **2018**

Conto competenza

L'Istituto Cassiere		
BANCA POPOLARE PUGLIESE - Conto: T20990001100		
Nome e indirizzo del beneficiario		
MANGIAMELI PROF. STELIO Data di nascita: 16/04/1954 C.F. MNGSTL54D16C351N Via A. Poerio, 56 - 00152 ROMA (RM)		
Modalità di Pagamento		
Bonifico presso altre banche UNIONE DI BANCHE ITALIANE S.C.P.A. Unione banche italiane IBAN IT9400311103229000000009523 Bonifico/2 Trattamento delle spese: Cod. ESENTE; Natura del Pagamento: Esente; Causale Esenzione Spese: Esente;		
Causale del pagamento	Liquidazione	Importo
Rimborso Convegno Progetto 5XMille prof. Cataldo del 07/05 Impegno n. 5462/2018 Rimborso Convegno Progetto 5XMille prof. Cataldo del 07/05 Documento: Mis. 18/000900 del 29/05/2018 Codice CUP: F87G18000000001 UPB: Cataldo.CINQUEMILLE2015 (PROGETTO "AIR-GUN" BANDO CINQUE PER MILLE - ANNO 2015) 10217001 (Convegni, conferenze ed altre Iniziative)	6829	470,84
Importo al lordo delle ritenute: (Euro quattrocentosettanta/84)		470,84
Importo netto da pagare al beneficiario: (Euro quattrocentosettanta/84)		470,84

Importo lordo totale del mandato in Euro: € **470,84**

Euro **quattrocentosettanta/84**

Dettagli SIOPE

Codice	Descrizione	Importo
1030202002	Indennità di missione e di trasferta	470,84
Totale:		470,84

Il Responsabile Amministrativo

Il Direttore Generale

Coordinatore Amministrativo
(Pool Solombrina)

DIRETTORE
Prof.ssa *M. Manolita Franceschi*

Trattamento bollo: ESENTE BOLLO



Prospetto di calcolo della missione

Missioni a estranei

Esercizio	2018
Numero	900
data	29/05/2018

Ente Emittente

Nome Ente	Università del Salento
Nome Dipartimento	

Incaricato

Nome Beneficiario	MANGIAMELI PROF. STELIO							
Posizione Giuridica	Matricola		Qualifica	Professore Ordinario	Classe stip.	0	Gruppo	2

Missione

Descrizione	Rimborso Convegno Progetto 5XMillie prof. Cataldo del 07/05						
Data autorizzazione	24/04/2018	Data inizio	06/05/2018	Data fine	07/05/2018		

Tappe missione

		N. Giorni	N. Ore

Spese ed indennità supplementare

Spesa n.1 : volo Roma - Brindisi /R del 06/05 e 07/05

Tipo di spesa Aereo, spese per biglietto Data e ora inizio 06/05/2018 00:00:00 Data e ora fine 07/05/2018 00:00:00

Valuta:EUR	Importo in valuta	247,84
Tasso di Cambio 1,00000000		
Località Estera:		

Importo spesa € 247,84 ✓

Spesa n.2 : navetta aereoporto - hotel del 06/05

Tipo di spesa Autobus, spese per il biglietto Data e ora inizio 06/05/2018 00:00:00 Data e ora fine 07/05/2018 00:00:00

Valuta:EUR	Importo in valuta	20,00
Tasso di Cambio 1,00000000		
Località Estera:		

Importo spesa € 20,00 ✓

Spesa n.3 : n. 1 pernottamento del 06/05

Tipo di spesa Albergo, spese per pernottamento Data e ora inizio 06/05/2018 00:00:00 Data e ora fine 07/05/2018 00:00:00

Valuta:EUR	Importo in valuta	123,00
Tasso di Cambio 1,00000000		
Località Estera:		

Importo spesa € 123,00 ✓

Spesa n.4 : pasto del 06/05

Tipo di spesa Pasti, spese per Data e ora inizio 06/05/2018 00:00:00 Data e ora fine 07/05/2018 00:00:00

Valuta:EUR	Importo in valuta	40,00
Tasso di Cambio 1,00000000		
Località Estera:		

Importo spesa € 40,00 ✓

Spesa n.5 : pasto del 07/05

Tipo di spesa Pasti, spese per Data e ora inizio 06/05/2018 00:00:00 Data e ora fine 07/05/2018 00:00:00

Valuta:EUR	Importo in valuta	40,00
Tasso di Cambio 1,00000000		
Località Estera:		

Importo spesa € 40,00 ✓

Indennità chilometrica

Indennità Km a piedi		
Indennità Km mezzo proprio		
Indennità Km mezzo amministrazione		



Prospetto di calcolo della missione

Missioni a estranei

Esercizio	2018
Numero	900
data	29/05/2018

Ente Emittente	
Nome Ente	Università del Salento
Nome Dipartimento	

Incaricato							
Nome Beneficiario	MANGIAMELI PROF. STELIO						
Posizione Giuridica	Matricola	Qualifica	Professore Ordinario	Classe stip.	0	Gruppo	2

Anticipo missione

Totale Importo Anticipo	Totale Importo Anticipo Contabilizzato
-------------------------	--

Riepilogo dati contabili					
Coef. lord.	Ind. di trasferta	Spese delle tappe	Indennità chilometriche	Totale importo anticipo	Tot importo anticipo contabilizzato
1,00		€ 470,84		0,00	

Importo lordo missione
€ 470,84

Importo ritenute -	0,00	Importo contributi +	0,00
Anticipo contab. -	0,00		
Netto da pagare = €	470,84	Importo globale = €	470,84

UNIVERSITA DEL SALENTO
 DIPARTIMENTO DI SCIENZE GIURIDICHE
 Accertata la regolarità della fornitura si liquida la spesa
 per la somma di € 470,84
 su Tit. 1 Cat. 02 Cap. 12/001
 Buono di carico n° _____ del _____
 Lecce, 30/5/2018 IL COORDINATORE AMMINISTRATIVO
 Il Coordinatore Amministrativo
 (Paola Salambrino)
Paola Salambrino



**UNIVERSITÀ
DEL SALENTO**



**DIPARTIMENTO
DI SCIENZE GIURIDICHE**

Cod. 20

Mandato di Pagamento

N. **4221** del **20/06/2018** **Esercizio Finanziario** **2018**
Conto competenza

L'Istituto Cassiere		
BANCA POPOLARE PUGLIESE - Conto: T20990001100		
Nome e indirizzo del beneficiario		
DIRETTORE DIPARTIMENTO DI SCIENZE GIURIDICHE VIA MONTERONI - 73100 LECCE (LE)		
Modalità di Pagamento		
Sportello SOLOMBRINO PAOLA SLMPLA65L44E506Z 4-7-1965 Trattamento delle spese: Cod. A CARICO BENEFICIARIO;		
Causale del pagamento	Liquidazione	Importo
Reintegro fondo economale Fondo Economale Dip. Scienze Giuridiche Impegno n. 6471/2018 Reintegro fondo economale Fondo Economale Dip. Scienze Giuridiche Codice CUP: F87G18000000001 UPB: Cataldo.CINQUEMILLE2015 (PROGETTO "AIR-GUN" BANDO CINQUE PER MILLE - ANNO 2015) 10301001 (Acquisto di materiale di consumo)	6838	44,60
	Importo al lordo delle ritenute: (Euro quarantaquattro/60)	44,60
	Importo netto da pagare al beneficiario: (Euro quarantaquattro/60)	44,60

Importo lordo totale del mandato in Euro: € **44,60**

Euro **quarantaquattro/60**

Dettagli SIOPE

Codice	Descrizione	Importo
1030102001	Carta, cancelleria e stampati	44,60
Totale:		44,60

Il Responsabile Amministrativo

Il Direttore Generale

DIRETTORE
Prof.ssa *Maria Antonietta*

Trattamento bollo: ESENTE BOLLO



**UNIVERSITÀ
DEL SALENTO**



**DIPARTIMENTO
DI SCIENZE GIURIDICHE**

Mandato di Pagamento

N. **3234** del **16/05/2018** Esercizio Finanziario **2018**
Conto competenza

L'Istituto Cassiere		
BANCA POPOLARE PUGLIESE - Conto: T20990001100		
Nome e indirizzo del beneficiario		
GECOM s.r.l.s. C.F. 04827650757 - P.I. 04827650757 Via Basento 14 - 73047 MONTERONI DI LECCE (LE)		
Modalità di Pagamento		
Bonifico presso altre banche BANCA POPOLARE DI PUGLIA E BASILICATA - IBAN IT46G0538516000000000002649 Trattamento delle spese: Cod. A CARICO BENEFICIARIO;		
Causale del pagamento	Liquidazione	Importo
fattura n. 1 del 15/05/2018 - servizio catering per seminario del 07/05/2018 presso aula magna facoltà di Giurisprudenza Impegno n. 5102/2018 SERVIZIO CATERING PRESSO AULA MAGNA - FACOLTA' DI GIURISPRUDENZA - 7 MAGGIO 2018 Documento: FATTPA 1_18 del 15/05/2018 CIG Z6523687B0 Codice CUP: F87G18000000001 UPB: Cataldo.CINQUEMILLE2015 (PROGETTO "AIR-GUN" BANDO CINQUE PER MILLE - ANNO 2015) 10217001 (Convegni, conferenze ed altre iniziative) Split Payment su Liquidazione n.5686 - Incasso n. 3417 - Reversale n. 1897	5686	600,00
		-54,55
	Importo al lordo delle ritenute: (Euro seicento/00)	600,00
	Ritenute:	54,55
	Importo netto da pagare al beneficiario: (Euro cinquecentoquarantacinque/45)	545,45

Importo lordo totale del mandato in Euro: € **600,00**

Euro **seicento/00**

Dettagli SIOPE

Codice	Descrizione	Importo
1030202005	Organizzazione e partecipazione a manifestazioni e convegni	600,00
Totale:		600,00

Il Responsabile Amministrativo
Il Coordinatore Amministrativo
(Paola Salombrino)

Il Direttore Generale

Prof.ssa Marianna FRANCESCA

Trattamento bollo: ESENTE BOLLO



Reversale di Incasso

N. **1897** del **16/05/2018**

Esercizio Finanziario **2018**

Conto competenza

L'Istituto Cassiere

BANCA POPOLARE PUGLIESE

Conto infruttifero: T20990001100

Incasserà da:

Nome e indirizzo del versante		
GECOM s.r.l.s.		
C.F. 04827650757 - P.I. 04827650757		
Via Basento 14 - 73047 MONTERONI DI LECCE (LE)		
Causale dell'incasso	incasso	importo
Split Payment su pagamento eserc. 2018 n. 5686 Accertamento n. 3284/2018 Split Payment su pagamento eserc. 2018 n. 5686	3.417	54,55
UPB: Ateneo (Ateneo) Voce di bilancio: 71501009 (Recupero IVA split payment istituzionale) Split Payment (a carico percipiente) - mand. n. 3234		54,55
Importo da riscuotere dal versante:		€ 54,55

Importo totale della reversale in Euro: € **54,55**

Euro **cinquantaquattro/55**

Dettagli SIOPE

Codice	Descrizione	Importo
9010102001	Ritenute per scissione contabile IVA (split payment)	54,55
Totale:		54,55

Il Responsabile Amministrativo

2

Il Direttore Generale

Il Coordinatore Amministrativo
(Paola Solombrino)

Il Direttore
Prof.ssa *FRANCESCA*

Trattamento bollo: ESENTE BOLLO

Scritta. 3486

FATTURA ELETTRONICA

Versione FPA12

Dati relativi alla trasmissione

Identificativo del trasmittente: IT01879020517
Progressivo di invio: 0004445522
Formato Trasmissione: FPA12
Codice Amministrazione destinataria: 076V4E

Università del Salento
Dipartimento di Scienze Giuridiche
Fattura prot. n. SA
del 16/5/2018

Dati del cedente / prestatore

Dati anagrafici

Identificativo fiscale ai fini IVA: IT04827650757
Codice fiscale: 04827650757
Denominazione: GECOM S.R.L.S.
Regime fiscale: RF01 (ordinario)

Dati della sede

Indirizzo: VIA BASENTO 14
CAP: 73047
Comune: Monteroni di Lecce
Provincia: LE
Nazione: IT

Recapiti

Telefono: 0836312875
E-mail: MRCSEVVIZISNC@LIBERO.IT

UNIVERSITA' DEL SALENTO
DIPARTIMENTO DI SCIENZE GIURIDICHE

Accertata la regolarità della fornitura si liquida la spesa per la somma di € 602,00

su Tit. 1 Cat. 02 Cap. 13/001
Buono di carico n° 16/5/2018 del 16/5/2018
Lecco, 16/5/2018 IL COORDINATORE AMMINISTRATIVO

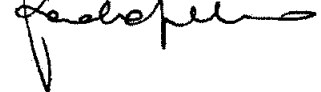
Dati del cessionario / committente

Dati anagrafici

Codice Fiscale: 80008870752
Denominazione: Università' del Salento - Dipartimento di scienze giuridiche

Il Coordinatore Amministrativo

(Paola Solombrino)



Dati della sede

Indirizzo: Via per Monteroni
CAP: 73100
Comune: Lecce
Provincia: LE
Nazione: IT

Ua N. 568 del 16/5/2018
Mandato N. 334 del 16/5/2018

Dati del terzo intermediario soggetto emittente

Dati anagrafici

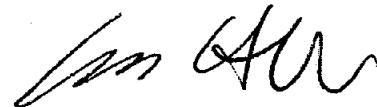
Identificativo fiscale ai fini IVA: IT01879020517
Denominazione: Aruba Pec S.p.A.

Soggetto emittente la fattura

Soggetto emittente: TZ (terzo)

Si attesta la regolare esecuzione della presente fornitura in conformità al
No. ordine n. 18 del 16/5/2018
Lecco, _____ Il Responsabile d'acquisto

Versione prodotta con foglio di stile Gaf www.fatturapa.gov.it



Dati generali del documento

Tipologia documento: TD01 (fattura)
Valuta importi: EUR
Data documento: 2018-05-15 (15 Maggio 2018)
Numero documento: FATTPA 1_18
Importo totale documento: 600.00

Dati dell'ordine di acquisto

Identificativo ordine di acquisto: 18
Codice Unitario Progetto (CUP): F87G18000000001
Codice Identificativo Gara (CIG): Z6523687B0

Dati relativi alle linee di dettaglio della fornitura

Nr. linea: 1

Codifica articolo

Tipo: Codice fornitore
Valore: PG
Descrizione bene/servizio: SERVIZIO CATERING PRESSO AULA MAGNA FACOLTA GIURISPRUDENZA
7 MAGGIO 2018
Quantità: 1.00000000
Unità di misura: NR
Valore unitario: 545.45000000
Valore totale: 545.45000000
IVA (%): 10.00

Dati di riepilogo per aliquota IVA e natura

Aliquota IVA (%): 10.00
Totale imponibile/importo: 545.45
Totale imposta: 54.55
Esigibilità IVA: S (scissione dei pagamenti)
Riferimento normativo: Scissione dei pagamenti art. 17 TER DPR 633/72 e successive modifiche

Dati relativi al pagamento

Condizioni di pagamento: TP02 (pagamento completo)

Dettaglio pagamento

Modalità: MP05 (bonifico)
Data scadenza pagamento: 2018-05-15 (15 Maggio 2018)
Importo: 545.45
Istituto finanziario: BANCA POPOLARE DI PUGLIA E BASILICATA
Codice IBAN: IT48G0538516000000000002849
Codice BIC: BPDMIT3BXXX
Codice pagamento: BB



**UNIVERSITÀ
DEL SALENTO**



**DIPARTIMENTO
DI SCIENZE GIURIDICHE**

Mandato di Pagamento

N.

3661

del

31/05/2018

Esercizio Finanziario

2018

Conto competenza

L'Istituto Cassiere		
BANCA POPOLARE PUGLIESE - Conto: T20990001100		
Nome e indirizzo del beneficiario		
Fiorentini Mario Data di nascita: 24/05/1954 C.F. FRNMRAS4E24E625L Via del Riposo, 5 - 57122 LIVORNO (LI)		
Modalità di Pagamento		
Bonifico presso altre banche UNICREDIT BANCA SPA - IBAN IT67R0200802230000400136006 Bonifico Trattamento delle spese: Cod.ESENTE; Natura del Pagamento: Esente; Causale Esenzione Spese: Esente;		
Causale del pagamento	Liquidazione	Importo
Rimborso spese Convegno Progetto 5XMille prof. Cataldo del 07/05 Impegno n. 5875/2018 Rimborso spese Convegno Progetto 5XMille prof. Cataldo del 07/05 Documento: Mis.18/000898 del 29/05/2018 Codice CUP: F87G18000000001 UPB: Cataldo.CINQUEXILLE2015 (PROGETTO "AIR-GUN" BANDO CINQUE PER MILLE - ANNO 2015) 10217001 (Convegni, conferenze ed altre iniziative)	6179	295,70
	Importo al lordo delle ritenute: (Euro duecentonovantacinque/70)	295,70
	Importo netto da pagare al beneficiario: (Euro duecentonovantacinque/70)	295,70

Importo lordo totale del mandato in Euro: € **295,70**

Euro **duecentonovantacinque/70**

Dettagli SIOPE

Codice	Descrizione	Importo
1030202002	Indennità di missione e di trasferta	295,70
Totale:		295,70

Il Responsabile Amministrativo

Il Coordinatore Amministrativo
(Paola Lombri)

Il Direttore Generale

DIRETTORE
Prof.ssa *Maddalena Franceschi*

Trattamento bollo: ESENTE BOLLO



Prospetto di calcolo della missione

Missioni a estranei

Esercizio	2018
Numero	898
data	29/05/2018

Ente Emittente	
Nome Ente	Università del Salento
Nome Dipartimento	

Incaricato						
Nome Beneficiario	Fiorentini Mario					
Posizione Giuridica	Matricola	Qualifica	Estraneo laureato / Assegnista di Ricerca	Classe stip.	0	Gruppo 0

Missione					
Descrizione	Rimborso spese Convegno Progetto 5XMillie prof. Cataldo del 07/05				
Data autorizzazione	24/04/2018	Data inizio	06/05/2018	Data fine	08/05/2018

Tappe missione

N. Giorni	N. Ore

Spese ed indennità supplementare

Spesa n.1 : biglietto Trieste - Bologna del 06/05
 Tipo di spesa Treno, spese per il biglietto Data e ora inizio 06/05/2018 00:00:00 Data e ora fine 08/05/2018 00:00:00
 Valuta:EUR Importo in valuta 33,00
 Tasso di Cambio 1,00000000
 Località Estera:

Importo spesa € 33,00

Spesa n.2 : biglietto Bologna - Lecce del 08/05
 Tipo di spesa Treno, spese per il biglietto Data e ora inizio 06/05/2018 00:00:00 Data e ora fine 08/05/2018 00:00:00
 Valuta:EUR Importo in valuta 59,90
 Tasso di Cambio 1,00000000
 Località Estera:

Importo spesa € 59,90

Spesa n.3 : biglietto Lecce - Bologna del 08/05
 Tipo di spesa Treno, spese per il biglietto Data e ora inizio 06/05/2018 00:00:00 Data e ora fine 08/05/2018 00:00:00
 Valuta:EUR Importo in valuta 59,90
 Tasso di Cambio 1,00000000
 Località Estera:

Importo spesa € 59,90

Spesa n.4 : biglietto Bologna - Trieste del 08/05
 Tipo di spesa Treno, spese per il biglietto Data e ora inizio 06/05/2018 00:00:00 Data e ora fine 08/05/2018 00:00:00
 Valuta:EUR Importo in valuta 19,90
 Tasso di Cambio 1,00000000
 Località Estera:

Importo spesa € 19,90

Spesa n.5 : n. 2 pernottamenti del 06/05 e 07/05
 Tipo di spesa Albergo, spese per pernottamento Data e ora inizio 06/05/2018 00:00:00 Data e ora fine 08/05/2018 00:00:00
 Valuta:EUR Importo in valuta 123,00
 Tasso di Cambio 1,00000000
 Località Estera:

Importo spesa € 123,00

Indennità chilometrica

Indennità Km a piedi	
Indennità Km mezzo proprio	
Indennità Km mezzo amministrazione	



Prospetto di calcolo della missione

Missioni a estranei

Esercizio	2018
Numero	898
data	29/05/2018

Ente Emittente	
Nome Ente	Università del Salento
Nome Dipartimento	

Incaricato							
Nome Beneficiario	Fiorentini Mario						
Posizione Giuridica	Matricola	Qualifica	Estraneo laureato / Assegnista di Ricerca	Classe stip.	0	Gruppo	0

Anticipo missione.

Totale Importo Anticipo	Totale Importo Anticipo Contabilizzato
-------------------------	--

Riepilogo dati contabili					
Coef. lord.	Ind. di trasferta	Spese delle tappe	Indennità chilometriche	Totale importo anticipo	Tot importo anticipo contabilizzato
1,00		€ 295,70		0,00	

Importo lordo missione
€ 295,70

Importo ritenute -	0,00	Importo contributi +	0,00
Anticipo contab. -	0,00		
Netto da pagare = €	295,70	Importo globale = €	295,70

UNIVERSITA DEL SALENTO
DIPARTIMENTO DI SCIENZE GIURIDICHE

Accertata la regolarità della fornitura, si liquida la spesa per la somma di € 295,70

su Tit. 1 Cat. 02 Cap. 14/001

Buono di carico n° del

Lecca, 31/5/2018 IL COORDINATORE AMMINISTRATIVO

Il Coordinatore Amministrativo
(Paola Solombrino)



UNIVERSITÀ
DEL SALENTO



DIPARTIMENTO
DI SCIENZE GIURIDICHE

Lunedì, 7 maggio 2018
ore 10.00

Dipartimento
di Scienze Giuridiche

Università del Salento

Aula Magna

Acque, infrastrutture e territorio fra storia, diritto e biologia. Ancora sul caso *air-gun*

Saluti istituzionali

Introduzione

Giorgio Cataldo,
Dottorando in Diritto dei beni privati, pubblici e comuni,
Università del Salento
Raffaele D'Alessio,
Diritto romano, Università del Salento

Interventi

Mario Fiorentini,
Diritto romano, Università degli Studi di Trieste
Stelio Mangiameli,
Diritto costituzionale, Università di Teramo - ISSIRFA
Giuseppe Notarbartolo di Sciara,
Tethys Research Institute

Conclusioni

Francesca Lamberti,
Diritto romano, Università del Salento
Vincenzo Tondi della Mura,
Diritto costituzionale, Università del Salento

Hanno assicurato la presenza rappresentanti dei
Comuni costieri, Capoluogo, Provincia e Regione

Convegno finanziato con il contributo dei fondi del Cinque per mille per la ricerca (anno 2015), assegnati dall'Università del Salento sulla base di una valutazione comparativa.

Comitato scientifico

Mario Esposito
Francesca Lamberti
Vincenzo Tondi della Mura
Michele Troisi

Organizzazione

Giorgio Cataldo
Raffaele D'Alessio

cataldo.gio@gmail.com
raffaele.dalessio@unisalento.it

Al Magnifico Rettore
Prof. Vincenzo Zara

E p.c. Al Capo Area Gestione Progetti e Fund Raising
Dott. Alessandra Quarta

A Dott. Anonio Bax
Area Gestione Progetti e Fund Raising

LORO SEDI

Oggetto: Progetto "5 per mille per la ricerca" Bando 2017: "I contratti payment-by-result per il finanziamento dei servizi di reinserimento sociale e lavorativo dei detenuti". Responsabile Scientifico Dott. Carlo Mignone – RELAZIONE SCIENTIFICA E RENDICONTAZIONE (exart. 4, 11 D.R. n. 453 del 07/08/2017).

Magnifico Rettore,

in qualità di responsabile scientifico del Progetto di ricerca in oggetto, risultato vincitore ad esito della procedura competitiva bandita con D.R. n. 453 del 07/08/2017 (Bando 2017 - 5 per mille per la ricerca anno 2015) e ammesso a finanziamento con D.R. n. 3 del 08/01/2018 per l'importo di Euro 21.900,00, in esecuzione degli adempimenti previsti dagli artt. 4 e 11 del suddetto bando, sottopongo la presente relazione scientifica accompagnata dalla rendicontazione delle spese effettivamente sostenute.

RELAZIONE SCIENTIFICA

In accordo con gli obiettivi del progetto, le attività del gruppo di ricerca si sono concentrate sullo studio di fattibilità, nell'ordinamento italiano, dei nuovi strumenti di finanziamento del *welfare*, con particolare riferimento ai contratti *payment-by-result* nel campo dei servizi di reinserimento sociale e lavorativo delle persone detenute. Le attività progettuali hanno seguito due strade parallele ma interconnesse: una di carattere teorico-ricostruttivo e una di carattere pratico applicativo, secondo lo spirito dell'Unità di ricerca Dipartimentale denominata *Social Innovation LAB* (SI-LAB), fondata presso il DSG dal Dott. Carlo Mignone e dalla Prof.ssa Manolita Francesca con il duplice intento di analizzare il ruolo del diritto nei processi di innovazione sociale e, al contempo, di intraprendere specifiche «azioni positive» che generano un impatto positivo sul territorio, secondo una logica di Terza missione universitaria.

Nella prima fase, il gruppo di ricerca, nel rispetto delle specifiche competenze disciplinari di ciascun componente, ha proceduto ad un'opera di ricognizione e selezione del più rilevante materiale bibliografico (di stampo giuridico, economico e sociologico) utile ai

fini dell'inquadramento degli strumenti di finanza a impatto sociale e dei nuovi modelli di organizzazione e gestione dei servizi sociali basati sul principio di sussidiarietà, anche alla luce delle novità introdotte dalla Legge di riforma del Terzo settore italiano (v. in allegato l'elenco dei libri acquistati). Al fine di perfezionare l'attività di documentazione e facilitare lo scambio scientifico con gli studiosi e i maggiori centri di ricerca attivi su questi temi, il responsabile scientifico ha preso parte al Convegno Nazionale della Società Italiana degli Studiosi del Diritto Civile, vertente proprio sui temi dei diritti personali e sociali, della famiglia e della sussidiarietà: 13° Convegno Nazionale SISIDIC - *Comunioni di vita e familiari tra libertà, sussidiarietà e inderogabilità*, che si è tenuto a Napoli presso il Grand Hotel Vesuvio dal 3 al 5 maggio 2018.

Parallelamente, il responsabile del gruppo di ricerca e la Dott.ssa Rossella Mastrototaro (componente del gruppo, esperta di diritto penitenziario) hanno incontrato il Direttore del Carcere di Lecce, Dott.ssa Rita Russo, per presentare il progetto e acquisire in via informale la disponibilità dell'amministrazione penitenziaria a collaborare alla realizzazione delle attività progettuali. A seguito di questo incontro, che ha avuto esito molto positivo, abbiamo proceduto a sottoporre all'amministrazione una richiesta formale volta ad acquisire in forma anonima i dati statistici relativi alla popolazione carceraria, ciò al fine di studiare i metodi di composizione di un potenziale campione di individui detenuti, destinatari delle attività di recupero, e gli appropriati modelli di analisi controfattuale che consentano di calcolare l'impatto sociale e finanziario dei programmi di reinserimento socio-lavorativo.

Le attività di ricerca sono culminate nell'organizzazione a Lecce di un Convegno di respiro nazionale, dal titolo "Finanza di impatto sociale, strumenti, interessi, scenari attuativi", al quale hanno partecipato, in qualità di relatori, oltre a tutti i componenti del gruppo di ricerca, alcuni tra i maggiori studiosi della materia – giuristi, economisti e sociologi – membri di prestigiosi atenei e centri di ricerca nazionali e interazionali (v. in allegato il programma del convegno).

Il Convegno si è svolto a Lecce, nella Sala Conferenze di Palazzo Turrisi Palumbo, nei giorni 17-18-19 maggio, con il patrocinio morale di Città di Lecce, Comune di Lizzanello, Confindustria Lecce, Nuvola Consorzio di Cooperative Sociali, e con il patrocinio dell'Ordine degli Avvocati e dell'Ordine degli Assistenti Sociali (CROAS PUGLIA) che hanno accreditato l'evento per la formazione professionale dei rispettivi iscritti.

La tre giorni di studio ha visto dibattere su questo tema autorevoli accademici del nostro Ateneo salentino, come Pier Luigi Portaluri, Vincenzo Tondi della Mura e Guglielmo Forges Davanzati, insieme a giuristi, economisti e sociologi provenienti da tutta Italia, tra i quali: Padre Nicola Riccardi dell'Ordine dei Frati Minori, sottosegretario del Dicastero della Santa Sede per il Servizio dello Sviluppo Umano Integrale – Human Development, istituito per volontà di Papa Francesco; Mario Dogliani (emerito di diritto costituzionale dell'Università di Torino), e Marco Musella, ordinario di economia politica all'Università di Napoli Federico II e direttore di IRIS Network, la rete che riunisce i maggiori Istituti di Ricerca sull'Impresa Sociale (<http://irisnetwork.it>).

La notizia del Convegno ha ricevuto ampio risalto sulla stampa locale e sulle emittenti televisive, come testimoniano i servizi realizzati dalle redazioni di TELENORBA e ANTENNA SUD:

<http://norbaonline.it/od.asp?i=49145&puntata=Padre-Riccardi:-Meno-speculazione-piu-sostenibilita&pr=SERVIZI>

https://www.youtube.com/watch?v=s0bNpTdkhoA&feature=player_embedded

Al fine di comunicare efficacemente i risultati della ricerca e renderli disponibili in modo stabile e duraturo, a beneficio di tutti i soggetti interessati (cittadini, studiosi, operatori del Terzo settore e istituzioni locali interessate a conoscere gli strumenti di finanza sostenibile per farne uso nei diversi ambiti del *welfare*), è stato anche ideato e realizzato un sito internet del SI-LAB del Dipartimento di Scienze Giuridiche, con una pagina dedicata agli sviluppi futuri del progetto e alla riproduzione audio-video delle singole sessioni del Convegno.

Il sito è accessibile alla pagina web: www.socialinnovationlab.it

Dei lavori del Convegno verranno altresì estratti gli atti, destinati al volume che sarà pubblicato, verosimilmente in ottobre, sulla Collana del Dipartimento di Scienze Giuridiche. Il libro compendierà i risultati scientifici conseguiti dal gruppo di ricerca, arricchiti e integrati con il contributo di tutti relatori.

RENDICONTAZIONE CONTABILE DELLE SPESE

Di seguito riporto il prospetto contabile delle spese effettivamente sostenute.

Piano delle spese effettivamente sostenute:

Voci di Spesa	Mandato di pagamento	Costi sostenuti
Spese per acquisto materiale bibliografico	Mandato di pagamento n° 3404 del 24/05/2018	Euro 932.60
Rimborso spese per missione del responsabile scientifico (Napoli, Convegno nazionale SISDIC, 3-5 maggio 2018)	Mandato di pagamento n° 3055 del 11/05/2018	Euro 583.60
Corrispettivo per attività di segreteria e di organizzazione e pubblicizzazione del Convegno "Finanza di impatto sociale. Strumenti, interessi, scenari attuativi" tenutosi a Lecce nei giorni 17-18-19 maggio 2018, come da affidamento ad Agenzia K80 s.r.l. in base a trattativa diretta n. 442397 del 21.03.2018	Mandato n° 3795 del 08/06/2018	Euro 4.270,00
Rimborso spese anticipate per nostro conto da Agenzia K80 s.r.l. per l'organizzazione del Convegno	Mandato n° 3795 del 08/06/2018	Euro 15.930,00

“Finanza di impatto sociale. Strumenti, interessi, scenari attuativi”, tenutosi a Lecce nei giorni 17-18-19 maggio 2018		
Spese per stampa manifesti formato 70x100 destinati ad affissione nei tribunali	Mandato di pagamento n° 4217 del 20/06/2018	Euro 75,00
Spese di cancelleria per stampa dispense e attestati di partecipazione	Mandato di pagamento n° 4227 del 20/06/2018	Euro 108,80
TOTALE		Euro 21.900,00

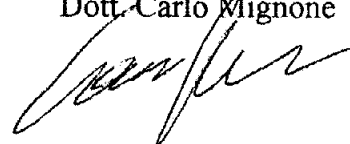
Allego:

- Partitario bilancio spesa UPB:Mignone.CINQUEXILLE2015
- Fattura di Adriatica editrice s.r.l. con dettaglio dei libri acquistati
- Fattura di Agenzia K80 s.r.l.
- Prospetto delle spese anticipate dal fornitore Agenzia K80 s.r.l.
- Prospetto di calcolo delle spese sostenute per missione-docente
- Mandato di pagamento n° 4217 del 20/06/2018
- Mandato di pagamento n° 4227 del 20/06/2018
- Mandato di pagamento n° 3055 del 11/05/2018
- Mandato di pagamento n° 3404 del 24/05/2018
- Mandato di pagamento n° 3795 del 08/06/2018
- Programma del Convegno del 17-18-19 maggio

L'occasione mi è gradita per porgere i migliori saluti.

Lecce, 21 giugno 2018

Il responsabile del progetto
Dott. Carlo Mignone





Spett.le

Università del Salento

Dipartimento di Scienze Giuridiche

Via Prov.le Lecce – Monteroni

Complesso Ecoteckne, Pal. R1

73100 Lecce (LE)

C.F. 80008870752

Oggetto: Convegno “I contratti payment by result per il finanziamento dei servizi di reinserimento sociale e lavorativo dei detenuti. Uno studio di fattibilità”. Rendicontazione.

Con la presente la scrivente società K80 S.R.L., aggiudicataria dell’ organizzazione del convegno svoltosi a Lecce presso Palazzo Turrisi dal pomeriggio del 17/05 alla mattina del 19/05 2018, come da trattativa diretta n. 442397 del 21/03/2018, rendiconta le spese complessive sostenute:

- per la pianificazione dei viaggi, acquisto biglietti aerei e ferroviari dei relatori **€ 1.900,00**
- per il soggiorno (inclusa tassa di soggiorno) con prima colazione degli stessi relatori presso le strutture
 - Palazzo Sant Anna
 - Le Bifore
 - Suite Palace Castromediano
 - The Apartment
 - Nonna Jole**€ 1.123,00**
- per il servizio catering presso Palazzo Turrisi, riservato a relatori e convegnisti, (gestito da Alvino Catering) composto da
 - n. 2 coffee break
 - n. 2 tea break
 - n. 1 light lunch**€ 2.211,00**

K80 s.r.l.

Piazza Mazzini, 42 | 73100 Lecce - Italy | t/f +39 0832 452257 | PI/CF 04220010757
www.k80.it | info@k80.it

- per n. 2 cene sociali presso ristorante *Semiserio* nelle serate del 17 e 18 Maggio **€ 1.320,00**
- per n.3 aperitivi per relatori **€ 307,00**
- per allestimento della sede del Convegno con
 - service audio/ video
 - servizio di video registrazione ed editing di tutti i lavori congressuali in modalità multi-cam
 - n.3 desk per registrazione/accredito dei partecipanti, consegna kit
 - n.1 podio relatore
 - n.40 sedie
 - addobbo floreale situato all' interno del Palazzo **€ 6.000,00**
- per servizio coordinamento, hostess, accoglienza e accompagnamento dei relatori all' interno della sala dedicata, spese varie di cancelleria **€ 850,00**
- per stampa di
 - manifesti, locandine, programmi, inviti
 - arredi da sala (pannelli, totem e roll up)
 - schede di iscrizione, attestati e cavalieri
 - kit convegno (cartelline, block notes e badge) **€ 1.138,00**
- per servizio di pulizia degli ambienti dedicati al convegno **€ 200,00**
- per servizio di divulgazione di comunicati stampa su testate, reti televisive e siti web **€ 200,00**
- per ideazione sito web **€ 681,00**

I costi su indicati si intendono IVA compresa. Tutta la documentazione contabile è a disposizione e potrà essere esibita su vs richiesta.

TOT: € 15.930,00 IVA INCL

L'«età dell'oro» del welfare è ormai un ricordo. Tutti i diritti sociali «costano», ossia presuppongono organizzazioni e strutture che dipendono da investimenti selettivi di risorse scarse. Ed ancora, tutti i diritti «costano», nel senso che qualunque scelta sul «contenuto minimo» non può mai consumarsi al prezzo di escludere gli «ultimi», i soggetti vulnerabili, dal godimento dei diritti fondamentali. Alla fine della fiera, chi ha diritto e a cosa? E soprattutto, da dove ripartire per assicurare una rinnovata base materiale alla Società del benessere?

E' tempo di ripensare il problema dell'effettività dei diritti sociali sotto la lente della sostenibilità. A partire da quelle dinamiche generative di valore – ad un tempo umano e finanziario – che stanno emergendo in una poco esplorata 'terra di mezzo' tra lucro e idealità, scambio e condivisione, pubblico e privato, solidarietà e mercato.

Le politiche europee per una crescita sostenibile e inclusiva assegnano al Terzo settore un ruolo cruciale nella rigenerazione del benessere. Adesso tocca all'interprete offrire il suo contributo allo sviluppo di un «ecosistema normativo» che sia in grado di valorizzare le nuove frontiere dell'investimento a impatto sociale, recependo gli aspetti più innovativi delle esperienze straniere senza smarrire le nostre radici giuridiche e culturali.



25 novembre 2018 [UOP - Ufficio fund raising e valorizzazione della ricerca - Classif. III/13]

SOCIAL INNOVATION LAB

DIPARTIMENTO DI SCIENZE GIURIDICHE

UNIVERSITÀ DEL SALENTO

Agenzia regionale per la tecnologia e l'innovazione

Ministero dell'Università e della Ricerca

REGIONE PUGLIA

UNIONE EUROPEA

Fondo di Sviluppo e Coesione 2007-2013 – APO Ricerca Regione Puglia "Programma regionale a sostegno della specializzazione intelligente e della sostenibilità sociale ed ambientale - FutureInResearch".



FINANZA DI IMPATTO SOCIALE

STRUMENTI - INTERESSI - SCENARI ATTUATIVI

LECCE 17-18-19 MAGGIO 2018 • PALAZZO TURRISI



Città di Lecce



Città di Lizzano



CONFINDUSTRIA LECCE



Ordine Assistenti Sociali



GIOVEDÌ 17 MAGGIO

ORE 15.00

Registrazioni

ORE 15.30

Inizio dei lavori e saluti

SESSIONE I

LA SOCIETÀ DEL BENESSERE AL TEMPO DELLA CRISI. EFFETTIVITÀ DEI DIRITTI SOCIALI E FORME DELLA SUSSIDIARIETÀ.

PRESIEDE: M. Dogliani (Università di Torino)

L.R. Perfetti (Università di Bari Aldo Moro) - *Crisi del Welfare pubblico ed effettività dei diritti sociali dall'amministrazione alla giurisdizione*

E. Caterini (Università della Calabria) - *Status personae, status civitatis e minimo vitale quale misura di inclusione sociale nell'ordinamento italo-europeo*

V. Tondi della Mura (Università del Salento) - *Persona vulnerabile e declinazioni della sussidiarietà nel codice del Terzo settore*

P.L. Portaluri (Università del Salento) - *Solidarietà e sussidiarietà: dovere o anche diritto?*

G. Carapezza Figlia (Università di Roma LUMSA) - *Regolazione partecipativa e autonomia negoziale nei servizi pubblici locali*

VENERDÌ 18 MAGGIO

ORE 9.30

SESSIONE II

ATTIVITÀ ECONOMICA, IMPATTO SOCIALE E MONETIZZAZIONE DEL BENESSERE.

PRESIEDE: M. Musella (Università di Napoli Federico II, Direttore IRIS Network)

G. Forges Davanzati (Università del Salento) - *Diseguaglianze distributive, debito pubblico e coesione sociale*

P. N. Riccardi O.F.M. (Sotto-Segretario Dicastero della Curia Romana per il Servizio dello Sviluppo Umano Integrale) - *Sviluppo economico e ricadute sociali: paradigmi di sviluppo oltre la sola crescita*

A. Salento (Università del Salento) - *Finanziarizzazione dell'economia e «disconnessione» dell'impresa. Il ruolo dell'economia fondamentale nelle aree interne*

M. D'Ambrosio (Università di Salerno) - *Scopo ideale e lucratività alla luce della riforma del Terzo settore*

D. Caselli (Università di Torino) - *La finanza per il welfare: promesse, contraddizioni, sogni proibiti*

A. Denuzzo (Università del Salento) - *Patrimonio culturale e ambientale: materialità, relazionalità e valorizzazione*

ORE 15.30

SESSIONE III
INCLUSIONE FINANZIARIA E STRUMENTI DI IMPACT INVESTMENT: ETICA, TECNICA E RISCHIO.

PRESIEDE: M. Francesca (Università del Salento)

A. Lepore (Università della Campania Vanvitelli) - *Destinazioni a scopo benefico e per pubblici interessi: il «trust» Onlus*

A. Fachechi (Università della Campania Vanvitelli) - *Microcredito e piattaforme di peer-to-peer lending*

A. Blandini (Università di Napoli Federico II) - *Equity crowd-funding per le imprese sociali*

F. Quarta (Università Alma Mater Studiorum Bologna) - *Gestione in forma cooperativa di servizi pubblici: il finanziamento alla prova delle nuove tecnologie*

A. Quarta (Università di Torino) - *Il diritto privato nell'era della sharing economy*

SABATO 19 MAGGIO

ORE 9.30

SESSIONE IV
INNOVAZIONE SOCIALE, CONTRATTO E FUNZIONE PUBBLICA. I MODELLI PAYMENT-BY-RESULT NEL SISTEMA ITALIANO.

PRESIEDE: N. Grasso (Università del Salento)

C. Mignone (Università del Salento) - *Una "via italiana" ai social impact bond?*

F. Rucco (Università del Salento) - *La misurazione di impatto sociale nei modelli PbR. Scelta degli indicatori e limiti del metodo controfattuale*

R. Mastroiuto (Università del Salento) - *Crisi del welfare e ineffettività della funzione rieducativa: il rilancio del lavoro penitenziario*

M. Pettrachi (Università del Salento) - *Nuove frontiere del partenariato pubblico-privato*

R. Barone (Università del Salento) - *Impact investing e ruolo della pubblica amministrazione: rischi e opportunità*

C. Napolitano (Università del Salento) - *Social impact bond: atipicità del modello e codice dei contratti pubblici*

La partecipazione ai lavori è gratuita e fa conseguire 4 crediti formativi per ciascuna sessione per l'Ordine degli Avvocati. Evento accreditato dall'Ordine degli Assistenti Sociali per l'attribuzione di 14 crediti formativi.

Convegno finanziato con i fondi derivanti dal 5x1000 per la ricerca (anno 2015), assegnati sulla base di una selezione di progetti bandita dall'Università del Salento.

Responsabili scientifici:

Prof. Manolita Francesca, Prof. Carlo Mignone.

Per informazioni di segreteria e iscrizioni visita il sito:
www.socialinnovationlab.it

oppure scrivi a:

iscrizioni@socialinnovationlab.it





Partitario Bilancio Spesa

Esercizio 2018
Data 20/06/2018

Ente

Nome Ente

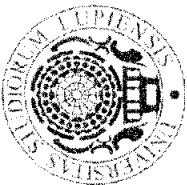
Nome Dipartimento

Università del Salento

**UPB :Mignone.CINQUEMILLE2015 - PROGETTO BANDO CINQUE PER MILLE - ANNO 2015 "I CONTRATTI PAYMENT BY RESULT"
Bilancio:10210004 Missioni e rimborsi spese di trasferta**

	Residuo	Previsione iniziale: Variazioni di previsione: Previsione assestata: Impegni: Pagamenti: Disponibilità ad impegnare: Impegnato da pagare: Disponibilità a pagare: Ass. e Dot. Crediti	Competenza
Consistenza iniziale: Variazioni alla consistenza: Consistenza riaccertata: Pagamenti: Residui da pagare:			583,60 583,60 583,60 583,60

Vincolo										
Data	Numero	Descrizione	Importo	Disponibilità	Data	Numero	Descrizione	Importo	Mandato	C/R
11/05/2018	2018/5.948	Rimborso spese missione a NApoli per Convegno SISEDIC - Progetto 5XMille /Importo Originale : 583,60 MIGNONE CARLO	583,60	0,00	11/05/2018	2018/5.511	Rimborso spese missione a NApoli per Convegno SISEDIC - Progetto 5XMille Mandato di pagamento n. 3055. Data Emissione 11/05/2018; Data Stampa 11/05/2018; Data Trasmissione 17/05/2018; Data Esitazione 22/05/2018;	583,60	3.055	C



Partitario Bilancio Spesa

Esercizio 2018
Data 20/06/2018

Ente

Nome Ente
Nome Dipartimento

Università del Salento

**UPB :Mignone.CINQUEMILLE2015 - PROGETTO BANDO CINQUE PER MILLE - ANNO 2015 "I CONTRATTI PAYMENT BY RESULT"
Bilancio:10217001 Convegni, conferenze ed altre iniziative**

Consistenza iniziale: Variazioni alla consistenza: Consistenza riaccertata: Pagamenti: Residui da pagare:	Residuo	Previsione iniziale: Variazioni di previsione: Previsione assestata: Impegni: Pagamenti: Disponibilità ad impegnare: Impegnato da pagare: Disponibilità a pagare: Ass. e Dot. Crediti	Competenza
		20.275,00 20.275,00 20.275,00 20.275,00	

Vincolo										
Data	Numero	Descrizione	Importo	Disponibilità	Data	Numero	Descrizione	Importo	Mandato	C/R
08/06/2018	2018/6.715	organizzazione evento "I contratti payment by result ..." responsabile scientifico Dott. Carlo Mignone - 17 al 19 maggio 2018 Importo Originale : 20.200,00 K80 SRL	20.200,00	0,00						
					08/06/2018	2018/6.339	organizzazione evento "I contratti payment by result ..." responsabile scientifico Dott. Carlo Mignone - 17 al 19 maggio 2018 Mandato di pagamento n. 3795, Data Emissione 08/06/2018; Data Stampa 08/06/2018;	20.200,00	3.795	C



Partitario Bilancio Spesa

Esercizio 2018
Data 20/06/2018

Ente

Nome Ente

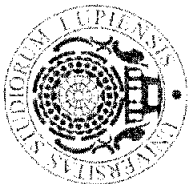
Nome Dipartimento

Università del Salento

UPB :Mignone.CINQUEMILLE2015 - PROGETTO BANDO CINQUE PER MILLE - ANNO 2015 "I CONTRATTI PAYMENT BY RESULT"

Bilancio:10217001 Convegni, conferenze ed altre iniziative

Vincolo						Liquidazione				
Data	Numero	Descrizione	Importo	Disponibilità	Data	Numero	Descrizione	Importo	Mandato	C/R
20/06/2018	2018/7.153	Reintegro fondo economale Fondo Economale Dip. Scienze Giuridiche <i>Importo Originale : 75,00</i> DIRETTORE DIPARTIMENTO DI SCIENZE GIURIDICHE	75,00	0,00	20/06/2018	2018/6.834	Reintegro fondo economale Fondo Economale Dip. Scienze Giuridiche Mandato di pagamento n. 4217. Data Emissione 20/06/2018; Data Stampa 20/06/2018;	75,00	4.217	C



Partitario Bilancio Spesa

Esercizio 2018
Data 20/06/2018

Ente

Nome Ente

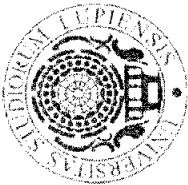
Nome Dipartimento

Università del Salento

**UPB :Mignone.CINQUEMILLE2015 - PROGETTO BANDO CINQUE PER MILLE - ANNO 2015 "I CONTRATTI PAYMENT BY RESULT"
Bilancio:10301001 Acquisto di materiale di consumo**

	Residuo	Previsione iniziale: Variazioni di previsione: Previsione assestata: Impegni: Pagamenti: Disponibilità ad impegnare: Impegnato da pagare: Disponibilità a pagare: Ass. e Dot. Crediti	Competenza	
Consistenza iniziale: Variazioni alla consistenza: Consistenza riaccertata: Pagamenti: Residui da pagare:			108,80 108,80 108,80 108,80	

Vincolo					Liquidazione				
Data	Numero	Descrizione	Importo	Disponibilità	Data	Numero	Descrizione	Importo	Mandato C/R
20/06/2018	2018/7.163	Reintegro fondo economale Fondo Economale Dip. Scienze Giuridiche /importo Originale : 108,80 DIRETTORE DIPARTIMENTO DI SCIENZE GIURIDICHE	108,80	0,00					C
					20/06/2018	2018/6.844	Reintegro fondo economale Fondo Economale Dip. Scienze Giuridiche Mandato di pagamento n. 4227 Data Emissione 20/06/2018; Data Stampa 20/06/2018;	108,80	4.227



Partitario Bilancio Spesa

Esercizio 2018
Data 20/06/2018

Ente

Nome Ente

Nome Dipartimento

Università del Salento

UPB :Mignone.CINQUEMILLE2015 - PROGETTO BANDO CINQUE PER MILLE - ANNO 2015 "I CONTRATTI PAYMENT BY RESULT"
Bilancio:10301008 Acquisto Libri, Riviste e Banche Dati

	Residuo	Previsione iniziale: Variazioni di previsione: Previsione assestata: Impegni: Pagamenti: Disponibilità ad impegnare: Impegnato da pagare: Disponibilità a pagare: Ass. e Dot. Crediti	Competenza	
Consistenza iniziale: Variazioni alla consistenza: Consistenza riaccertata: Pagamenti: Residui da pagare:			932,60 932,60 932,60 932,60	

Vincolo						Liquidazione				
Data	Numero	Descrizione	Importo	Disponibilità	Data	Numero	Descrizione	Importo	Mandato	C/R
24/05/2018	2018/6.322	acquisto materiale bibliografico - Prog.5x1000 - Dott.C.Mignone Importo Originale : 953,60	953,60	0,00						
14/06/2018	Var. 1	Minore spesa ADRIATICA EDITRICE SALENTINA S.R.L.	-21,00							
					24/05/2018	2018/5.889	PROG. 5X1000 - DOTT. MIGNONE Mandato di pagamento n. 3404. Data Emissione 24/05/2018; Data Stampa 24/05/2018; Data Trasmissione 06/06/2018; Data Esitazione 08/06/2018;	932,60	3.404	C



Mandato di Pagamento

N. **4217** del **20/06/2018** Esercizio Finanziario **2018**
 Conto competenza

L'Istituto Cassiere		
BANCA POPOLARE PUGLIESE - Conto: T20990001100		
Nome e indirizzo del beneficiario		
DIRETTORE DIPARTIMENTO DI SCIENZE GIURIDICHE VIA MONTERONI - 73100 LECCE (LE)		
Modalità di Pagamento		
Sportello SOLOMBRINO PAOLA SLMPLA85L44E506Z 4-7-1965 Trattamento delle spese: Cod. A CARICO BENEFICIARIO;		
Causale del pagamento	Liquidazione	Importo
Reintegro fondo economale Fondo Economale Dip. Scienze Giuridiche Impegno n. 6467/2018 Reintegro fondo economale Fondo Economale Dip. Scienze Giuridiche Codice CUP: F87G18000000001 UPB: Mignone.CINQUEMILLE2015 (PROGETTO BANDO CINQUE PER MILLE - ANNO 2015 "I CONTRATTI PAYMENT BY RESULT") 10217001 (Convegni, conferenze ed altre iniziative)	6834	75,00
	Importo al lordo delle ritenute: (Euro settantacinque/00)	75,00
	Importo netto da pagare al beneficiario: (Euro settantacinque/00)	75,00

Importo lordo totale del mandato in Euro: € **75,00**

Euro **settantacinque/00**

Dettagli SIOPE

Codice	Descrizione	Importo
1030202005	Organizzazione e partecipazione a manifestazioni e convegni	75,00
Totale:		75,00

Il Responsabile Amministrativo

Il Direttore Generale

DIRETTORE

Prof.ssa Manolita Francesca

Trattamento bollo: ESENTE BOLLO


**UNIVERSITÀ
DEL SALENTO**
**DIPARTIMENTO
DI SCIENZE GIURIDICHE**
Mandato di Pagamento

 N. **3055** del **11/05/2018** **Esercizio Finanziario** **2018**
Conto competenza

L'Istituto Cassiere

BANCA POPOLARE PUGLIESE - Conto: T20990001100

Nome e Indirizzo del beneficiario
MIGNONE CARLO

Data di nascita 09/02/1982

C.F. MGNCRLE82B09B506G

Via Don Morosini, 10 - 73012 CAMPI SALENTINA campi salentina (LE)

Modalità di Pagamento

Bonifico presso altre banche

UNICREDIT BANCA SPA CAMPI SALENTINA

IBAN IT40H0200879481000003529728

BONIFICO PRESSO ALTRE BANCHE

Trattamento delle spese: Cod. ESENTE; Natura del Pagamento: Esente; Causale Esenzione Spese: Esente;

Causale del pagamento	Liquidazione	Importo
Rimborso spese missione a Napoli per Convegno SISDIC - Progetto 5XMille Impegno n. 5305/2018 Rimborso spese missione a Napoli per Convegno SISDIC - Progetto 5XMille Documento: Mis. 18/000687 del 08/05/2018 Codice CUP: F87G18000000001 UPB: Mignone.CINQUEMILLE2015 (PROGETTO BANDO CINQUE PER MILLE - ANNO 2015 "I CONTRATTI PAYMENT BY RESULT") 10210004 (Missioni e rimborsi spese di trasferta)	5511	583,60
	Importo al lordo delle ritenute: (Euro cinquecentoottantatré/60)	583,60
	Importo netto da pagare al beneficiario: (Euro cinquecentoottantatré/60)	583,60

 Importo lordo totale del mandato in Euro: € **583,60**

 Euro **cinquecentoottantatré/60**
Dettagli SIOPE

Codice	Descrizione	Importo
1030202001	Rimborso per viaggio e trasloco	583,60
Totale:		583,60

Il Responsabile Amministrativo

 Il Coordinatore Amministrativo
 (Paola Solambrino)

Il Direttore Generale

DIRETTORE
 Prof.ssa *Manolita Francesca*

Trattamento bollo: ESENTE BOLLO



Prospetto di calcolo della missione

Missione dipendenti

Esercizio	2018
Numero	687
data	08/05/2018

Ente Emittente

Nome Ente	Università del Salento
Nome Dipartimento	

Incaricato

Nome Beneficiario	MIGNONE CARLO							
Posizione Giuridica	Matricola		Qualifica	Estraneo laureato / Assegnista di Ricerca	Classe stip.	0	Gruppo	0

Missione

Descrizione	Rimborso spese missione a NAPoli per Convegno SISDIC - Progetto 5XMille						
Data autorizzazione	13/04/2018	Data inizio	03/05/2018	Data fine	05/05/2018		

Tappe missione

	N. Giorni	N. Ore

Spese ed Indennità supplementare

Spesa n.1 : Quota iscrizione Convegno	
Tipo di spesa	QUOTA ASSOCIATIVA
Data e ora inizio 03/05/2018 00:00:00 Data e ora fine 05/05/2018 00:00:00	
Valuta:EUR	Importo in valuta 250,00
Tasso di Cambio 1,00000000	
Località Estera:	

Importo spesa € 250,00 ✓

Spesa n.2 : biglietto Lecce - Napoli del 03/05	
Tipo di spesa	Autobus, spese per il biglietto
Data e ora inizio 03/05/2018 00:00:00 Data e ora fine 05/05/2018 00:00:00	
Valuta:EUR	Importo in valuta 15,00
Tasso di Cambio 1,00000000	
Località Estera:	

Importo spesa € 15,00 ✓

Spesa n.3 : biglietto Napoli - Lecce del 05/05	
Tipo di spesa	Autobus, spese per il biglietto
Data e ora inizio 03/05/2018 00:00:00 Data e ora fine 05/05/2018 00:00:00	
Valuta:EUR	Importo in valuta 19,90
Tasso di Cambio 1,00000000	
Località Estera:	

Importo spesa € 19,90 ✓

Spesa n.4 : n. 2 pernottamenti dal 03/05 al 05/05	
Tipo di spesa	Albergo, spese per pernottamento
Data e ora inizio 03/05/2018 00:00:00 Data e ora fine 05/05/2018 00:00:00	
Valuta:EUR	Importo in valuta 208,00
Tasso di Cambio 1,00000000	
Località Estera:	

Importo spesa € 208,00 ✓

Spesa n.5 : pasti del 03/05	
Tipo di spesa	Pasti, spese per
Data e ora inizio 03/05/2018 00:00:00 Data e ora fine 05/05/2018 00:00:00	
Valuta:EUR	Importo in valuta 45,50
Tasso di Cambio 1,00000000	
Località Estera:	

Importo spesa € 45,50 ✓



Prospetto di calcolo della missione

Missione dipendenti

Esercizio	2018
Numero	687
data	08/05/2018

Ente Emittente

Nome Ente	Università del Salento
Nome Dipartimento	

Incaricato

Nome Beneficiario	MIGNONE CARLO					
Posizione Giuridica	Matricola	Qualifica	Estraneo laureato / Assegnista di Ricerca	Classe stip.	0 Gruppo	0

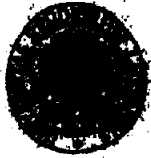
epilogo dati contabili

Coef. lord.	Ind. di trasferta	Spese delle tappe	Indennità chilometriche	Totale importo anticipo	Tot importo anticipo contabilizzato
1,26		€ 583,60		0,00	

Importo lordo missione
€ 583,60

Importo ritenute -	0,00	Importo contributi +	0,00
Anticipo contab. -	0,00		
Netto da pagare = €	583,60	Importo globale = €	583,60

UNIVERSITA' DEL SALENTO
 DIPARTIMENTO DI SCIENZE GIURIDICHE
 Accertata la regolarità della fornitura si liquida la spesa
 per la somma di € 583,60
 su Tit. 1 Cat. 02 Cap. 10 (004)
 Buono di carico n° _____ del _____
 Lecce, 10/5/2018 IL COORDINATORE AMMINISTRATIVO
 Il Coordinatore Amministrativo
 (Paola Solombrino)
Paola Solombrino


**UNIVERSITÀ
DEL SALENTO**

**DIPARTIMENTO
DI SCIENZE GIURIDICHE**
Mandato di Pagamento

N. **3404** del **24/05/2018** Esercizio Finanziario **2018**
 Conto competenza

L'Istituto Cassiere		
BANCA POPOLARE PUGLIESE - Conto: T20990001100		
Nome e indirizzo del beneficiario		
ADRIATICA EDITRICE SALENTINA S.R.L. C.F. 00350480729 - P.I. 02492750753 Piazza Arco di Trionfo, 7/7A - 73100 LECCE (LE)		
Modalità di Pagamento		
Bonifico presso altre banche UNIONE DI BANCHE ITALIANE S.C.P.A. Filiale LECCE IBAN IT54G0311116000000000003169 Trattamento delle spese: Cod. A CARICO BENEFICIARIO;		
Causale del pagamento	Liquidazione	Importo
PROG. 5X1000 - DOTT. MIGNONE Impegno n. 5636/2018 acquisto materiale bibliografico - Prog. 5x1000 - Dott. C. Mignone Documento: 24 del 11/05/2018 CIG Z9B22E1695 Codice CUP: F87G18000000001 UPB: Mignone.CINQUEMILLE2015 (PROGETTO BANDO CINQUE PER MILLE - ANNO 2015 "I CONTRATTI PAYMENT BY RESULT") 10301008 (Acquisto Libri, Riviste e Banche Dati)	5889	932,60
Importo al lordo delle ritenute: (Euro novecentotrentadue/60)		932,60
Importo netto da pagare al beneficiario: (Euro novecentotrentadue/60)		932,60

 Importo lordo totale del mandato in Euro: € **932,60**

 Euro **novecentotrentadue/60**
Dettagli SIOPE

Codice	Descrizione	Importo
1030101001	Giornali e riviste	932,60
Totale:		932,60

Il Responsabile Amministrativo

 Il Direttore Generale
Prof.ssa Mariella FRANCESCA

Trattamento bollo: ESENTE BOLLO

FATTURA ELETTRONICA

Versione FPA12

Dati relativi alla trasmissione

Identificativo del trasmittente: ITMZZDNL57P66E506S
 Progressivo di invio: 118
 Formato Trasmissione: FPA12
 Codice Amministrazione destinataria: 076V4E

Università del Salento
 Dipartimento di Scienze Giuridiche
 Fattura prof. n. 40
 del 15/5/2018

Dati del cedente / prestatore

Dati anagrafici

Identificativo fiscale ai fini IVA: IT02492750753
 Codice fiscale: 00350480729
 Denominazione: ADRIATICA EDITRICE SALENTINA S.R.L.
 Regime fiscale: RF01 (ordinario)

Dati della sede

Indirizzo: piazza vittorio aymone
 Numero civico: 7
 CAP: 73100
 Comune: lecce
 Provincia: LE
 Nazione: IT

UNIVERSITA' DEL SALENTO
 DIPARTIMENTO DI SCIENZE GIURIDICHE
 Accertata la regolarità della fornitura si liquida la spesa per la somma di € 932,60
 su Tit. 1 Cat. 03 Cap. 01/003
 Buono di carico n° 10 del 22/5/2018
 Lecce, 24/5/2018 Il COORDINATORE AMMINISTRATIVO
 Il Coordinatore Amministrativo
 (Paola Solombrino)
Paola Solombrino

Recapiti

E-mail: studiocarla@libero.it

Dati del cessionario / committente

Dati anagrafici

Codice Fiscale: 80008870752
 Denominazione: DIPARTIMENTO DI SCIENZE GIURIDICHE - TIPO ORD. GEN. - UNIVERSITA' DEL SALENTO

Dati della sede

Indirizzo: VIA PROV.LE LECCE MONTERONI COMPLESSO ECOTEKNE PAL. R1
 CAP: 73100
 Comune: LECCE
 Provincia: LE
 Nazione: IT

Liq. N. 5889 del 24/5/18
 Mandato N. 3401 del 24/5/18

Versione prodotta con foglio di stile Sdi www.fatturapa.gov.it

Dati generali del documento

Tipologia documento: TD01 (fattura)
 Valuta importi: EUR
 Data documento: 2018-05-11 (11 Maggio 2018)
 Numero documento: 24
 Importo totale documento: 932.60

Versione FPA12
 Si attesta la regolare esecuzione della presente fornitura in conformità al Ns. ordine n. 9 del 26/3/18
 Lecce, 15/5/2018 Il Responsabile d'acquisto
[Firma]

Dati dell'ordine di acquisto

Identificativo ordine di acquisto: 24
 Data ordine di acquisto: 2018-05-11 (11 Maggio 2018)
 Codice commessa/convenzione: B.O N. 9 DEL 26/03/2018
 Codice Unitario Progetto (CUP): F87G18000000001
 Codice Identificativo Gara (CIG): Z9B22E1695

Dati relativi alle linee di dettaglio della fornitura**Nr. linea: 1**

Descrizione bene/servizio: ROB PATON - SOCIAL FINANCE
 Quantità: 1.00
 Valore unitario: 40.00
 Valore totale: 40.00
 IVA (%): 0.00
 Natura operazione: N2 (non soggetta)

Nr. linea: 2

Descrizione bene/servizio: LESTER SALAMON - LEVERAGE FOR GOOD
 Quantità: 1.00
 Valore unitario: 25.00
 Valore totale: 25.00
 IVA (%): 0.00
 Natura operazione: N2 (non soggetta)

Nr. linea: 3

Descrizione bene/servizio: GIGLIOTTI - AMMINISTRAZIONI PUBBLICHE E FORME PRIVATISTICHE
 Quantità: 1.00
 Valore unitario: 34.00
 Valore totale: 34.00
 IVA (%): 0.00
 Natura operazione: N2 (non soggetta)

Nr. linea: 4

Descrizione bene/servizio: PERLINGIERI - FONTI METODO E INTERPRETAZIONE
 Quantità: 1.00
 Valore unitario: 54.00
 Valore totale: 54.00
 IVA (%): 0.00
 Natura operazione: N2 (non soggetta)

Nr. linea: 5

Descrizione bene/servizio: CEOLIN - SCOPO NON LUCRATIVO E STRUTTURA DEGLI ENTI
 Quantità: 1.00
 Valore unitario: 27.00
 Valore totale: 27.00
 IVA (%): 0.00
 Natura operazione: N2 (non soggetta)

Nr. linea: 6

Descrizione bene/servizio: AA.VV. BENESSERE E REGOLE DEI RAPPORTI CIVILI
 Quantità: 1.00
 Valore unitario: 76.00
 Valore totale: 76.00
 IVA (%): 0.00
 Natura operazione: N2 (non soggetta)

Nr. linea: 7

Descrizione bene/servizio: CARAPEZZA FIGLIA - DIVIETO DI DISCRIMINAZIONE E AUTONOMIA CONTRATTUALE
 Quantità: 1.00
 Valore unitario: 33.00
 Valore totale: 33.00
 IVA (%): 0.00
 Natura operazione: N2 (non soggetta)

Nr. linea: 8

Descrizione bene/servizio: COSTA PIZZOLATO - IL LATO OSCURO DELLA SUSSIDIARIETA'

Quantità: 1.00
Valore unitario: 22.00
Valore totale: 22.00
IVA (%): 0.00
Natura operazione: N2 (non soggetta)

Nr. linea: 9

Descrizione bene/servizio: BERLINGO' - BENI RELAZIONALI
Quantità: 1.00
Valore unitario: 29.00
Valore totale: 29.00
IVA (%): 0.00
Natura operazione: N2 (non soggetta)

Nr. linea: 10

Descrizione bene/servizio: NUZZO- IL PRINCIPIO DI SUSSIDIARIETA' NEL DIRITTO PRIVATO I
Quantità: 1.00
Valore unitario: 70.00
Valore totale: 70.00
IVA (%): 0.00
Natura operazione: N2 (non soggetta)

Nr. linea: 11

Descrizione bene/servizio: NUZZO- IL PRINCIPIO DI SUSSIDIARIETA' NEL DIRITTO PRIVATO II
Quantità: 1.00
Valore unitario: 65.00
Valore totale: 65.00
IVA (%): 0.00
Natura operazione: N2 (non soggetta)

Nr. linea: 12

Descrizione bene/servizio: DI GIOVANNI - IL CONTRATTO DI PARTENARIATO PUBBLICO PRIVATO
Quantità: 1.00
Valore unitario: 27.00
Valore totale: 27.00
IVA (%): 0.00
Natura operazione: N2 (non soggetta)

Nr. linea: 13

Descrizione bene/servizio: MUSELLA SANTORO - L'ECONOMIA SOCIALE NELL'ERA DELLA SUSSIDIARIETA'
Quantità: 1.00
Valore unitario: 11.00
Valore totale: 11.00
IVA (%): 0.00
Natura operazione: N2 (non soggetta)

Nr. linea: 14

Descrizione bene/servizio: QUARTA - NON PROPRIETA'
Quantità: 1.00
Valore unitario: 36.00
Valore totale: 36.00
IVA (%): 0.00
Natura operazione: N2 (non soggetta)

Nr. linea: 15

Descrizione bene/servizio: GORGONI - IL CODICE DEL TERZO SETTORE
Quantità: 1.00
Valore unitario: 48.00
Valore totale: 48.00
IVA (%): 0.00
Natura operazione: N2 (non soggetta)

Nr. linea: 16

Descrizione bene/servizio: BERGO - IL DIRITTO SOCIALE FRAMMENTATO
Quantità: 1.00
Valore unitario: 51.00
Valore totale: 51.00
IVA (%): 0.00
Natura operazione: N2 (non soggetta)

Nr. linea: 17

Descrizione bene/servizio: FICI - DIRITTO DELL'ECONOMIA SOCIALE
Quantità: 1.00
Valore unitario: 32.00
Valore totale: 32.00
IVA (%): 0.00
Natura operazione: N2 (non soggetta)

Nr. linea: 18

Descrizione bene/servizio: LUCARELLI - SCRITTI DI DIRITTO PUBBLICO EUROPEO DELL'ECONOMIA
Quantità: 1.00
Valore unitario: 22.00
Valore totale: 22.00
IVA (%): 0.00
Natura operazione: N2 (non soggetta)

Nr. linea: 19

Descrizione bene/servizio: CAPRIGLIONE - ETICA DELLA FINANZA MERCATO GLOBALIZZAZIONE
Quantità: 1.00
Valore unitario: 12.00
Valore totale: 12.00
IVA (%): 0.00
Natura operazione: N2 (non soggetta)

Nr. linea: 20

Descrizione bene/servizio: DE ANGELIS - L'EFFETTIVITA' DELLA TUTELA DELLA SALUTE
Quantità: 1.00
Valore unitario: 30.00
Valore totale: 30.00
IVA (%): 0.00
Natura operazione: N2 (non soggetta)

Nr. linea: 21

Descrizione bene/servizio: NICOLAI TORTORELLA - PARTENARIATO PUBBLICO PRIVATO E
PROJECT FINANCE
Quantità: 1.00
Valore unitario: 45.00
Valore totale: 45.00
IVA (%): 0.00
Natura operazione: N2 (non soggetta)

Nr. linea: 22

Descrizione bene/servizio: AA.VV. - NUOVE FORME E NUOVE DISCIPLINE DEL PARTENARIATO
PUBBLICO PRIVATO
Quantità: 1.00
Valore unitario: 59.00
Valore totale: 59.00
IVA (%): 0.00
Natura operazione: N2 (non soggetta)

Nr. linea: 23

Descrizione bene/servizio: TORCHIA - IL CONSUMO DI MICROCREDITO
Quantità: 1.00
Valore unitario: 18.60
Valore totale: 18.60
IVA (%): 0.00
Natura operazione: N2 (non soggetta)

Nr. linea: 24

Descrizione bene/servizio: CONTE - LA RESPONSABILITA' SOCIALE DELL'IMPRESA
Quantità: 1.00
Valore unitario: 28.00
Valore totale: 28.00
IVA (%): 0.00
Natura operazione: N2 (non soggetta)

Nr. linea: 25

Descrizione bene/servizio: DIPACE - PARTENARIATO PUBBLICO PRIVATO E CONTRATTI ATIPICI
Quantità: 1.00
Valore unitario: 28.00

Valore totale: 28.00
 IVA (%): 0.00
 Natura operazione: N2 (non soggetta)

Nr. linea: 26

Descrizione bene/servizio: DAMIANI - VENTURE CAPITAL E PRIVATE EQUITY
 Quantità: 1.00
 Valore unitario: 10.00
 Valore totale: 10.00
 IVA (%): 0.00
 Natura operazione: N2 (non soggetta)

Dati di riepilogo per aliquota IVA e natura

Aliquota IVA (%): 0.00
 Natura operazioni: N2 (non soggetta)
 Totale imponibile/importo: 932.60
 Totale imposta: 0.00
 Riferimento normativo: ART.2 DPR 633/72

Dati relativi al pagamento

Condizioni di pagamento: TP02 (pagamento completo)

Dettaglio pagamento

Beneficiario del pagamento: ADRIATICA EDITRICE SALENTINA SRL
 Modalità: MP05 (bonifico)
 Importo: 932.60
 Istituto finanziario: UBI BANCA
 Codice IBAN: IT54G031111600000000003169

Versione prodotta con foglio di stile Sdi www.fatturapa.gov.it



Mandato di Pagamento

N. **3795** del **08/06/2018**

Esercizio Finanziario **2018**

Conto competenza

L'Istituto Cassiere		
BANCA POPOLARE PUGLIESE - Conto: T20990001100		
Nome e indirizzo del beneficiario		
K80 SRL C.F. 04220010757 - P.I. 04220010757 VIA LUPIAE, 12 - 73100 LECCE (LE)		
Modalità di Pagamento		
Bonifico presso altre banche BANCO DI NAPOLI S.P.A. - IBAN IT95M0101016020100000000216 bonifico presso altre banche Trattamento delle spese: Cod.A CARICO BENEFICIARIO;		
Causale del pagamento	Liquidazione	Importo
organizzazione evento "I contratti payment by result ..." responsabile scientifico Dott. Carlo Mignone - 17 al 19 maggio 2018 Impegno n. 6026/2018 organizzazione evento "I contratti payment by result ..." responsabile scientifico Dott. Carlo Mignone - 17 al 19 maggio 2018 Documento: 3/E del 28/05/2018 CIG Z2322DCA1E Codice CUP: F87G18000000001 UPB: Mignone.CINQUEMILLE2015 (PROGETTO BANDO CINQUE PER MILLE - ANNO 2015 "I CONTRATTI PAYMENT BY RESULT") 10217001 (Convegni, conferenze ed altre iniziative) Split Payment su Liquidazione n.6339 - Incasso n. 3849 - Reversale n. 2235	6339	20.200,00
		-770,00
	Importo al lordo delle ritenute: (Euro ventimiladuecento/00)	20.200,00
	Ritenute:	770,00
	Importo netto da pagare al beneficiario: (Euro diciannovemilaquattrocentotrenta/00)	19.430,00

Importo lordo totale del mandato in Euro: € **20.200,00**

Euro **ventimiladuecento/00**

Dettagli SIOPE

Codice	Descrizione	Importo
1030202005	Organizzazione e partecipazione a manifestazioni e convegni	20.200,00
Totale:		20.200,00


Il Responsabile Amministrativo

Il Direttore Generale

Il Direttore
Prof.ssa **FRANCESCA**

Trattamento bollo: ESENTE BOLLO

FATTURA ELETTRONICA


Università del Salento
 Dipartimento di Scienze Giuridiche
 Fattura prot. n. 46
 del 31/5/2018

Dati relativi alla trasmissione

Identificativo del trasmittente: IT01394200362
 Progressivo di invio: 54HJT
 Formato Trasmissione: FPA12
 Codice Amministrazione destinataria: 076V4E

Dati del cedente / prestatore

Dati anagrafici

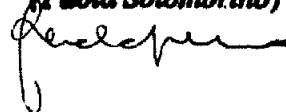
Identificativo fiscale ai fini IVA: IT04220010757
 Codice fiscale: 04220010757
 Denominazione: K80 SRL
 Regime fiscale: RF01 (ordinario)

Dati della sede

Indirizzo: VIA B.CROCE
 Numero civico: 23
 CAP: 73100
 Comune: LECCE
 Provincia: LE
 Nazione: IT

UNIVERSITA' DEL SALENTO
DIPARTIMENTO DI SCIENZE GIURIDICHE
 Accertata la regolarità della fornitura si liquida la spesa
 per la somma di € 60.000,00
 su Tit. 1 Cat. 07 Cap. 13 (00)
 Buono di carico n° 1 del 1/6/2018
 Lecce, 7/6/2018 IL COORDINATORE AMMINISTRATIVO

Il Coordinatore Amministrativo
 (Paola Solombrino)



Dati di iscrizione nel registro delle imprese

Provincia Ufficio Registro Imprese: LE
 Numero di iscrizione: 274748
 Numero soci: SM (più soci)
 Stato di liquidazione: LN (non in liquidazione)

Dati del cessionario / committente

Dati anagrafici

Codice Fiscale: 80008670752
 Denominazione: UNIVERSITA' DEL SALENTO - DIPARTIMENTO DI SCIENZE GIURIDICHE

Dati della sede

Indirizzo: VIA PER MONTERONI
 CAP: 73100
 Comune: LECCE
 Provincia: LE
 Nazione: IT

Liq. N. 6339 del 8/6/18
 Mandato N. 3795 del 8/6/18

Dati del terzo intermediario soggetto emittente

Dati anagrafici

Identificativo fiscale ai fini IVA: IT01394200362
 Codice Fiscale: IT01394200362
 Denominazione: SATA APPLICAZIONE TECNOLOGIE AVANZATE S.R.L.

Soggetto emittente la fattura

Soggetto emittente: TZ (terzo)

Si attesta la regolare esecuzione della
 presente fornitura in conformità al
 No. ordine n. 13 del 30/3/18
 Lecce, _____ Il Responsabile d'acquisto

Versione FPA1

Dati generali del documento

Tipologia documento: TD01 (fattura)
 Valuta importi: EUR
 Data documento: 2018-05-28 (28 Maggio 2018)
 Numero documento: 3/E
 Importo totale documento: 20200.00

Dati dell'ordine di acquisto

Identificativo ordine di acquisto: 0
 Codice Unitario Progetto (CUP): F87G18000000001
 Codice Identificativo Gara (CIG): Z2322DCA1E

Dati relativi alle linee di dettaglio della fornitura**Nr. linea: 1**

Descrizione bene/servizio: **Organizzazione convegno come da trattativa diretta n. 442397 del 21/3/2018. Evento I contratti payment by result , responsabile scientifico Dott. Carlo Mignone dal 17 al 19 maggio 2018.**
 Quantit : 1.00
 Valore unitario: 3500.00
 Valore totale: 3500.00
 IVA (%): 22.00

Nr. linea: 2

Descrizione bene/servizio: **Spese anticipate per vs. conto**
 Quantit : 1.00
 Valore unitario: 15930.00
 Valore totale: 15930.00
 IVA (%): 0.00
 Natura operazione: N1 (esclusa ex art.15)

Dati di riepilogo per aliquota IVA e natura

Aliquota IVA (%): 22.00
 Totale imponibile/importo: 3500.00
 Totale imposta: 770.00
 Esigibilit  IVA: S (scissione dei pagamenti)

Aliquota IVA (%): 0.00
 Natura operazioni: N1 (escluse ex art.15)
 Totale imponibile/importo: 15930.00
 Totale imposta: 0.00
 Esigibilit  IVA: S (scissione dei pagamenti)
 Riferimento normativo: ART.15

Dati relativi al pagamento

Condizioni di pagamento: TP02 (pagamento completo)

Dettaglio pagamento

Modalit : MP05 (bonifico)
 Decorrenza termini di pagamento: 2018-05-21 (21 Maggio 2018)
 Importo: 19430.00
 Codice IBAN: IT95M0101016020100000000216

Dati relativi agli allegati

Nome dell'allegato: fattura-web.pdf
 Formato: PDF

www.fatturaonline.it



Modulo di pagamento

Numero di pratica: 207002018

Ente beneficiario:
Università di Salerno

anno: 2018

INTELLIGIBILITÀ

Codice di pratica: 207002018

Numero di pratica interna

Università di Salerno - Dipartimento di Scienze Giuridiche
e Politiche (DIP. SC. GIUR.)

Titolo di pratica

Procedimento di pagamento
beneficiario

Descrizione del pagamento	Importo (€)	Importo (€)
Importo della pratica interna di pagamento beneficiario (importo netto da pagare) Importo della pratica interna di pagamento beneficiario (importo netto da pagare) Importo della pratica interna di pagamento beneficiario (importo netto da pagare)	682	
Importo della pratica interna di pagamento beneficiario (importo netto da pagare) Importo della pratica interna di pagamento beneficiario (importo netto da pagare)	Importo della pratica interna di pagamento beneficiario (importo netto da pagare) Importo della pratica interna di pagamento beneficiario (importo netto da pagare)	Importo della pratica interna di pagamento beneficiario (importo netto da pagare) Importo della pratica interna di pagamento beneficiario (importo netto da pagare)

Al Magnifico Rettore
Area Gestione Progetti e Fund Raising
Ufficio Fund Raising
e Valorizzazione Ricerca
Università del Salento
Campus Ecotekne
Edificio IBIL – I piano
S.P. 6, Lecce – Monteroni, 73100 (LE)

OGGETTO: Relazione Scientifica e Rendicontazione Finale Bando 2017 “5 per mille per la ricerca – anno 2015”. Progetto dal titolo: “Sistema per la misura di parametri meteorologici e la dispersione di inquinanti in atmosfera con l’ausilio di un pallone aerostatico frenato”

Responsabile del progetto: Alessandro De Lorenzis

Altri componenti del gruppo di ricerca: Maria Rita Perrone, Ferdinando De Tomasi, Marcella D’Elia, Gennaro Rispoli.

Nell’ambito del presente progetto, è in corso di sviluppo un sistema di monitoraggio che utilizza un pallone aerostatico frenato per la misura dei principali parametri meteorologici (temperatura, umidità relativa, velocità e direzione del vento, pressione atmosferica) e della concentrazione e distribuzione dimensionale del particolato atmosferico al variare dell’altezza dal suolo.

Il progetto “*Sistema per la misura di parametri meteorologici e la dispersione di inquinanti in atmosfera con l’ausilio di un pallone aerostatico frenato*” è stato finanziato dall’Università del Salento mediante il suddetto programma con un importo totale pari a 13.260 EUR nell’ambito della categoria A, descrizione: “Sperimentazione di iniziative che coinvolgano direttamente il territorio”. Le somme ottenute da tale finanziamento sono state ripartite come riportato di seguito:

- 6.575,80 EUR per l’acquisto di un pallone aerostatico frenato (tipo dirigibile 8x3 m) dalla ditta AERONORD. Il pallone aerostatico frenato è in grado di trasportare strumentazione sino a circa 15 kg di peso ed è dotato di impennaggi stabilizzatori e direzionali e di un kit per il gonfiaggio-innalzamento-ancoraggio;
- 6.533,10 EUR per l’acquisto di un verricello elettrico (con velocità ascensionale variabile nel range 0-40 m/min) dalla ditta Orlandi&Orlandi;

- 148,19 EUR per l'acquisto di un sistema di acquisizione dati basato su schede Arduino Due e relativi accessori dalla ditta MediaDirect.

Ulteriori fondi messi a disposizione del progetto dal Laboratorio di Aerosol&Clima del Dipartimento di Matematica e Fisica (Università del Salento) sono stati adoperati per acquistare il seguente materiale:

- 1.268,80 EUR per l'acquisto di 1500 m di corda in dyneema rivestita in poliestere da 3 mm dalla ditta Treccificio Borri, da utilizzare per ancorare il pallone aerostatico frenato al verricello elettrico;
- 549,00 EUR per l'acquisto di uno striscione da 10 m² dalla ditta AERONORD, da apporre su una fiancata del pallone aerostatico frenato con la dicitura "Università del Salento, Laboratorio Aerosol&Clima".

Per il lancio del pallone aerostatico frenato sono ancora necessari:

- a) 20 bandierine di segnalazione (costo 317,00 EUR, da acquisire dalla ditta AERONORD);
- b) 2 bombole di gas elio industriale per il relativo gonfiaggio.

Attualmente, si sta cercando di reperire i fondi necessari all'acquisizione del suddetto materiale.

I campionamenti "in situ" di particolato atmosferico che saranno effettuati con il sistema sviluppato a diverse distanze dal suolo (fino a ~ 1 km) consentiranno di correlare le proprietà risultanti dalle analisi chimico-fisiche del PM raccolto con le corrispondenti proprietà ottiche ricavate dalle misure lidar, operante nell'ambito dell'infrastruttura di ricerca ACTRIS (Aerosols, Clouds, and Trace gases Research InfraStructure) Italia, alla quale partecipa l'Università del Salento. In particolare, tale attività rappresenta un'importante peculiarità del progetto, perché sono pochissimi i siti europei in cui le misure lidar sono combinate con quelle di un pallone aerostatico frenato. Di conseguenza, tale attività di monitoraggio potrà consentire di potenziare il ruolo scientifico dell'Università del Salento nell'ambito della sopramenzionata infrastruttura di ricerca.

Il sistema sviluppato consentirà inoltre di caratterizzare con elevata precisione (~ 10 m) l'evoluzione spazio-temporale dello strato limite planetario, che rappresenta lo strato più basso della troposfera. La sua caratterizzazione è di primaria importanza per studi climatici, previsioni meteorologiche, di dispersione di inquinanti e di qualità dell'aria. Nell'ambito del presente progetto, si intende monitorare l'evoluzione dello strato limite planetario mediante le rilevazioni dei

principali parametri legati alla turbolenza atmosferica effettuate con un anemometro sonico a bordo del pallone aerostatico frenato, con il relativo sistema di acquisizione dati in quota in fase di sviluppo.

Si ritiene che la prima campagna di misure possa essere effettuata nel corso dei mesi di settembre-ottobre 2018, presso la stazione di monitoraggio del Dipartimento di Matematica e Fisica dell'Università del Salento sito in Lecce. Essendo lontano da grandi fonti di inquinamento, tale sito è ideale per contribuire alla caratterizzazione dell'aerosol nel bacino del Mediterraneo (es. Perrone et al., 2018), la cui composizione è molto eterogenea a causa dei contributi da parte di differenti sorgenti (es. Perrone et al., 2013). Al termine della campagna di monitoraggio, oltre a programmare possibili sviluppi futuri riguardo alle applicazioni del sistema realizzato, si darà ampio risalto alla divulgazione dei risultati finali ottenuti. A tal fine, si prevede di poter realizzare almeno un articolo da sottoporre ad una rivista scientifica di livello internazionale nel settore e di sottomettere un contributo ad una conferenza nazionale e/o internazionale.

Si allega alla presente relazione scientifica, come indicato nel bando, la rendicontazione finale delle spese effettivamente sostenute nel periodo di svolgimento del Progetto.

BIBLIOGRAFIA

Perrone, M., Becagli, S., Garcia Orza, J.A.G., Vecchi, R., Dinoi, A., Udisti, R., Cabello, M., 2013. The impact of long-range-transport on PM1 and PM2.5 at a Central Mediterranean site. Atmos. Environ. 71, 176-186. DOI: 10.1016/j.atmosenv.2013.02.006.

Perrone, M.R., Romano, S., Genga, A., Paladini, F., 2018. Integration of optical and chemical parameters to improve the particulate matter characterization. Atmos. Res. 205, 93-106. DOI: 10.1016/j.atmosres.2018.02.015.

Lecce, li 26/06/2018

Il responsabile del progetto

Dr. Alessandro De Lorenzis

Alessandro De Lorenzis

RESPONSABILE SCIENTIFICO DI PROGETTO: DOTT. ALESSANDRO DE LORENZIS (DOTTORANDO FISICA E NANOSCIENZE 32° CICLO)

BANDO 2017

TOTALE CONTRIBUTO: € 13.260,00 ISCRITTO CON VARIAZIONE DI BILANCIO N.141 DEL 07/02/18

CODICE CUP: F87G180000000001

Rendicontazione "5 per mille per la ricerca" anno 2015 - Dipartimento di Matematica e Fisica "Ennio De Giorgi"

ACQUISTO ATTREZZATURE TECNICO SCIENTIFICHE						BUDGET: 13.260,00	
DESCRIZIONE	PERCIPIENTE	IMPORTO	NUMERO FATTURA	DATA FATTURA	NUMERO MANDATO DI PAGAMENTO	DATA MANDATO DI PAGAMENTO	
Acquisto attrezzatura tecnico-scientifica: Aerostato tipo dirigibile D.8 (Airship Shape) completo di impennaggi stabilizzatori e direzionali e Kit gonfiaggio - innalzamento - ancoraggio	AERONORD di Enzo Cisarò & C. S.a.s.	6.575,80	17	26/03/2018	2518	18/04/2018	
Acquisto attrezzatura tecnico-scientifica: Verricello modello V-2 portata di corda 1500m struttura in acciaio tamburo in PP visualizzatore digitale servomotore in C.C. con coppia da 5.5 Nm	ORLANDI & ORLANDI di Orlandi Fabio & C. snc	€ 6.533,10	1	14/06/2018	4252	20/06/2018	
Acquisto attrezzatura tecnico-scientifica: Kit di 2 MicroSD codice 305796, comprese spese di spedizione e Arduino DUE codice 295154	MEDIA DIRECT	€ 148,19	42048	21/06/2018	4288	22/06/2018	
TOTALE SPESE:						13.257,09	

Al

Magnifico Rettore
Prof. Vincenzo Zara

Oggetto: Progetto "5xmille per la ricerca" Progetto: *Putting Zeb1 in context*: ruolo fisio-patologico del fattore di trascrizione Zeb1 nel processo di transizione epitelio mesenchimale". Responsabile dr. Daniele Vergara Rendicontazione scientifica

La transizione epitelio mesenchimale (EMT) è un processo fisio-patologico che trasforma una cellula epiteliale in un modello mesenchimale. Questa trasformazione permette alle cellule di acquisire una significativa plasticità cellulare e molecolare, e di attivare processi chiave quali la gastrulazione, la rigenerazione nervosa, il differenziamento cellulare staminale. L'attivazione aberrante di tale processo in condizioni patologiche caratterizza situazioni quali la fibrosi d'organo, ed il cancro. In questi ultimi anni, la rilevanza scientifica di tale processo ha raggiunto dimensioni enormi, con implicazioni diagnostiche, terapeutiche, e predittive in numerosi contesti patologici. L'attivazione del processo di EMT avviene tramite un complesso sistema di regolazione che parte dalla semplice attivazione/repressione genica di marcatori epiteliali/mesenchimali, passando attraverso livelli di regolazione più complessi che agiscono a livello post-trascrizionale (*microRNA* e *long non coding RNA*) e post-traduzionale. Tale complessità può essere in parte ridotta, se pensiamo che tutte queste vie portano all'attivazione di un *network* di regolazione ben preciso costituito da una serie di fattori di trascrizione (TF) che regolano l'EMT (EMT-TFs). Membri di questa famiglia sono i fattori Zeb1, Zeb2, Snail, Slug, Twist, solo per citarne alcuni. Durante l'EMT, questi TFs si attivano in momenti ben precisi agendo spesso in maniera sinergica, altre volte regolando uno l'azione dell'altro attraverso *feedback* negativi. Il quadro che però comincia ad emergere con più chiarezza in tale contesto, è il ruolo chiave di Zeb1, che sembrerebbe agire come regolatore finale del processo di EMT. Alla luce di ciò, il progetto si prefigge di meglio caratterizzare il ruolo di Zeb1 nel processo di EMT, attraverso la definizione di possibili regolatori positivi e negativi, in contesti fisiologici e patologici. Più in dettaglio, obiettivi specifici del progetto sono:

- identificazione di modelli cellulari con diversa o nulla espressione di Zeb1
- identificazione di possibili modulatori positivi / negativi di Zeb1 attraverso il silenziamento di marcatori di EMT, o la stimolazione con specifici fattori del microambiente
- organizzazione di un *workshop* internazionale inerente le tematiche della transizione epitelio mesenchimale e della *systems biology*

Gruppo di ricerca coinvolto:

- dr. Daniele Vergara, Università del Salento
- prof. Michele Maffia, Università del Salento
- dr. Antonio Danieli, Università del Salento
- prof.ssa Loredana Capobianco, Università del Salento
- dr.ssa Anna Giudetti, Università del Salento
- dr.ssa Alessandra Ferramosca, Università del Salento
- dr. Andrea Ragusa, Università del Salento
- prof. Michel Salzet, Università di Lille
- prof.ssa Isabelle Fournier, Università di Lille
- dr. Julien Franck, Università di Lille

Modelli cellulari utilizzati sono stati:

- linee cellulari umane di tumore della mammella (MCF-7 e MDA-231)
- linee cellulari neuronali umane (SH-SY)
- linee cellulari umane di oligodendrociti (MO3.13)
- linee cellulari umane di microglia (CHME-5)

Di seguito è riportato un elenco degli approcci tecnologici utilizzati nello studio:

- estrazione di acidi nucleici e proteine;
- retrotrascrizione ed analisi di espressione mediante PCR semiquantitativa;
- elettroforesi e western blotting;
- dosaggio enzimatico;
- metodi spettrofotometrici;
- metodi polarografici;
- cromatografia su strato sottile (TLC);
- digestione di proteine mediante tecnica FASP (*filter aided sample preparation*);
- analisi cromatografica e mediante spettrometria di massa (MS/MS);
- analisi bioinformatica dei dati grezzi di MS/MS;
- estrazione di metaboliti ed analisi NMR;
- analisi statistica multivariata.

- **Aim1. Identificazione di modelli cellulari con diversa o nulla espressione di Zeb1**

- Risultato raggiunto: Zeb1 caratterizza l'espressione di modelli mesenchimali tumorali e di origine neuronale e gliale.

I modelli epiteliali e mesenchimali di tumore della mammella sono caratterizzati da una diversa espressione di marcatori di EMT. L'analisi condotta mediante qPCR sulla linea cellulare MCF-7 e sul modello MDA-231, evidenzia un profilo genico caratterizzato dall'espressione di E-caderina nel modello MCF-7 e dall'espressione di Vimentina, Slug, Zeb1, e Zeb2 nelle cellule MDA-231 (Figura 1). Zeb1 rappresenta un nodo centrale in diversi modelli tumorali. Lo dimostra l'analisi bioinformatica condotta su un *dataset* di espressione genica (Affymetrix HU133 Plus 2.0 *microarray*) ottenuto dall'analisi comparativa di linee cellulari tumorali umane aggressive (SKOV3, C8161, 231MFP, PC3 and DU145) con caratteristiche mesenchimali, e non aggressive (OVCAR3, MUM2C, MCF7, and LNCaP) con caratteristiche epiteliali, provenienti da quattro diversi tipi di tumore (ovarico, melanoma, cancro al seno e alla prostata) (Cell. 2010; 140(1):49-61). Il *network* di interazione, riportato in Figura 2, è caratterizzato da 195 nodi e 227 connessioni, utilizzando un *interaction score* di 0.400 (*medium confidence*). Come nodo altamente connesso ritroviamo EGFR, coinvolto nelle adesioni focali, ma significativa è anche la presenza di ZEB1 nell'interattoma, marcatore chiave del processo di transizione epitelio-mesenchimale. Ciò mette in evidenza un comune andamento delle linee tumorali aggressive che subiscono una transizione di tipo EMT: i due nodi evidenziati assumono particolare significatività non solo per la linea mesenchimale di tumore al seno ma anche per le linee tumorali aggressive di cancro all'ovaio, melanoma e cancro alla prostata.

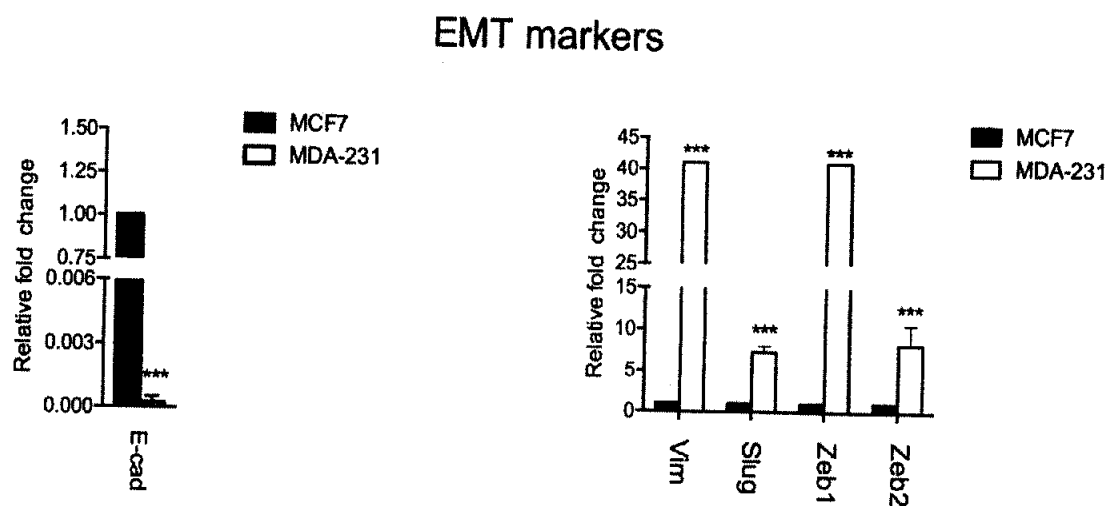


Figura 1. Espressione differenziale dei marcatori di EMT nei modelli MCF-7 e MDA-231. L'analisi dei geni E-caderina, Vimentina, Slug, Snail, Zeb1, e Zeb2 è stata condotta mediante qPCR. *P* value *** < 0.001.

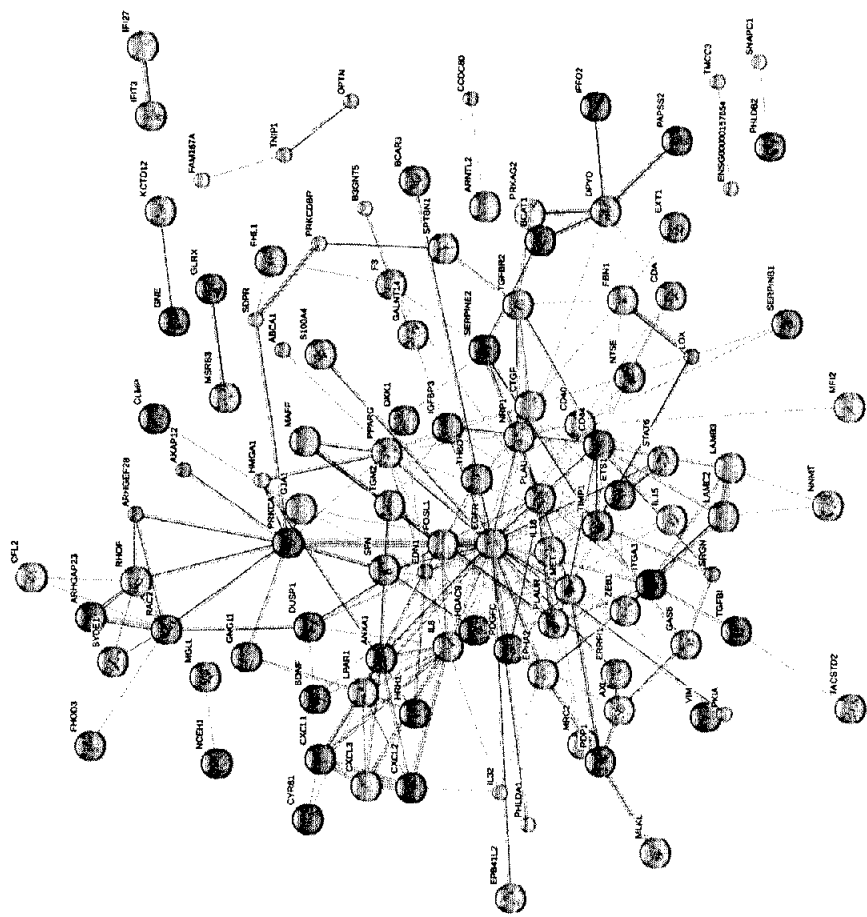


Figura 2. Network di interazione proteina-proteina delle linee tumorali umane aggressive SKOV3, C8161, MDA-231, PC3 e DU145; le connessioni di colore celeste e viola rappresentano le interazioni già conosciute rispettivamente derivanti da *database* e dati ricavati sperimentalmente; le connessioni di colore verde, rosso, blu sono associazioni predette da STRING, e corrispondono a geni vicini, fusioni geniche e *gene co-occurrence*, le restanti corrispondono ad associazioni note quali *textmining*, geni co-espressi, proteine omologhe e, rispettivamente, sono di colore verdastro, nero e blu chiaro.

Oltre che avere un ruolo nella regolazione di processi e funzioni tipiche dei modelli cellulari mesenchimali tumorali, Zeb1 è un fattore chiave di regolazione di molteplici processi fisiologici. Infatti, Zeb1 è espresso sia nel modello neuronale SH-SY che nella linea di oligodendrociti MO3.13 (Figura 3). Come mostrato in Figura 3, i livelli di espressione di Zeb1, Zeb2, e Vimentina sono stati confrontati con quelli della linea MDA-231. Entrambi i modelli esprimono il marcatore mesenchimale Vimentina, e diversi livelli di espressione di Zeb1 e Zeb2, con una espressione significativamente elevata di Zeb2 nel modello SH-SY. Questo probabilmente è in relazione al diverso ruolo che Zeb1 e Zeb2 possono avere nella fisiologia del sistema nervoso. Esperimenti simili sono stati condotti con il modello microgliale CHME.5, che sarà oggetto di studio approfondito nella sezione Aim2.

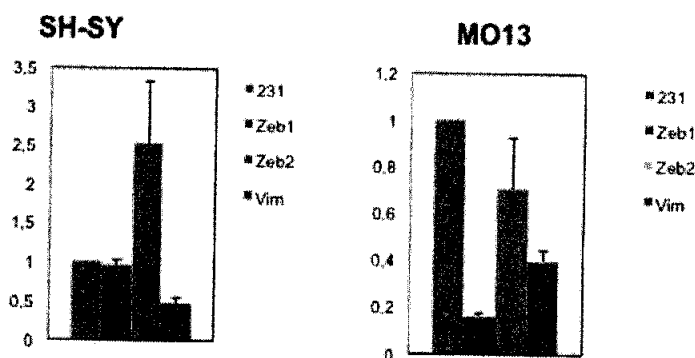


Figura 3. Espressione differenziale dei marcatori mesenchimali nei modelli SH-SY e MO3.13. L'analisi dei geni Vimentina, Zeb1, e Zeb2 è stata condotta mediante qPCR.

Complessivamente, lo studio preliminare condotto ha permesso di definire una serie di modelli con livelli di espressione differenti di Zeb1. L'attenzione si sposta ora sulla definizione di processi e funzioni caratteristiche, e sul ruolo funzionale che Zeb1 può avere nella regolazione di questi.

Abbiamo deciso di focalizzarci su due modelli, MDA-231 e MO3.13, e di considerare i processi metabolici che differenziano il modello MDA-231 rispetto al modello epiteliale MCF-7, e il ruolo svolto dai fattori di trascrizione mesenchimali, in particolare Zeb1, nel processo di differenziamento del modello MO3.13. In condizioni basali, le cellule MO3.13 rappresentano dei precursori oligodendrocitari, che esprimono contemporaneamente marcatori oligodendrocitari ed astrocitari. In particolari condizione di stimolazione, le cellule si differenziano in oligodendrociti maturi.

Abbiamo valutato l'efficienza respiratoria del modello MDA-231 rispetto alle cellule MCF-7 misurando il consumo di ossigeno mediante metodo ossigrafico, e valutando l'attività enzimatica dei complessi tramite metodo spettrofotometrico.

La figura 4 mostra gli effetti di specifici inibitori dei complessi della catena respiratoria. Il trattamento con rotenone, un inibitore del complesso I, inibisce significativamente nelle MCF-7 il consumo di ossigeno stimolato da piruvato/malato, senza però avere effetto nelle MDA-231. La presenza di malonato, un inibitore competitivo dell'ossidazione del succinato da parte del complesso II, causa una riduzione simile del consumo di ossigeno (> 50%) in entrambi i modelli cellulari, mentre l'actimicina A, un inibitore del complesso III, non influenza il consumo di ossigeno da parte dei due modelli. Infine, l'aggiunta di potassio cianuro (KCN), un inibitore del

complesso IV, causa un significativo abbassamento del consumo di ossigeno solo nelle cellule MDA-231. Tutti questi risultati suggeriscono la presenza di difetti nei complessi della catena respiratoria che risultano in un alterato metabolismo mitocondriale.

L'attività dei singoli componenti della catena respiratoria è stata analizzata mediante analisi spettrofotometrica (Figura 4B). Anche in questo caso, abbiamo trovato un'attività enzimatica inferiore per il complesso I (~ 60%) nelle cellule MDA-MB-231 rispetto alle cellule MCF-7. Al contrario, l'attività del complesso IV era quasi sei volte più elevata nelle cellule MDA-MB-231 rispetto alle cellule MCF-7. Nessun cambiamento significativo è stato osservato nell'attività dei complessi mitocondriali II e III. Inoltre, poiché la quantificazione del mtDNA è un buon indicatore della quantità di massa mitocondriale, la massa mitocondriale delle due linee cellulari è stata valutata tramite qPCR analizzando il numero di copie del mtDNA relativo al numero di copie del nDNA. I risultati riportati nella figura 5A mostrano un contenuto di mtDNA più elevato nelle cellule MDA-MB-231 rispetto alle cellule MCF-7, suggerendo una risposta compensatoria alla funzione respiratoria compromessa. Inoltre, è stata studiata l'espressione di un gruppo di fattori di trascrizione coinvolti nella biogenesi mitocondriale. I risultati di qPCR dimostrano un livello di espressione più elevato del fattore di trascrizione mitocondriale A (TFAM) nelle cellule MDA-MB-231 rispetto alle cellule MCF-7 (Figura 5B). Pertanto, le cellule MDA-MB-231 hanno mostrato un aumento del contenuto di mtDNA correlato a un sovra-regolazione di TFAM, essenzialmente coinvolto nelle macchinario di trascrizione mitocondriale e nella regolazione del numero di copie del mtDNA. È stato anche valutato il potenziale transmembrana mitocondriale ($\Delta\Psi_m$); questo valore è risultato più alto nel modello mesenchimale (Figura 5C), suggerendo che l'integrità della membrana interna mitocondriale è stata mantenuta.

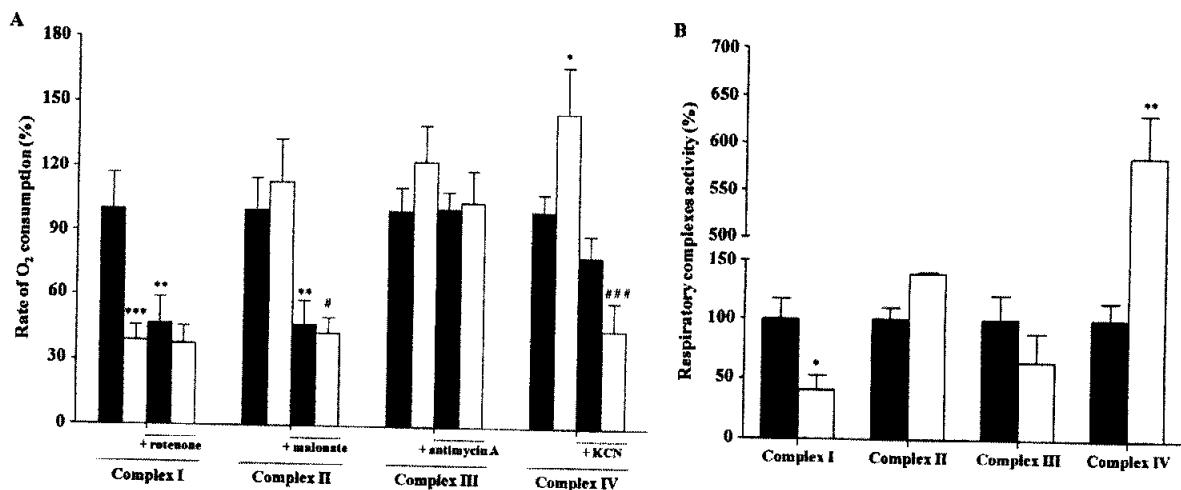


Figure 4. Efficienza respiratoria mitocondriale nei modelli MCF-7 e MDA-231. A) Il consumo di ossigeno è stata misurata mediante polarografo nelle MCF-7 (barre scure) e MDA-231 (barre chiare), in presenza di vari substrati o inibitori. B) L'attività enzimatica dei complessi della catena respiratoria è stata misurata mediante metodo spettrofotometrico. I dati rappresentano la media \pm S.D. di 5 esperimenti indipendenti. (* $p \leq 0.05$, ** $p \leq 0.01$, *** $p \leq 0.001$ vs MCF-7 controllo, # $p \leq 0.05$, ### $p \leq 0.001$ vs MDA-MB-231 controllo).

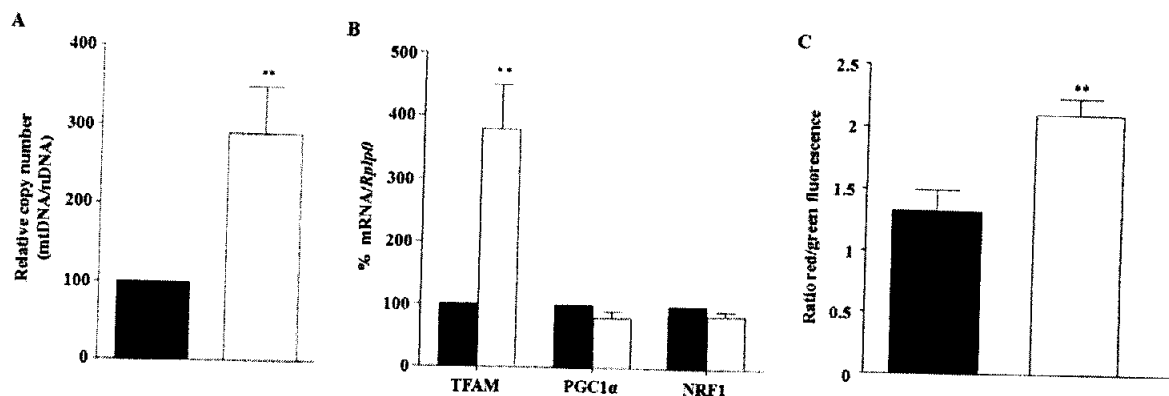


Figura 5. Le cellule MCF-7 e MDA-231 presentano alterazioni nella massa mitocondriale e nell'espressione di fattori di trascrizione legati alla biogenesi mitocondriale. A) Esperimenti di qPCR sono stati condotti per determinare il rapporto tra DNA nucleare (nDNA) e mitocondriale (mtDNA) nelle cellule MCF-7 (colonne nere) e MDA-231 (colonne chiare). I livelli di mtDNA sono espressi come rapporto mtDNA/nDNA. B) L'analisi di espressione dei geni TFAM, PGC1 α e NRF1 è stata condotta tramite qPCR. I dati rappresentano la media \pm S.D. di quattro esperimenti indipendenti. C) La variazione del potenziale mitocondriale $\Delta\Psi$ è stata determinata usando la sonda JC-1. I dati rappresentano la media \pm S.D. di tre esperimenti indipendenti (** $p \leq 0.01$, vs MCF-7, test Student).

Complessivamente, sono stati definiti una serie di processi cellulari, con particolare interesse verso il metabolismo mitocondriale, che rappresentano la base di partenza di una serie di studi funzionali destinati a chiarire il possibile ruolo di regolazione di Zeb1 su questi. Per fare ciò, abbiamo considerato la possibilità di silenziare Zeb1 sia mediante short hairpin RNA (shRNA), utilizzando vettori lentivirali per la trasfezione dei nostri modelli, sia mediante sistemi di genome editing tramite CRISPR/cas9. Nel primo caso, abbiamo utilizzato dei vettori già pronti all'utilizzo: ZEB1 shRNA Lentiviral Particles, Santa Cruz. Le cellule MDA-231 sono state infettate con il vettore ed i livelli di espressione di Zeb1 valutati tramite qPCR. Esperimenti sono ora in corso per definire le alterazioni metaboliche indotte dal silenziamento di Zeb1 nel modello MDA-231.

L'interesse non è solo rivolto verso i modelli epiteliali, ma come anche descritto nel progetto di ricerca presentato, verso modelli cellulari di tipo neuronale. A tal proposito, riteniamo che Zeb1 possa avere un ruolo nel processo di differenziamento di tali modelli, e per dimostrare ciò, abbiamo utilizzato il modello cellulare MO3.13. In condizioni basali di crescita, questa linea cellulare esprime marcatori sia della linea oligodendrocitaria che di quella astrocitaria. Dopo stimolo di 4 giorni con estere del forbolo (PMA), le cellule modificano la loro struttura ed assumono una morfologia allungata tipica degli oligodendrociti maturi. Abbiamo messo a punto questo protocollo di stimolazione, ed effettuato una estrazione di RNA e proteine con lo scopo di valutare la differente espressione di Zeb1 e di altri marcatori mesenchimali tra cellule controllo e cellule differenziate. L'analisi mediante MS/MS di tali campioni cellulari è in corso. In questo caso, l'interesse è rivolto verso la componente nucleare, che ci aspettiamo possa modificarsi dopo il differenziamento cellulare. A tal proposito, come *proof-of-concept* dello studio abbiamo isolato i nuclei di cellule MO3.13 cresciute in condizioni basali, ed identificato le proteine espresse tramite MS/MS. In allegato 1, la lista delle oltre 1000 proteine identificate. Tutto questo rappresenta la base

biologica e tecnologica dello studio di caratterizzazione di Zeb1 e del suo *network* nelle cellule MO3.13.

- **Aim2. Identificazione di possibili modulatori positivi / negativi attraverso il silenziamento di marcatori di EMT, o la stimolazione con specifici fattori del microambiente**

- Risultato raggiunto: nei modelli mesenchimali di tumore della mammella, l'espressione di Zeb1 e di altri marcatori di EMT è regolata dal fattore di trascrizione β -catenina. Per dimostrare questo ci siamo serviti del modello tumorale MDA-231, nel quale abbiamo silenziato stabilmente l'espressione di β -catenina.

Zeb1 è sotto il controllo trascrizionale di una serie di fattori di trascrizione quali Snail e Slug, che hanno un ruolo chiave nel processo di EMT. Altri fattori di trascrizione potrebbero però avere come bersaglio diretto o indiretto Zeb1. Tra questi, di notevole importanza nel contesto della EMT è il ruolo svolto da β -catenina, una proteina coinvolta nella regolazione di processi cellulari embrionali e di omeostasi cellulari. β -catenina è un effettore della via di Wnt. Alterazioni di questa via sono legate strettamente all'insorgenza e progressione del tumore. Per dimostrare il ruolo di regolazione di β -catenina su Zeb1 ed altri marcatori mesenchimali, abbiamo silenziato mediante uno *short hairpin* RNA (shRNA) il messaggero del gene *ctnmb1*, ottenendo un clone cellulare con una ridotta espressione di β -catenina (sh β cat MDA-231). Questo clone è stato confrontato con cellule MDA-231 infettate con un vettore controllo (scramble). I risultati dello studio sono riportati in Figura 1. Dopo silenziamento, la sotto-regolazione di β -catenina è stata investigata tramite qPCR (Figura 6A) e western blotting, dimostrando l'efficacia del silenziamento. Come mostrato in figura 6A, la sotto-regolazione di β -catenina porta ad un significativo cambiamento nell'espressione dei fattori di trascrizione Snail, Slug, Zeb1, Zeb2, e Myc. Inoltre, anche la regolazione di un gruppo di geni coinvolti nel metabolismo del glucosio ed in quello lipidico risulta essere modificata dopo silenziamento (Figura 6A). Risulta evidente come l'effetto generale sia quello di una repressione dell'espressione genica, con l'eccezione dei due prodotti genici MGAL e DAGT2, che al contrario aumentano la loro espressione nelle cellule sh β cat rispetto alle cellule scramble. Entrambi gli enzimi intervengono nel metabolismo dei trigliceridi, più in dettaglio, la diacilglicerolo aciltransferasi 2 (DGAT2), è l'enzima che catalizza la formazione dei trigliceridi a partire dal diacilglicerolo (digliceridi) e dall'acil-coenzima A (acil-CoA), mentre, la monoacilglicerolo lipasi (MGAL) interviene nella mobilizzazione degli acidi grassi dai trigliceridi. Nelle cellule mesenchimali si osservano in condizioni basali bassi livelli di DGAT2, ed alti livelli di DAGT1 (dato non mostrato). Questo è in relazione al differente metabolismo lipidico dei modelli cellulari, che presentano una maggiore o minore capacità di sintetizzare acidi grassi tramite la via *de novo*, e dal ruolo differenziale delle due isoforme che catalizzano la sintesi degli acidi a partire dagli acidi grassi provenienti dalla sintesi *de novo* (DGAT2) o dal microambiente (DAGT1). Alti livelli di DGAT2, così come anche confermato dall'analisi di western blotting ed attività enzimatica, potrebbero essere indicativi di un alterato metabolismo lipidico indotto dal silenziamento di β -catenina. Ciò è stato confermato dall'analisi degli estratti lipidici isolati dalle cellule scramble ed sh β cat ed analizzati tramite cromatografia su strato sottile e NMR.

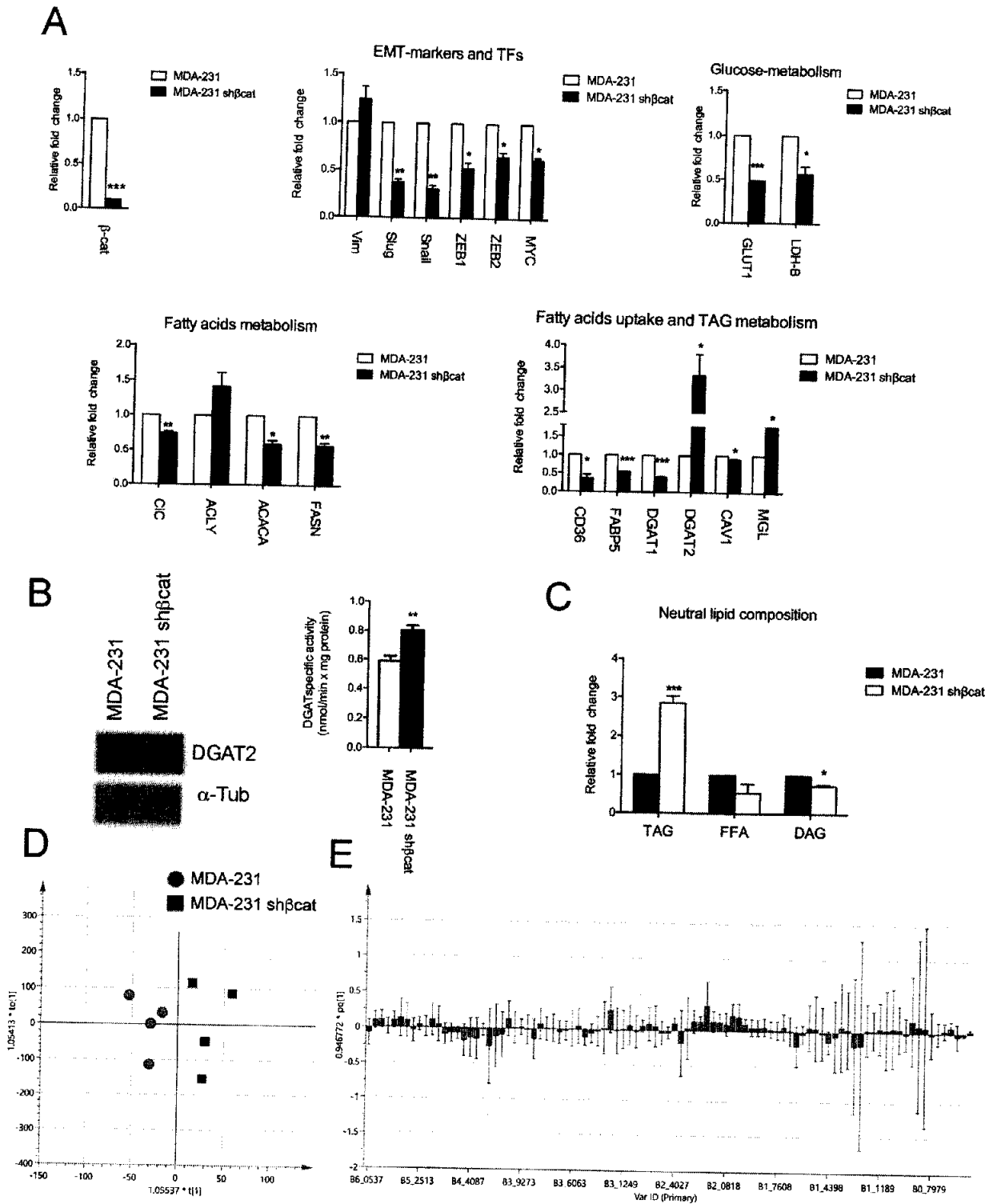


Figura 6. Alterazioni molecolari osservate dopo il silenziamento di b-catenina nelle cellule MDA-231. A) I livelli di β -catenina sono stati determinati tramite qPCR nelle cellule scramble ed sh β cat. I livelli di espressione di una serie di fattori di trascrizione che regolano l'EMT o di geni che intervengono nella regolazione del metabolismo cellulare sono stati determinati tramite qPCR. P value * < 0.05 , ** < 0.01 , *** < 0.001 . B) L'espressione proteica e l'attività enzimatica di DGAT2 sono state valutate nelle cellule scramble ed sh β cat. P value ** < 0.01 . C) I lipidi neutri sono stati separate mediante cromatografia su strato sottile. I valori sono espressi come media \pm deviazione standard di tre esperimenti indipendenti. P value * < 0.05 , *** < 0.001 . D) OPLS-DA scatter score plot degli estratti lipidici di cellule MDA-231 scramble ed sh β cat. E) OPLS-DA loadings column plot degli estratti lipidici di cellule MDA-231 scramble ed sh β cat.

Complessivamente, questo dimostra che il silenziamento di β -catenina induce nel modello mesenchimale MDA-231, una serie di alterazioni nell'espressione di marcatori di EMT e metabolici. I risultati di questo studio sono stati confrontati con quelli di un nostro precedente lavoro, *Front Physiol.* 2017 Jul 27;8:544. doi: 10.3389/fphys.2017.00544, nel quale, gli effetti della sotto-regolazione di β -catenina erano stati investigati in un modello cellulare epiteliale. La differenza più evidente è certamente nel dato di DGAT2. Infatti, nel modello epiteliale, che mostra una elevata espressione di DGAT2, il silenziamento indotto di β -catenina non induce alcuna modifica di espressione dell'enzima. Ciò significa che l'effetto di aumento dell'espressione di DGAT2 osservato nelle cellule MDA-231 è certamente dovuto ad un effetto indotto da β -catenina su qualche fattore mesenchimale tipico di questo modello. La differenza molecolare più evidente tra i due modelli sta proprio nell'espressione dei fattori di trascrizione mesenchimali, tra cui Zeb1. Per verificare un possibile ruolo di regolazione di Zeb1 sull'espressione di DGAT2, abbiamo silenziato l'espressione di Zeb1 utilizzando un vettore lentivirale contenente uno shRNA diretto contro il suo messaggero (ZEB1 shRNA Lentiviral Particles, Santa Cruz). I risultati dell'analisi di qPCR ottenuti sul clone silenziato di MDA-231 shZeb1 dimostrano un aumento dei livelli di DGAT2 confermando l'ipotesi che possa essere proprio Zeb1 ad agire come fattore di repressione dell'espressione del gene (Figura 7).

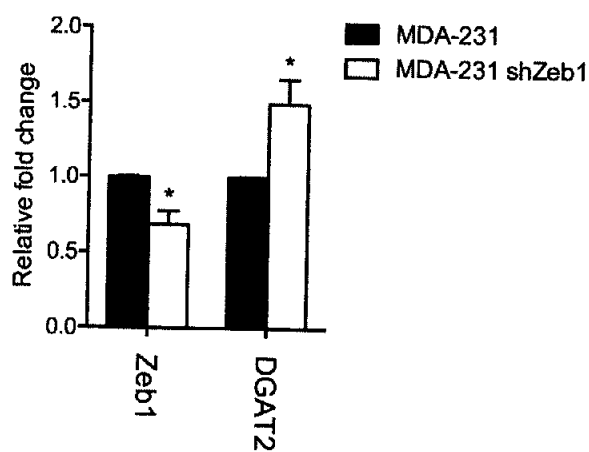


Figura 7. Analisi di espressione di DGAT2 nel modello cellulare MDA-231. I livelli di Zeb1 e DGAT2 sono stati determinati tramite qPCR nelle cellule scramble ed shZeb1. *P* value * < 0.05,

- Risultato raggiunto: il fattore di trascrizione *Zeb1* modifica la sua espressione in modelli cellulari di microglia umana stimolati con IFN- γ .

Il processo di attivazione microgliale è un fenomeno complesso, caratterizzato dall'acquisizione di diversi fenotipi funzionali, schematicamente rappresentati dai fenotipi M1 e M2, associati rispettivamente a funzioni neurotossiche e neuroprotettive. L'acquisizione di tali fenotipi dipende da un insieme di fattori locali, associati a specifiche patologie o a specifici stadi della patologia. I meccanismi che sottendono l'acquisizione dei fenotipi M1 e M2 e che ne regolano l'equilibrio dinamico sono oggetto di intense ricerche in quanto la loro definizione può offrire nuove possibilità terapeutiche per limitare gli effetti negativi della neuroinfiammazione e per promuovere la neuroprotezione.

Per caratterizzare le modificazioni molecolari indotte dalla stimolazione di cellule di microglia umane con citochine pro- e anti-infiammatorie, sono state sottoposte ad analisi proteomica:

- la linea cellulare di microglia umana CHME-5 controllo (fenotipo M0), mantenuta in condizioni normali di crescita,

- la linea cellulare di microglia umana CHME-5 trattata con IFN- γ (fenotipo M1) o IL-4 (fenotipo M2).

I dati dell'analisi proteomica dei fenotipi M0, M1 ed M2 sono stati analizzati tramite il software Perseus. In figura 8 sono riportati graficamente i risultati ottenuti. In dettaglio, in figura è riportata una heat-map creata organizzando i campioni dei tre gruppi di studio (ciascun campione è stato analizzato in triplicato in tre esperimenti indipendenti) in colonna e le proteine differenzialmente espresse in righe. In rosso, sono evidenziate le proteine sovra-regolate, in verde, quelle sottoregolate in ciascun gruppo. Sono stati così definiti tre cluster principali, ciascuno corrispondente ai tre campioni analizzati. Questo significa che dal punto di vista proteico, l'attivazione delle cellule verso lo stato M1 o M2 comporta modificazioni molecolari che permettono di definire in maniera univoca i diversi fenotipi.

L'analisi statistica permette di definire 5 cluster o gruppi di proteine differenzialmente espresse nei vari fenotipi, ed elencate in tabella 1. Al primo gruppo appartengono 16 proteine che sono sottoregolate nel fenotipo M1 rispetto a quelli M0 e M2, al gruppo 2 appartengono 24 proteine che aumentano la loro espressione nei gruppi M1 e M2 rispetto al controllo, al terzo gruppo appartengono 5 proteine che al contrario diminuiscono la loro espressione nei gruppi M1 e M2, al quarto gruppo appartengono 33 proteine che diminuiscono di espressione nel gruppo M2, all'ultimo gruppo appartengono 49 proteine sovra-regolate nel fenotipo M1. E' chiaro quindi che l'attivazione dei due diversi fenotipi induce nelle cellule di microglia modificazioni proteiche specifiche, potenzialmente legate alle caratteristiche pro- od anti-infiammatorie del fenotipo stesso.

Uno studio bioinformatico di *gene ontology* è stato condotto sui cinque gruppi di proteine differenzialmente espresse, per definire la presenza di possibili processi o funzioni cellulari arricchite nei vari gruppi. In dettaglio, si osserva che alcune KEGG *pathway* sono statisticamente arricchite:

- *cluster 2, pathway* del ribosoma e dello spliceosoma
- *cluster 5, pathway* di processamento e presentazione dell'antigene

Il *cluster 5* rappresenta un gruppo di proteine sovra-regolate dopo stimolo con IFN- γ . Questa molecola è un potente immunomodulatore con numerosi effetti biologici su diversi tipi cellulari.

Come evidenziato in tabella 1, lo stimolo con IFN- γ aumenta il processamento e la presentazione degli antigeni nelle cellule di microglia, andando ad aumentare l'espressione di proteine appartenenti alla classe MHC di tipo I di presentazione antigenica. Questi risultati sono in accordo con la sovra-regolazione delle proteine ribosomiali osservata nel cluster 2. Infatti, la presentazione antigenica mediata dal complesso MHC di classe I inizia con la generazione di peptidi dopo rottura proteolitica delle proteine. L'IFN- γ regola l'espressione genica di diverse subunità del proteasoma così come del regolatore PA28. Questo implica un ruolo di queste *pathway* nella degradazione e presentazione antigenica. I meccanismi molecolari di regolazione alla base di questo processo sono complessi e coinvolgono diverse proteine chinasi. STAT1 e STAT2 sono entrambe coinvolte nella regolazione di queste *pathway* ed entrambe identificate come differenzialmente espresse nel *cluster* 5. Possiamo quindi ipotizzare che l'IFN- γ agisca tramite queste due chinasi per regolare l'espressione dei diversi membri della classe MHC di tipo I.

Rimane da definire quali fattori di trascrizione possano essere modulati dopo attivazione delle chinasi STAT. Abbiamo valutato la possibilità che tra questi possa esserci Zeb1. L'analisi condotta tramite qPCR dimostra una sovra-espressione di Zeb1 nelle cellule con fenotipo M1 rispetto ai controlli. Sarà ora importante chiarire in studi successivi il ruolo funzionale di Zeb1 nell'attivazione del fenotipo infiammatorio, il *network* di geni regolati a valle, e le vie di segnale che portano all'attivazione del fattore di trascrizione.

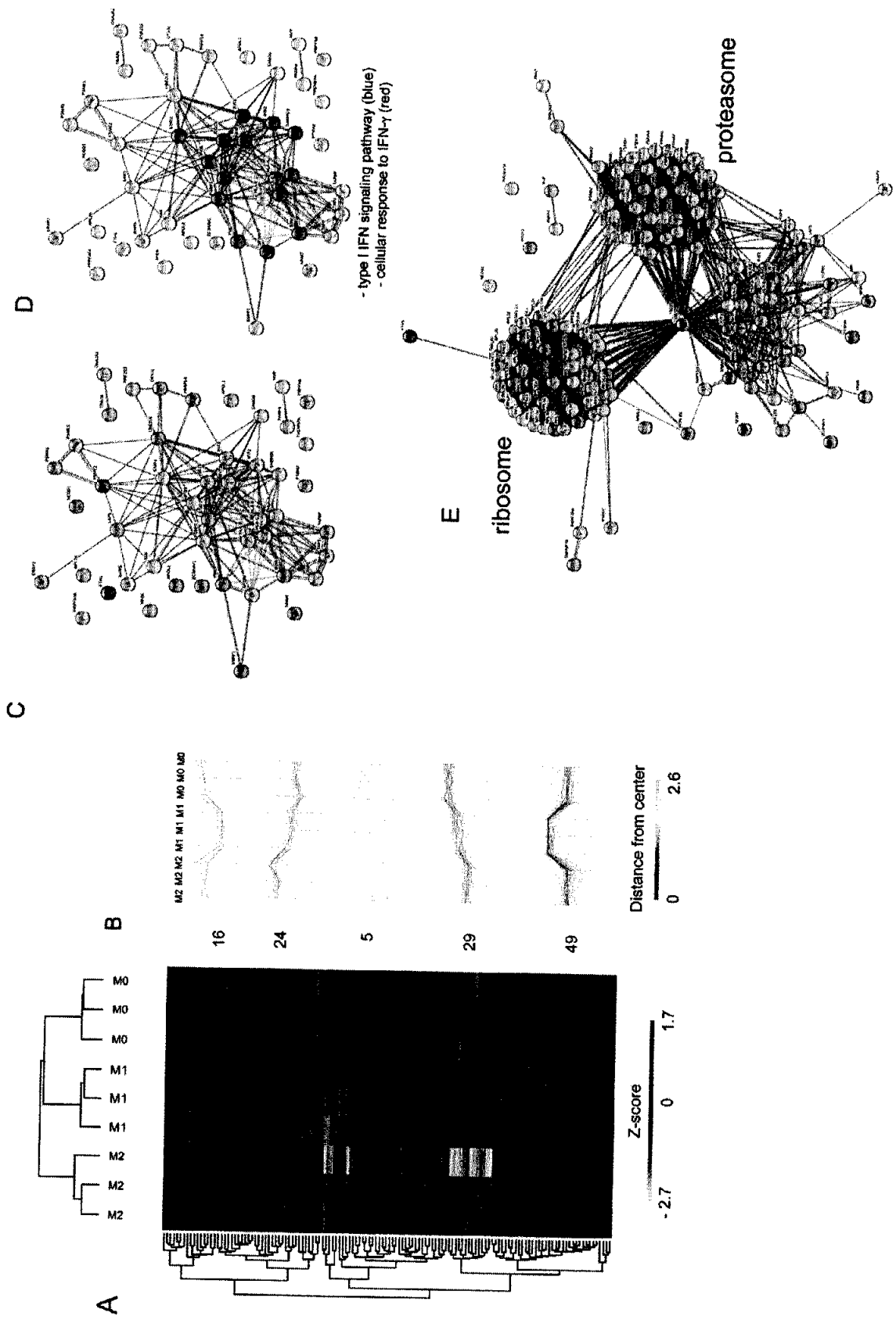


Figura 8. A) Heat-map delle proteine differenzialmente espresse isolate dai fenotipi M0, M1 e M2. Rosso, sovra-espressione; verde, sotto-regolazione. B) A destra sono evidenziati cinque principali gruppi di proteine sovra- e sotto-regolate nel fenotipo M0 rispetto a quello M1, ed M2. C) *Network* di interazione proteina-proteina del *cluster* di proteine sovra-regolate nei campioni M1. D) In blu e rosso sono indicate le proteine coinvolte nelle vie di segnalazione e nella risposta cellulare dell'IFN- γ . E) Il network di interazione è stato allargato ad ulteriori 100 interattori. Due principali gruppi di proteine sono emerse da questa analisi: proteine ribosomiali e del proteasoma.

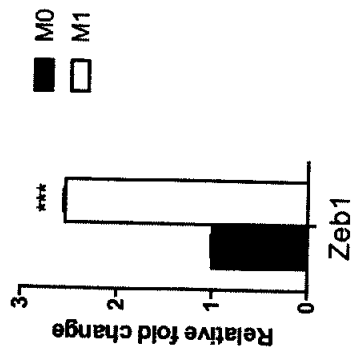


Figura 9. Analisi mediante qPCR dei livelli di espressione di Zeb1 nelle cellule di glia CHME.5 stimulate con IFN- γ (M1) rispetto a cellule non stimulate M0. *P* value *** $<$ 0.001.

Tabella 1. Lista delle proteine differenzialmente espresse.

<i>Cluster 1</i>	<i>Cluster 2</i>	<i>Cluster 3</i>	<i>Cluster 4</i>	<i>Cluster 5</i>
Gene names	Gene names	Gene names	Gene names	Gene names
FADS1	HIST1H2	MSH3	UGDH	KIF2A
GLS	FTH1	SRSF6	CTNND1	APOL1
FN1	HIF0	TMED1	FLNB	IFIT3
OAT	SNRNP70	TMCO1	HEXA	UBE2L6
LAMB1	TPM1	ACSS3	HSPA1A	TAPBP
SPARC	H2AF		SNRPA	EIF5B
PSMB5	HIST1H1		PYGB	PRPF40A
TKT	RPL28		NUP214	ISG15
COL18A1	RPS10		GPD2	IFIT2
FASN	RPL23A		PSMD4	IFIT1
HSPG2	RPS15		GEMIN4	HLA-E
CKAP5	RPL32		SPTBN1	HLA-A
FSCN1	TRA2B		GPS1	WARS
TRMT61A	TPM4		TSTA3	SP100
AS3MT	SF3A2		CAMK1	PSMB9
HELLS	SF1		TWF2	PSMA5
	HP1BP3		COPS6	LAP3
	HOOK3		LMO7	PML
	STAG2		TFG	HLA-B
	CDKN2A		ATP6V0A1	HLA-C
	S100A16		AIDA	DNAJA1
	WBP11		RBM17	GBP1
	PTRH2		GFM1	NNMT
	LOXL2		PRMT1	STAT1
			EHD1	STAT2
			RCOR	B2M
			SLC25A13	IFI35
			TLN1	TAP1
			SAMM50	TAP2
				HLA-B
				PSME1
				SSRP1
				NMI
				PRPF4B
				MVP
				PARP14
				SAMD9
				RNF213
				ERAP2
				ZC3HAV1
				TMEM87A
				NEDD1
				DTX3L
				XPO6
				APOL2
				ANAPC7
				PARP4
				PSME2
				SAMHD1

- **Aim3. organizzazione di un workshop internazionale inerente le tematiche della transizione epitelio mesenchimale e della systems biology**

L'11 di Giugno si è tenuto presso la sala del Rettorato, un workshop internazionale dal titolo: "New frontiers in systems biology: biological, technological and computational aspects". Il programma dettagliato dell'evento è riportato nell'allegato 2 Workshop Program. Tematica principale dell'incontro è stata la systems biology. Tale approccio di studio si fonda sull'interazione funzionale di dati biologici complessi, ed è sostenuta da tre principali "pilastri" che sono gli studi biologici, tecnologici e computazionali. La biologia stabilisce quali questioni scientifiche debbano essere affrontate, e gli altri due approcci forniscono gli strumenti perché tali problematiche possano essere risolte, producendo nuove informazioni che sostengono ed alimentano nuova ricerca in campo biologico. Alla luce di questo, il workshop è stato organizzato in due sessioni, una dedicata a nuovi approcci biologici di frontiera, la seconda, più incentrata sugli aspetti tecnologici e computazionali. L'evento ha visto la partecipazione di relatori nazionali ed internazionali, che hanno esposto e discusso i loro interventi di fronte ad una platea costituita da studenti, PhD, e docenti dell'Università del Salento. L'evento è culminato in una piccola tavola rotonda nella quale i vari gruppi scientifici hanno discusso della possibilità di attivare programmi di ricerca e di scambio comuni.

Altre attività direttamente imputabili con il progetto

La collaborazione instaurata tra i gruppi di ricerca dell'Università del Salento e quello dell'Università di Lille, ha permesso di attivare programmi di scambio di studenti e ricercatori su tematiche inerenti il progetto 5 per mille. In dettaglio, sono stati presentati e finanziati due programmi Erasmus: un progetto Erasmus Student Traineeship, la cui vincitrice è la studentessa del corso di Laurea in Biotecnologie Chiara Coricciati, ed un programma Erasmus Training, il cui vincitore è il proponente del progetto 5 per mille, dr. Daniele Vergara. Entrambe le attività verranno svolte in Francia, presso l'Università di Lille 1, INSERM, U1192 - Laboratoire Protéomique, Réponse Inflammatoire et Spectrométrie de Masse (PRISM), F-59000.

Abstract presentati a congressi scientifici internazionali

- 1) Vergara D, De Domenico S, Ragusa A, Lunetti P, Gaballo A, Franck J, Capobianco L, Simeone P, Fournier I, Salzet M, Giudetti AM, Maffia M (2018) A systems biology approach for dissecting the epithelial mesenchymal transition metabolic program, BioMed Conference Mechanisms of Metastasis, March 12-14, Barcelona, Spain
- 2) De Domenico S, Stanca E, Guerra F, Priore P, Gaballo A, Franck J, Simeone P, Trerotola M, Fournier I, Bucci C, Salzet M, Maffia M, Giudetti AM, Vergara D (2018) β -catenin knockdown affects mitochondrial biogenesis and lipid metabolism in breast cancer cells, BioMed Conference Mechanisms of Metastasis, March 12-14, Barcelona, Spain

Attività seminari

- 1) Vergara D (2018) A systems biology approach for dissecting the epithelial mesenchymal transition metabolic program, March 8, Istituto Scientifico Romagnolo per lo Studio e la Cura dei Tumori (IRST) IRCCS, Meldola (Forlì), Italy

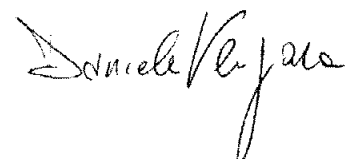
Pubblicazioni scientifiche su riviste con impact factor

- 1) Giudetti AM, De Domenico S, Ragusa A, Lunetti P, Gaballo A, Franck J, Nicolardi G, De Nuccio F, Santino A, Capobianco L, Lanuti P, Simeone P, Fournier I, Salzet M, Maffia M, Vergara D, A specific lipid metabolic profile is associated with the epithelial mesenchymal transition program, BBA Molecular and Cell Biology of Lipids, Submitted
- 2) Vergara D, The multiverse nature of EMT, Seminars in Cancer Oncology, In preparation, invited review
- 3) Vergara D, Nigro A, Franck J, Romano A, Quattrini A, Furlan R, Fournier I, Salzet M, Maffia M, Mass spectrometry label-free analysis of human microglia cells treated with INF- γ and IL-4, Frontiers in Physiology, In preparation
- 4) Lunetti P, Di Giacomo M, Vergara D, De Domenico S, Maffia M, Zara V, Capobianco L, Ferramosca A, Mitochondrial bioenergetics mediates metabolic reprogramming during EMT in breast cancer, BBA Bioenergetics, Submitted

Lecce,

26, Giugno, 2018

Firma



5 PER MILLE PER LA RICERCA

ANNO 2015- BANDO 2017

Referente Scientifico Dott. Daniele Vergara

"*Putting Zeb1 in context: ruolo fisio-patologico del fattore di trascrizione Zeb1 nel processo di transizione epitelio mesenchimale*"

CUP F87G180000000001

SPESA PER STAGE E SCAMBI SCIENTIFICI						
descrizione	Importo	data missione	num. mandato di pagamento	data mandato di pagamento		
MISSIONE A Lille (Francia) DANIELE VERGARA	959,43	DAL 16 AL 26 APRILE 2018	3447	01/06/2018		
Missione a Meldola (FC) RAGUSA ANDREA	273,16	08/03/2018	3576	30/05/2018		
Missione a Barcellona (Spagna) DANIELE VERGARA	430,88	11/03/2018	3581	01/06/2018		
Missione a Meldola (FC) GIUDETTI ANNA MARIA	273,16	08/03/2018	4004	14/06/2018		
Rimborso spese missione a Lecce Dott. Roversi Pietro	216,48	dal 9 al 12/06/2018	4042	15/06/2018		
Rimborso spese missione a Lecce Dott. Bonafè Massimiliano	281,30	dal 10 al 12/06/2018	4040	15/06/2018		
Rimborso spese missione a Lecce Dott. Fanck Julien	595,46	dal 10 al 12/06/2018	4055	15/06/2018		
Rimborso spese missione a Lecce Dott. Trebotola Marco	94,80	dal 10 al 12/06/2018	4073	15/06/2018		
Rimborso missione a Lecce Dott. Wiszotorski Maxence	718,23	dal 10 al 12/06/2018	4088	18/06/2018		
Rimborso missione a Lecce Dott. Storci Gianluca	281,30	dal 10 al 12/06/2018	4178	19/06/2018		
Rimborso missione a Lecce Dott.ssa Pieragostino Damiana	337,67	dal 10 al 12/06/2018	4179	19/06/2018		
	4.461,87					

ATTIVITA' DI DIVULGAZIONE DEI RISULTATI

descrizione	PERCIPIENTE	importo	num. fattura	data fattura	num. mandato di pagamento	data mandato di pagamento
Servizio di catering	C & C srl	1.930,50	5	11/06/2018	4351	26/06/2018
		1.930,50				

ALTRI COSTI DI ESERCIZIO

descrizione	PERCIPIENTE	importo	num. fattura	data fattura	num. mandato di pagamento	data mandato di pagamento
Materiale di consumo da laboratorio	BIOGENERICA SRL	200,00	242/PA/2018	43273	4304	25/06/2018
		200,00				

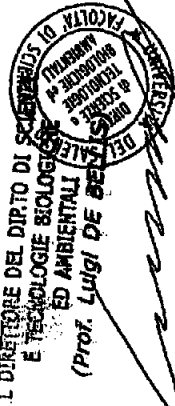
RF



ACQUISTO ATTREZZATURE TECNICO SCIENTIFICHE						
descrizione	PERCIPIENTE	importo	num. fattura	data fattura	num. mandato di pagamento	data mandato di pagamento
4471136 FLOID CELL IMAGING STATION (Microscopio a fluorescenza)	LIFE TECHNOLOGIES ITALIA,	9.400,10	18967837	27/03/2018	2232	12/04/2018
1704155 MP TET, 4GEL, 1.5MM, 10%TGX (Sistema per elettroforesi a trasferimento rapido di proteine)	BIO-RAD LABORATORIES SRL	1.098,00	S01/21813919	21/05/2018	3730	05/06/2018
1704155 TRANS- BLOT TURBO STARTR SYSTEM (Sistema per elettroforesi a trasferimento rapido di proteine)	BIO-RAD LABORATORIES SRL	2.440,00	S01/21814370	28/05/2018	3730	05/06/2018
		12.938,10				

BUDGET DI PROGETTO (rimodulazione approvata con D.R. n. 365 del 21/06/2018)	SPESO
SPESA PER STAGE E SCAMBI SCIENTIFICI	4.461,87
ATTIVITA' DI DIVULGAZIONE DEI RISULTATI	1.930,50
ALTRI COSTI DI ESERCIZIO	200,00
ACQUISTO ATTREZZATURE TECNICO SCIENTIFICHE	12.938,10
	21.200,00
	19.530,47

IL DIRETTORE DEL DIRTO DI SCIENZE E TECNOLOGIE BIOLOGICHE ED AMBIENTALI
(Prof. Luigi De Bellis)



[Handwritten mark]

FALSO	High	Master Protein	P23245	Splicing factor, proline- and glutamine-rich OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SFPO PE=1 SV=2	0	378,344	57	43	139	42	1	707	76.1	9.44	416.83	43	High
FALSO	High	Master Protein	Q15233	Non-PDU domain-containing octamer-binding protein OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NONO PE=1 SV=4	0	375,624	73	45	213	44	1	471	54.2	8.95	600.12	45	High
FALSO	High	Master Protein	P43243	Matrin-3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MATR3 PE=1 SV=2	0	374,583	58	53	117	53	1	847	94.5	6.25	316.7	53	High
FALSO	High	Master Protein	P22626	Heterogeneous nuclear ribonucleoproteins A2/B1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=HNRNPA2B1 PE=1 SV=2	0	373,712	76	34	198	30	1	353	37.4	8.95	633.78	34	High
FALSO	High	Master Protein	O60506	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein Q OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SYNCRIP PE=1 SV=2	0	373,194	58	42	121	35	1	673	69.6	8.59	360.48	42	High
FALSO	High	Master Protein	P49792	E3 SUMO-protein ligase RanBP2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RANBP2 PE=1 SV=2	0	365,199	32	71	93	71	1	3224	358	6.2	245.63	71	High
FALSO	High	Master Protein	P06748	Nucleophosmin OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NPM1 PE=1 SV=2	0	363,839	68	22	195	22	1	294	32.6	4.78	807.99	22	High
FALSO	High	Master Protein	P12814-3	Isoform 3 of Alpha-actinin-1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ACTN1	0	349,045	62	53	116	32	1	914	105.5	5.41	316.98	53	High
FALSO	High	Master Protein	P68104	Elongation factor 1-alpha OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EEF1A1 PE=1 SV=1	0	346,061	74	30	160	18	1	462	50.1	9.01	504.04	30	High
FALSO	High	Master Protein	P17956	X-ray repair cross-complementing protein 6 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=XRCC6 PE=1 SV=2	0	341,306	65	47	116	47	1	609	69.8	6.64	319.37	47	High
FALSO	High	Master Protein	P26599-3	Isoform 3 of Poly(pyrimidine tract-binding protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PTBP1	0	331,223	69	29	95	26	1	557	59.6	9.16	323.12	29	High
FALSO	High	Master Protein	Q00941	Vigilin OS=Homo sapiens OX=9606 GN=HDLBP PE=1 SV=2	0	326,145	49	56	85	55	1	1268	141.4	6.87	239.3	56	High
FALSO	High	Master Protein	O92841	Probable ATP-dependent RNA helicase DDX17 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DDX17 PE=1 SV=2	0	324,418	57	47	129	37	1	729	80.2	8.27	320.48	47	High
FALSO	High	Master Protein	Q11263	Transcription intermediary factor 1-beta OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TRIM28 PE=1 SV=5	0	316,328	59	36	86	36	1	835	88.5	5.77	284.62	36	High
FALSO	High	Master Protein	Q00650	Clathrin heavy chain 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CLTC PE=1 SV=5	0	316,059	37	51	78	51	1	1675	191.5	5.69	234.46	51	High
FALSO	High	Master Protein	Q98060-2	Isoform 2 of Myb-binding protein 1A OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MYBBP1A	0	314,378	39	51	88	51	1	1332	149.3	9.28	234.32	51	High
FALSO	High	Master Protein	Q43390	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein R OS=Homo sapiens OX=9606 GN=HNRNP R PE=1 SV=1	0	312,298	51	40	112	2	1	633	70.9	8.13	289.62	40	High
FALSO	High	Master Protein	Q14690	Protein RRP5 homolog OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PRDC11 PE=1 SV=3	0	305,981	44	62	83	62	1	1871	208.6	8.87	211.98	62	High
FALSO	High	Master Protein	P61978-3	Isoform 3 of Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein K OS=Homo sapiens OX=9606 GN=HNRNPK	0	302,474	63	35	130	35	1	440	48.5	5.54	394.1	35	High
FALSO	High	Master Protein	Q43390-2	Isoform 2 of Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein R OS=Homo sapiens OX=9606 GN=HNRNPR	0	299,262	51	39	109	1	1	636	71.2	8.13	282.87	39	High
FALSO	High	Master Protein	P36578	60S ribosomal protein L4 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RPL4 PE=1 SV=5	0	296,62	51	32	92	32	1	427	47.7	11.06	299.88	32	High
FALSO	High	Master Protein	P07437	Tubulin beta chain OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TUBB PE=1 SV=2	0	295,405	75	33	108	6	1	444	49.6	4.89	336.95	33	High
FALSO	High	Master Protein	P31943	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein H OS=Homo sapiens OX=9606 GN=HNRNPH1 PE=1 SV=4	0	293,613	62	29	127	19	1	449	49.2	6.3	421.42	29	High
FALSO	High	Master Protein	O60264	SWI/SNF-related matrix-associated actin-dependent regulator of chromatin subfamily A member 5 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SMARCA5 PE=1 SV=1	0	293,432	48	55	107	34	1	1052	121.8	8.09	255.75	55	High
FALSO	High	Master Protein	P26358-2	Isoform 2 of DNA (cytosine-5)-methyltransferase 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DNMT1	0	291,871	35	53	77	53	1	1632	184.7	7.85	205.87	53	High
FALSO	High	Master Protein	P53396	ATP-citrate synthase OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ACLY PE=1 SV=3	0	290,556	55	56	101	56	1	1101	120.8	7.33	245.91	56	High
FALSO	High	Master Protein	Q15993	Splicing factor 3B subunit 3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SF3B3 PE=1 SV=4	0	288,083	38	46	82	46	1	1217	135.5	5.26	230.14	46	High
FALSO	High	Master Protein	O00567	Nucleolar protein 55 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NOP56 PE=1 SV=4	0	287,748	62	31	75	31	1	594	66	9.19	231.46	31	High
FALSO	High	Master Protein	P11142	Heat shock cognate 71 kDa protein OS=Homo sapiens OX=9606 GN=HSPAB PE=1 SV=1	0	283,147	49	34	82	31	1	646	70.9	5.52	239.46	34	High
FALSO	High	Master Protein	P63244	Receptor of activated protein C kinase 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RACK1 PE=1 SV=3	0	282,248	86	27	65	27	1	317	35.1	7.69	247.79	27	High

FALSO	High	Master Protein	O68P4	Paraneoplastic antigen-like protein 5 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PNM4S PE=1 SV=2	0	281,822	72	32	103	31	1	448	49.9	6.73	296.18	32	High	
FALSO	High	Master Protein	P28370	Probable global transcription activator SNF2L1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SMARCA1 PE=1 SV=2	0	279,96	49	59	87	1	1	1054	122.5	8.09	205.31	59	High	
FALSO	High	Master Protein	P28370.2	Isoform 2 of Probable global transcription activator SNF2L1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SMARCA1	0	278,95	50	59	87	1	1	1042	121.1	8.18	204.45	59	High	
FALSO	High	Master Protein	O99459	Cell division cycle 5-like protein OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CDCS1 PE=1 SV=2	0	273,995	65	41	71	41	1	802	92.2	8.18	208.8	41	High	
FALSO	High	Master Protein	P02545	Prelamin-A/C OS=Homo sapiens OX=9606 GN=LMNA PE=1 SV=1 Isoform 2 of ATPase family AAA domain-containing protein 3A OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ATAD3A	0	272,817	72	49	87	81	1	664	74.1	7.02	211.85	49	High	
FALSO	High	Master Protein	O9NV17.2	General transcription factor IIh OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ITF2L1 PE=1 SV=2	0	269,929	57	36	81	14	1	586	66.2	9.25	242.01	36	High	
FALSO	High	Master Protein	P7B347	Interleukin enhancer-binding factor 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ILF2 PE=1 SV=2	0	268,99	50	48	76	48	1	998	112.3	6.39	218.69	48	High	
FALSO	High	Master Protein	Q12905	ATP-dependent RNA helicase DDX1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DDX1 PE=1 SV=2	0	266,956	83	26	72	26	1	390	43	5.26	235.75	26	High	
FALSO	High	Master Protein	Q92489	Tubulin beta-4B chain OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TUBB4B PE=1 SV=1	0	260,907	62	39	67	39	1	740	82.4	7.23	197.65	39	High	
FALSO	High	Master Protein	P68371	DNA replication licensing factor MCM4 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MCM4 PE=1 SV=5	0	258,842	74	31	90	3	1	445	48.8	4.89	274.13	31	High	
FALSO	High	Master Protein	P33991	E3 ubiquitin-protein ligase UHRF1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=UHRF1 PE=1 SV=1	0	256,827	53	38	65	38	1	863	96.5	6.74	186.32	38	High	
FALSO	High	Master Protein	Q96188	Pre-mRNA-processing factor 6 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PRPF6 PE=1 SV=1	0	252,166	62	41	79	39	1	793	89.8	7.56	237.25	41	High	
FALSO	High	Master Protein	O94906	RNA 2'-O-methyltransferase fibrillarin OS=Homo sapiens OX=9606 GN=FBL PE=1 SV=2	0	251,638	51	47	75	47	1	941	106.9	8.25	182.61	47	High	
FALSO	High	Master Protein	P22087	Isoform C of Prelamin-A/C OS=Homo sapiens OX=9606 GN=LMNA RNA cytidine acetyltransferase OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NAT10 PE=1 SV=2	0	246,068	67	26	85	85	26	1	321	33.8	10.18	241.55	26	High
FALSO	High	Master Protein	O2545.2	Nucleolar protein 58 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NOP58 PE=1 SV=1	0	243,626	72	45	81	1	1	572	65.1	6.84	193.34	45	High	
FALSO	High	Master Protein	Q9H0A0	Cytoskeleton-associated protein 4 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CKAP4 PE=1 SV=2	0	241,342	43	38	66	37	1	1025	115.7	8.27	191.05	38	High	
FALSO	High	Master Protein	Q9Y2X3	Procollagen-lysine,2-oxoglutarate 5-dioxygenase 3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PLOD3 PE=1 SV=1	0	241,085	55	32	74	32	1	529	59.5	8.92	216.13	32	High	
FALSO	High	Master Protein	Q9NU22	Fascin OS=Homo sapiens OX=9606 GN=FSCN1 PE=1 SV=3 Keratin, type II cytoskeletal 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=KRT11 PE=1 SV=6	0	239,682	12	47	58	47	1	5596	637.4	5.68	152.01	47	High	
FALSO	High	Master Protein	Q07065	60S ribosomal protein L3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RPL3 PE=1 SV=2	0	238,403	63	35	69	69	34	1	602	66	5.92	190.36	35	High
FALSO	High	Master Protein	O60568	Ribosomal L1 domain-containing protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RS1L1 PE=1 SV=3	0	235,619	55	36	64	36	1	738	84.7	6.05	153.57	36	High	
FALSO	High	Master Protein	Q16658	DNA replication licensing factor MCM7 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MCM7 PE=1 SV=4	0	235,46	69	32	55	32	1	493	54.5	7.24	186.29	32	High	
FALSO	High	Master Protein	P04264	Filamin-C OS=Homo sapiens OX=9606 GN=FLNC PE=1 SV=3 ATP-dependent RNA helicase DDX3X OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DDX3X PE=1 SV=3	0	233,311	57	27	83	27	1	403	46.1	10.18	238.9	27	High	
FALSO	High	Master Protein	P39023	Delta-1-pyrroline-5-carboxylate synthase OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ALDH1L1A1 PE=1 SV=2	0	231,935	47	28	69	69	28	1	490	54.9	10.13	184.6	28	High
FALSO	High	Master Protein	O76021	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein D-like OS=Homo sapiens OX=9606 GN=HNRNPDL PE=1 SV=3	0	230,868	62	36	65	65	36	1	719	81.3	6.46	178.42	36	High
FALSO	High	Master Protein	P33993	Bifunctional glutamate/proline--rRNA ligase OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EPRS PE=1 SV=5	0	230,623	24	46	60	39	1	2725	290.8	5.97	156.02	46	High	
FALSO	High	Master Protein	Q14315	MICOS complex subunit MIC60 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=IMMT PE=1 SV=1	0	228,392	54	32	66	31	1	662	75.2	7.18	171.59	32	High	
FALSO	High	Master Protein	O00571	Microsome complex subunit MIC60 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=IMMT PE=1 SV=1	0	228,049	51	33	70	33	1	795	87.2	7.12	199.52	33	High	
FALSO	High	Master Protein	P54886	Microsome complex subunit MIC60 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=IMMT PE=1 SV=1	0	226,919	50	29	74	26	1	420	46.4	9.57	180.72	29	High	
FALSO	High	Master Protein	O14979	Microsome complex subunit MIC60 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=IMMT PE=1 SV=1	0	225,235	42	46	61	46	1	1512	170.5	7.33	161.73	46	High	
FALSO	High	Master Protein	P07814	Microsome complex subunit MIC60 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=IMMT PE=1 SV=1	0	224,47	49	33	57	33	1	758	83.6	6.48	163.02	33	High	

FALSO	High	Master Protein	QB9VA1	Tubulin beta-2B chain OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TUBB2B PE=1 SV=1	0	220,905	65	27	75	3	1	445	49.9	4.89	224.37	27	High
FALSO	High	Master Protein	P61247	40S ribosomal protein S8a OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RP53A PE=1 SV=2	0	220,832	68	30	70	30	1	264	29.9	9.73	171.63	30	High
FALSO	High	Master Protein	Q5T9A4	ATPase family AAA domain-containing protein 3B OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ATAD3B PE=1 SV=1	0	220,77	54	34	67	12	1	648	72.5	9.2	208.64	34	High
FALSO	High	Master Protein	P42166	Lamina-associated polypeptide 2, isoform alpha OS=Homo sapiens OX=9606 GN=LMP2 PE=1 SV=2	0	220,339	72	34	55	25	1	694	75.4	7.66	176.32	34	High
FALSO	High	Master Protein	Q14669-2	Isoform 2 of E3 ubiquitin-protein ligase TRIP12 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TRIP12	0	218,67	30	41	48	40	1	2025	225.8	8.4	149.92	41	High
FALSO	High	Master Protein	P62701	40S ribosomal protein S4, X isoform OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RP54X PE=1 SV=2	0	218,442	77	30	63	30	1	263	29.6	10.15	177.68	30	High
FALSO	High	Master Protein	P52948	Nuclear pore complex protein Nup98-Nup96 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NUP98 PE=1 SV=4	0	216,567	25	37	51	37	1	1817	197.5	6.4	152.92	37	High
FALSO	High	Master Protein	P55265-4	Isoform 4 of Double-stranded RNA-specific adenosine deaminase OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ADAR	0	216,104	34	37	60	2	1	1269	140.7	8.56	152.83	37	High
FALSO	High	Master Protein	Q9AVP1	ATP-dependent RNA helicase DDX18 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DDX18 PE=1 SV=2	0	214,859	61	32	62	32	1	670	75.4	9.5	173.29	32	High
FALSO	High	Master Protein	A6NHR9	Structural maintenance of chromosomes flexible hinge domain-containing protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SMCHD1 PE=1 SV=2	0	213.5	32	48	63	48	1	2005	226.2	7.3	151.93	48	High
FALSO	High	Master Protein	Q14103	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein D0 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=HNRNPD PE=1 SV=1	0	212,566	46	29	80	1	1	355	38.4	7.81	200.46	29	High
FALSO	High	Master Protein	P90876	DNA-directed RNA polymerase II subunit RPB1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=POLR2B PE=1 SV=1	0	211,892	41	37	55	37	1	1174	133.8	6.87	147.67	37	High
FALSO	High	Master Protein	P24928	DNA-directed RNA polymerase II subunit RPB2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=POLR2A PE=1 SV=2	0	211,392	28	41	53	41	1	1970	217	7.37	151.17	41	High
FALSO	High	Master Protein	QBUM54	Pre-mRNA-processing factor 19 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PRPF19 PE=1 SV=1	0	209,704	70	25	62	25	1	504	55.1	6.61	180.28	25	High
FALSO	High	Master Protein	Q14105-2	Isoform 2 of Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein D0 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=HNRNPD	0	209,51	47	39	80	1	1	336	36.2	8.1	199.38	29	High
FALSO	High	Master Protein	P49736	DNA replication licensing factor MCM2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MCM2 PE=1 SV=4	0	208,803	45	33	54	33	1	904	101.8	5.52	155.51	33	High
FALSO	High	Master Protein	Q9NT15	Sister chromatid cohesion protein PDS5 homolog B OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PDS5B PE=1 SV=1	0	207,842	31	39	56	33	1	1447	164.6	8.47	135.51	39	High
FALSO	High	Master Protein	P50570-2	Isoform 2 of Dynamin-2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DNM2	0	204,841	50	37	61	3	1	866	97.6	7.64	155.96	37	High
FALSO	High	Master Protein	P55265-2	Isoform 2 of Double-stranded RNA-specific adenosine deaminase OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ADAR	0	200,389	36	36	56	1	1	1200	133.2	8.51	146.36	36	High
FALSO	High	Master Protein	Q13833-2	Isoform 2 of Spliceosome RNA helicase DDX39B OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DDX39B	0	200,108	59	24	58	11	1	443	50.6	5.88	163.27	24	High
FALSO	High	Master Protein	P50570-3	Isoform 3 of Dynamin-2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DNM2	0	199,642	50	37	61	3	1	866	97.5	7.65	155.34	37	High
FALSO	High	Master Protein	Q29R77	Sister chromatid cohesion protein PDS5 homolog A OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PDS5A PE=1 SV=1	0	199,51	37	35	50	29	1	1337	150.7	7.91	138.38	35	High
FALSO	High	Master Protein	Q15459	Splicing factor 3A subunit 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SFA1 PE=1 SV=1	0	198,062	47	34	64	34	1	793	88.8	5.22	171.28	34	High
FALSO	High	Master Protein	Q13151	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein A0 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=HNRNP40 PE=1 SV=1	0	195,659	53	20	65	18	1	305	30.8	9.29	217.56	20	High
FALSO	High	Master Protein	Q9H484	Nucleolar protein 6 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NOL6 PE=1 SV=2	0	194,994	39	34	57	34	1	1146	127.5	7.64	140.83	34	High
FALSO	High	Master Protein	O75691	Small subunit processome component 20 homolog OS=Homo sapiens OX=9606 GN=UTP20 PE=1 SV=3	0	194,434	18	48	60	48	1	2785	318.2	7.39	132.17	48	High
FALSO	High	Master Protein	Q14204	Cytoplasmic dynein 1 heavy chain 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DYNC1H1 PE=1 SV=5	0	194,246	13	42	50	42	1	4646	532.1	6.4	124.32	42	High
FALSO	High	Master Protein	Q96KR1	Zinc finger RNA-binding protein OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ZFR PE=1 SV=2	0	193,607	38	32	53	32	1	1074	116.9	9.04	148.2	32	High
FALSO	High	Master Protein	P18754-2	Isoform 2 of Regulator of chromosome condensation OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RCC1	0	193,488	65	20	49	20	1	452	48.1	8.16	168.52	20	High

FALSE	High	Master Protein	P11586	C-1-tetrahydrofolate synthase, cytoplasmic OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MTFHD1 PE=1 SV=3	0	166,25	41	30	43	30	1	995	101,5	7,3	120,8	30 High
FALSE	High	Master Protein	Q14008-3	Isoform 3 of Cytoskeleton-associated protein 5 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CKAP5	0	165,603	21	37	51	37	1	2039	226,1	7,77	121,68	37 High
FALSE	High	Master Protein	Q9NZ18	Insulin-like growth factor 2 mRNA-binding protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=IGF2BP1 PE=1 SV=2	0	165,294	53	30	56	28	1	577	63,4	9,2	130,96	30 High
FALSE	High	Master Protein	P26368	Splicing factor U2AF 65 kDa subunit OS=Homo sapiens OX=9606 GN=U2AF2 PE=1 SV=4	0	164,52	47	18	48	18	1	475	53,5	9,09	158,43	18 High
FALSE	High	Master Protein	P04843	Dolichyl-diphosphooligosaccharide-protein glycosyltransferase subunit 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RPN1 PE=1 SV=1	0	164,408	56	26	45	26	1	607	68,5	6,38	126,9	26 High
FALSE	High	Master Protein	P49916	DNA ligase 3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=LIG3 PE=1 SV=2	0	163,961	39	34	47	34	1	1009	112,8	9,01	107,12	34 High
FALSE	High	Master Protein	P23396	40S ribosomal protein S3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RP53 PE=1 SV=2	0	162,788	76	24	60	24	1	243	26,7	9,66	179,54	24 High
FALSE	High	Master Protein	Q8WXF1	Paraspeckle component 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PPC1 PE=1 SV=1	0	162,068	49	23	46	23	1	523	58,7	6,67	112,04	23 High
FALSE	High	Master Protein	P62081	40S ribosomal protein S7 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RP57 PE=1 SV=1	0	160,907	63	16	37	16	1	194	22,1	10,1	122,17	16 High
FALSE	High	Master Protein	Q15050	Ribosome biogenesis regulatory protein homolog OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RRS1 PE=1 SV=2	0	159,555	48	20	37	20	1	365	41,2	10,7	116,46	20 High
FALSE	High	Master Protein	Q9Y310	RNA-splicing ligase, RtcB homolog OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RTCB PE=1 SV=1	0	158,431	57	22	39	22	1	505	55,2	7,23	112,03	22 High
FALSE	High	Master Protein	Q92900	Regulator of nonsense transcripts 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RNPT1 PE=1 SV=2	0	157,75	40	31	44	31	1	1129	124,3	6,61	120,94	31 High
FALSE	High	Master Protein	P51610	Host cell factor 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=HCF1 PE=1 SV=2	0	157,63	21	28	43	1	1	2035	208,6	7,46	123,43	28 High
FALSE	High	Master Protein	Q8BQ39	ATP-dependent RNA helicase DDX50 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DDX50 PE=1 SV=1	0	157,003	51	29	45	25	1	737	82,5	9,17	121,71	29 High
FALSE	High	Master Protein	P78406	mRNA export factor OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RAE1 PE=1 SV=1	0	156,906	69	21	43	21	1	368	40,9	7,83	129,54	21 High
FALSE	High	Master Protein	P13639	Elongation factor 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EEF2 PE=1 SV=4	0	156,453	37	28	43	27	1	858	95,3	6,83	133,44	28 High
FALSE	High	Master Protein	Q9Y4A5	Transformation/transcription domain-associated protein OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TRRAP PE=1 SV=3	0	155,987	12	35	38	34	1	3859	437,3	8,19	88,8	35 High
FALSE	High	Master Protein	P51610-4	Isoform 4 of Host cell factor 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=HCF1	0	155,322	21	29	44	2	1	2079	213,3	7,33	124,61	29 High
FALSE	High	Master Protein	P02751-15	Isoform 15 of Fibronectin OS=Homo sapiens OX=9606 GN=FN1 H/JACA ribonucleoprotein complex subunit 4 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DKC1 PE=1 SV=3	0	154,828	20	29	33	29	1	2477	272,2	5,5	101,94	29 High
FALSE	High	Master Protein	O60832	Isoform 2 of Putative ATP-dependent RNA helicase DHX30 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DNX30	0	154,768	49	22	46	22	1	514	57,6	9,42	139,06	22 High
FALSE	High	Master Protein	Q7L2E3-2	Isoform 3 of Coronin-1C OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CORO1C Core histone macro-H2A.1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=H2AFY PE=1 SV=4	0	154,624	35	32	42	32	1	1222	136	8,6	118,85	32 High
FALSE	High	Master Protein	P05388	60S acidic ribosomal protein P0 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RP10 PE=1 SV=1	0	153,775	46	22	40	22	1	527	58,9	7,75	117,98	22 High
FALSE	High	Master Protein	P33992	DNA replication licensing factor MCM5 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MCM5 PE=1 SV=5	0	153,768	54	16	55	15	1	372	39,6	9,79	178,72	15 High
FALSE	High	Master Protein	Q11310-3	Isoform 3 of Polyadenylate-binding protein 4 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PABPC4	0	151,226	35	22	38	14	1	660	72,3	9,35	99,24	22 High
FALSE	High	Master Protein	O00148	ATP-dependent RNA helicase DDX39A OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DDX39A PE=1 SV=2	0	150,847	59	22	47	9	1	427	49,1	5,68	128,72	22 High
FALSE	High	Master Protein	Q96017	US small nuclear ribonucleoprotein 40 kDa protein OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SNRNP40 PE=1 SV=1	0	150,276	65	18	35	18	1	357	39,3	8,1	125,83	18 High
FALSE	High	Master Protein	P26641-2	Isoform 2 of Elongation factor 1-gamma OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EEF1G	0	150,273	41	20	53	20	1	487	56,1	7,72	150,52	20 High

Accession	Master Protein	High	Low	40	24	51	24	40	23	1	411	468	6,73	106,14	24	High
P88919	Master Protein	FALSO	High	51	24	149,549	0	149,549	23	1	411	468	6,73	106,14	24	High
P04075-2	Master Protein	FALSO	High	57	19	149,471	0	149,471	31	1	418	45,2	8,25	106,79	19	High
Q9UHD8	Master Protein	FALSO	High	55	28	148,25	0	148,25	34	1	586	65,4	8,97	111,56	28	High
Q9B067	Master Protein	FALSO	High	54	14	147,062	0	147,062	28	1	446	49,4	4,92	115,11	14	High
Q9HD54	Master Protein	FALSO	High	45	19	146,057	0	146,057	36	1	455	50,6	9,1	104,14	19	High
Q10570	Master Protein	FALSO	High	25	26	145,829	0	145,829	35	1	1443	160,8	6,4	101,95	26	High
Q15717-2	Master Protein	FALSO	High	56	18	145,427	0	145,427	44	1	353	39	9,45	124,95	18	High
P62917	Master Protein	FALSO	High	61	19	144,806	0	144,806	36	1	257	28	11,03	115,34	19	High
P07910-2	Master Protein	FALSO	High	51	19	144,805	0	144,805	81	3	293	32,3	5,08	184,36	19	High
Q51TH9	Master Protein	FALSO	High	31	31	144,157	0	144,157	44	31	1297	143,6	8,75	111,93	31	High
P31942	Master Protein	FALSO	High	69	17	143,797	0	143,797	51	16	346	36,9	6,87	151,48	17	High
Q94776	Master Protein	FALSO	High	49	23	143,379	0	143,379	43	20	668	75	9,66	118,93	23	High
P68366	Master Protein	FALSO	High	51	19	143,322	0	143,322	48	4	448	49,9	5,06	155,69	19	High
Q43395	Master Protein	FALSO	High	45	26	143,096	0	143,096	40	26	683	77,5	9,5	108,43	26	High
Q12874	Master Protein	FALSO	High	50	19	142,881	0	142,881	44	19	501	58,8	5,38	135,23	19	High
Q5NY93	Master Protein	FALSO	High	52	20	142,105	0	142,105	33	20	547	61,6	9,26	102,72	20	High
Q15019-2	Master Protein	FALSO	High	66	19	142,042	0	142,042	36	19	396	45,4	6,89	109,38	19	High
Q96M67	Master Protein	FALSO	High	47	20	140,62	0	140,62	40	20	567	64,6	9,76	122	20	High
P3527	Master Protein	FALSO	High	46	17	140,037	0	140,037	32	17	623	62	5,24	101,46	17	High
Q96F K6	Master Protein	FALSO	High	44	21	139,533	0	139,533	44	21	669	69,4	9,67	114,36	21	High
Q9UHX1-2	Master Protein	FALSO	High	49	19	139,486	0	139,486	38	19	542	58,1	5,35	127,48	19	High
Q15371	Master Protein	FALSO	High	43	18	138,841	0	138,841	28	18	548	63,9	6,05	86,64	18	High
Q13283	Master Protein	FALSO	High	55	18	138,364	0	138,364	42	18	466	52,1	5,52	130,87	18	High
Q9UBU9	Master Protein	FALSO	High	53	24	137,874	0	137,874	35	24	619	70,1	8,51	91,8	24	High
Q86L85	Master Protein	FALSO	High	27	35	137,443	0	137,443	44	35	1689	192,8	6,88	99,46	35	High
Q05639	Master Protein	FALSO	High	53	16	137,113	0	137,113	92	4	463	50,4	9,03	242,24	16	High
Q43660	Master Protein	FALSO	High	60	24	136,348	0	136,348	41	24	514	57,2	9,17	104,52	24	High
P68431	Master Protein	FALSO	High	65	14	135,47	0	135,47	72	2	136	15,4	11,12	163,89	14	High
Q6UB35	Master Protein	FALSO	High	37	25	135,33	0	135,33	32	25	978	105,7	8,06	90,69	25	High
Q14899-2	Master Protein	FALSO	High	20	26	134,368	0	134,368	33	22	1940	220,7	5,97	89,52	26	High

FALSO	High	Master Protein	P07910	Heterogeneous nuclear ribonucleoproteins C1/C2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=HNRNPC PE=1 SV=4	0	134,227	53	18	73	2	1	306	39.7	5.08	161.38	18	High
FALSO	High	Master Protein	P35658-3	Isoform 3 of Nuclear pore complex protein Nup214 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NUP214	0	133,903	19	26	35	26	1	2091	213.6	7.47	89	26	High
FALSO	High	Master Protein	Q43684	Mitotic checkpoint protein BUB3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=BUB3 PE=1 SV=1	0	132,746	62	16	34	16	1	328	37.1	6.84	100.26	16	High
FALSO	High	Master Protein	Q8WUJ0	Nuclear pore complex protein Nup133 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NUP133 PE=1 SV=2	0	131,539	33	24	31	24	1	1156	128.9	5.1	98.75	24	High
FALSO	High	Master Protein	R08865	60S ribosomal protein SA OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RP5A PE=1 SV=4	0	131,282	57	13	30	12	1	295	32.8	4.87	105.16	13	High
FALSO	High	Master Protein	Q03701	CCAAT/enhancer-binding protein zeta OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CEBPZ PE=1 SV=3	0	131,098	33	24	31	24	1	1054	120.9	5.94	89.22	24	High
FALSO	High	Master Protein	Q14566	DNA replication licensing factor MCM6 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MCM6 PE=1 SV=1	0	131,082	37	23	42	23	1	821	92.8	5.41	118.55	23	High
FALSO	High	Master Protein	Q92797	Symplekin OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SYMPK PE=1 SV=2	0	130,092	28	22	33	22	1	1274	141.1	6.13	82.18	22	High
FALSO	High	Master Protein	P10809	60 kDa heat shock protein, mitochondrial OS=Homo sapiens OX=9606 GN=HSPD1 PE=1 SV=2	0	129,799	49	21	31	21	1	573	61	5.87	94.27	21	High
FALSO	High	Master Protein	P19784	Casein kinase II subunit alpha OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CSNK2A2 PE=1 SV=1	0	129,706	58	19	27	17	1	350	41.2	8.56	76.47	19	High
FALSO	High	Master Protein	Q95137	Putative RNA-binding protein 15 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RBM15 PE=1 SV=2	0	128,776	32	23	32	22	1	977	107.1	10.08	103.66	23	High
FALSO	High	Master Protein	O60306	RNA helicase aquarius OS=Homo sapiens OX=9606 GN=AQR PE=1 SV=4	0	128,573	24	26	35	26	1	1485	171.2	6.37	94.25	26	High
FALSO	High	Master Protein	F31689	DnaJ homolog subfamily A member 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DNAJA1 PE=1 SV=2	0	128,425	48	16	31	15	1	397	44.8	7.08	109.21	16	High
FALSO	High	Master Protein	Q92956-2	Isoform 2 of Golgi apparatus protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=GLG1	0	128,328	27	23	29	23	1	1203	137.1	6.9	84.86	23	High
FALSO	High	Master Protein	Q96A64	Leucine-rich repeat-containing protein 59 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=LRC59 PE=1 SV=1	0	126,864	53	17	37	17	1	307	34.9	9.57	111.91	17	High
FALSO	High	Master Protein	Q9575	Ribonucleases P/MRP protein subunit POP1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=POP1 PE=1 SV=2	0	126,822	35	25	31	25	1	1024	114.6	9.22	82.85	25	High
FALSO	High	Master Protein	Q9028	Histone-binding protein RBBP4 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RBBP4 PE=1 SV=3	0	126,503	64	17	36	10	1	425	47.6	4.89	109.47	17	High
FALSO	High	Master Protein	P27635	60S ribosomal protein L10 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RP110 PE=1 SV=4	0	126,208	68	20	48	20	1	214	24.6	10.08	107.81	20	High
FALSO	High	Master Protein	Q71D13	Histone H3.2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=HIST3HA PE=1 SV=3	0	126,016	65	14	71	2	1	136	15.4	11.27	150.58	14	High
FALSO	High	Master Protein	Q6ZMU5	Tripartite motif-containing protein 72 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TRIM72 PE=1 SV=2	0	126,012	55	19	33	19	1	477	52.7	6.48	90.54	19	High
FALSO	High	Master Protein	Q9Y230	RuvB-like 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RUVBL2 PE=1 SV=3	0	125,462	51	23	36	23	1	463	51.1	5.64	101.96	23	High
FALSO	High	Master Protein	P62424	60S ribosomal protein L7a OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RP17A PE=1 SV=2	0	124,294	64	24	51	24	1	266	30	10.61	129.9	24	High
FALSO	High	Master Protein	Q96GM5	SWI/SNF-related matrix-associated actin-dependent regulator of chromatin subfamily D member 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SMARCD1 PE=1 SV=2	0	124,106	43	17	25	11	1	515	58.2	9.25	80.47	17	High
FALSO	High	Master Protein	Q43172	U4/U6 small nuclear ribonucleoprotein Prp4 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PRPF4 PE=1 SV=2	0	123,876	56	23	35	23	1	522	58.4	7.42	98.06	23	High
FALSO	High	Master Protein	Q99896	Serine/threonine-protein kinase VRK1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=VRK1 PE=1 SV=1	0	123,873	43	16	24	16	1	395	45.4	8.91	75.39	16	High
FALSO	High	Master Protein	Q9Y285	Phenylalanine--tRNA ligase alpha subunit OS=Homo sapiens OX=9606 GN=FARSA PE=1 SV=3	0	123,633	47	17	29	17	1	508	57.5	7.8	102.56	17	High
FALSO	High	Master Protein	Q96019	Actin-like protein 6A OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ACTL6A PE=1 SV=1	0	123,557	59	20	28	20	1	429	47.4	5.6	94.5	20	High
FALSO	High	Master Protein	Q02378	60S ribosomal protein L6 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RP16 PE=1 SV=3	0	123,085	49	19	50	19	1	288	32.7	10.58	139.66	19	High
FALSO	High	Master Protein	Q14498	RNA-binding protein 39 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RBM39 PE=1 SV=2	0	122,598	39	18	29	18	1	530	59.3	10.1	81.56	18	High

FALSO	High	P39748	Master Protein	Flap endonuclease 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=FEN1 PE=1 SV=1	0	121,743	56	19	34	19	1	380	42,6	8,62	83,64	19	High
FALSO	High	P55884-2	Master Protein	Isoform 2 of Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit B OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EIF3B	0	121,661	37	24	33	24	1	873	99	5,08	91,15	24	High
FALSO	High	Q1KMB3	Master Protein	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein U-like protein 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=HNRNPUL2 PE=1 SV=1	0	121,48	41	19	31	19	1	747	85,1	4,91	94,17	19	High
FALSO	High	Q13509	Master Protein	Tubulin beta-3 chain OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TUBB3 PE=1 SV=2	0	120,49	39	16	49	2	1	450	50,4	4,93	138,5	16	High
FALSO	High	Q12788	Master Protein	Transducin beta-like protein 3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TLB3 PE=1 SV=2	0	120,192	41	21	33	21	1	808	89	6,9	85,59	21	High
FALSO	High	Q99729-2	Master Protein	Isoform 2 of Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein A/B OS=Homo sapiens OX=9606 GN=HNRNPAB	0	119,369	39	20	51	19	1	332	35,9	6,95	122,55	20	High
FALSO	High	P27695	Master Protein	DNA (apurinic or pyrimidinic site) lyase OS=Homo sapiens OX=9606 GN=APEX1 PE=1 SV=2	0	119,183	62	14	23	14	1	318	35,5	8,12	88,74	14	High
FALSO	High	Q14444	Master Protein	Caprin-1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CAPRIN1 PE=1 SV=2	0	118,473	22	14	28	14	1	709	78,3	5,25	98,65	14	High
FALSO	High	Q96028	Master Protein	Histone-lysine N-methyltransferase NSD2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NSD2 PE=1 SV=1	0	118,183	26	21	28	21	1	1365	152,2	8,69	79,13	21	High
FALSO	High	Q9HCD5	Master Protein	Nuclear receptor coactivator 5 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NCOA5 PE=1 SV=2	0	118,16	54	20	35	20	1	579	65,5	9,6	89,68	20	High
FALSO	High	Q8N201	Master Protein	Integrator complex subunit 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=INTS1 PE=1 SV=2	0	116,843	16	27	31	27	1	2190	244,1	6,13	83,11	27	High
FALSO	High	Q9Y4W2	Master Protein	Ribosomal biogenesis protein LAS1L OS=Homo sapiens OX=9606 GN=LAS1L PE=1 SV=2	0	116,758	30	18	27	18	1	734	83	4,73	80,8	18	High
FALSO	High	Q07666	Master Protein	KH domain-containing, RNA-binding, signal transduction-associated protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=KHDRBS1 PE=1 SV=1	0	116,43	39	18	42	16	1	443	48,2	8,66	105,06	18	High
FALSO	High	P23258	Master Protein	Tubulin gamma-1 chain OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TUBG1 PE=1 SV=2	0	115,885	52	14	23	14	1	451	51,1	6,14	82,87	14	High
FALSO	High	Q968Y6	Master Protein	Dedicator of cytokinesis protein 10 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DOCK10 PE=1 SV=3	0	114,92	16	28	31	28	1	2186	249,4	7,14	67,57	28	High
FALSO	High	Q9Y2R4	Master Protein	Probable ATP-dependent RNA helicase DDX52 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DDX52 PE=1 SV=3	0	114,461	42	16	25	25	1	599	67,5	9,67	76,84	16	High
FALSO	High	Q9BWF3	Master Protein	RNA-binding protein 4 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RBM4 PE=1 SV=1	0	113,223	52	16	25	4	1	364	40,3	7,08	70,75	16	High
FALSO	High	P46097-4	Master Protein	Isoform 4 of Probable 28S rRNA cytosine(4447)-C(5)-methyltransferase OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NOP2	0	113,135	31	23	38	23	1	845	92,8	9,19	97,67	23	High
FALSO	High	Q9BZ5-2	Master Protein	Isoform 2 of Apoptosis inhibitor 5 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=API5	0	112,771	33	17	27	3	1	504	56,7	5,92	81,56	17	High
FALSO	High	P32969	Master Protein	60S ribosomal protein L9 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RPL9 PE=1 SV=1	0	112,721	79	15	42	15	1	192	21,9	9,95	132,79	15	High
FALSO	High	Q596S9	Master Protein	U4/U6.U5 tri-snRNP-associated protein 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=LSP39 PE=1 SV=2	0	112,532	41	20	31	20	1	565	65,3	8,91	79,82	20	High
FALSO	High	Q16531	Master Protein	DNA damage-binding protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DDB1 PE=1 SV=1	0	112,508	25	22	28	22	1	1140	126,9	5,26	71,04	22	High
FALSO	High	Q13823	Master Protein	Nuclear GTP-binding protein 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=GNL2 PE=1 SV=1	0	112,329	35	22	33	22	1	731	83,6	9,25	81,75	22	High
FALSO	High	P23284	Master Protein	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase B OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PP1B PE=1 SV=2	0	112,286	60	18	46	18	1	216	23,7	9,41	122,17	18	High
FALSO	High	Q9BVG3	Master Protein	MKI67 FHA domain-interacting nuclear phosphoprotein OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NIK PE=1 SV=1	0	112,14	49	16	30	16	1	293	34,2	9,88	88,99	16	High
FALSO	High	Q9BW19	Master Protein	Kinesin-like protein KIF1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=KIF1 PE=1 SV=2	0	111,903	42	19	27	19	1	673	73,7	8,98	80,99	19	High
FALSO	High	P18124	Master Protein	60S ribosomal protein L7 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RPL7 PE=1 SV=1	0	111,634	57	18	44	17	1	248	29,2	10,65	93,72	18	High
FALSO	High	P05976	Master Protein	Myosin light chain 1/3, skeletal muscle isoform OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MYL1 PE=2 SV=3	0	111,443	89	14	21	13	1	194	21,1	5,03	76,37	14	High
FALSO	High	Q99623	Master Protein	Inhibitor-2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=INH2 PE=1 SV=2	0	110,812	63	17	31	17	1	299	33,3	9,83	90,97	17	High

FALSO	High	Q86YP4-3	Master Protein	0	110,432	55	25	35	23	1	634	68.1	9.94	101.35	25	High
FALSO	High	Q43290	Master Protein	0	109,627	32	21	27	20	1	800	90.2	6.13	75.49	21	High
FALSO	High	P15880	Master Protein	0	109,329	53	18	42	18	1	293	31.3	10.24	111.63	18	High
FALSO	High	Q9BUJ2	Master Protein	0	109,217	28	19	27	19	1	856	95.7	6.92	79.29	19	High
FALSO	High	Q16352	Master Protein	0	108,743	51	21	40	18	1	499	55.4	5.4	99.9	21	High
FALSO	High	Q05048	Master Protein	0	108,68	55	14	25	14	1	431	48.3	6.58	81.32	14	High
FALSO	High	Q09161	Master Protein	0	108,577	34	15	25	15	1	790	91.8	6.43	84.1	15	High
FALSO	High	P08779	Master Protein	0	108,093	52	21	35	10	1	473	51.2	5.05	92.7	21	High
FALSO	High	P02538	Master Protein	0	108,054	40	21	30	13	1	564	60	8	68.87	21	High
FALSO	High	Q8WYP5-2	Master Protein	0	107,924	16	23	28	23	1	2301	255.8	6.58	82.5	23	High
FALSO	High	Q84901-9	Master Protein	0	107,764	38	24	30	24	1	916	101.9	7.31	83.47	24	High
FALSO	High	Q8UKA9-2	Master Protein	0	107,68	64	17	32	15	1	532	57.6	8.81	95.07	17	High
FALSO	High	Q8WVQ0	Master Protein	0	107,671	21	23	26	23	1	1821	206.6	8.85	75.88	23	High
FALSO	High	P04406	Master Protein	0	107,275	68	16	28	16	1	335	36	8.46	86.23	16	High
FALSO	High	Q9H583	Master Protein	0	107,234	15	25	28	25	1	2144	242.2	6.54	61.88	25	High
FALSO	High	Q8N1F7	Master Protein	0	106,976	36	24	33	24	1	819	93.4	5.72	88.85	24	High
FALSO	High	P52292	Master Protein	0	106,584	39	16	26	16	1	529	57.8	5.4	73.67	16	High
FALSO	High	Q93009	Master Protein	0	105,663	25	22	31	22	1	1102	128.2	5.55	70.64	22	High
FALSO	High	Q96P11-4	Master Protein	0	105,654	48	16	23	16	1	470	51	8.65	68.11	16	High
FALSO	High	Q8WV9	Master Protein	0	105,483	48	17	24	16	1	542	60	7.72	68.4	17	High
FALSO	High	Q15417	Master Protein	0	105,454	59	17	31	16	1	329	36.4	6.05	95.07	17	High
FALSO	High	P52597	Master Protein	0	105,365	50	12	24	9	1	415	45.6	5.58	71.43	12	High
FALSO	High	P55795	Master Protein	0	105,334	45	18	50	10	1	449	49.2	6.3	134.23	18	High
FALSO	High	Q8NR29	Master Protein	0	105,186	36	26	33	26	1	838	97	7.93	76.22	26	High
FALSO	High	Q9BQ04	Master Protein	0	105,18	53	16	23	4	1	959	40.1	6.74	57.51	16	High
FALSO	High	Q13435	Master Protein	0	105,126	32	18	26	18	1	895	100.2	5.67	76.17	18	High
FALSO	High	Q9BR76	Master Protein	0	104,895	42	13	25	13	1	489	54.2	5.88	90.44	13	High
FALSO	High	Q8NB46	Master Protein	0	104,72	38	17	22	17	1	666	72.4	8.16	72.43	17	High
FALSO	High	Q6P77	Master Protein	0	104,391	44	19	25	19	1	736	82.8	7.31	73	19	High

FALSO	High	Q9YS1	Master Protein	U3 small nucleolar RNA-associated protein 18 homolog OS=Homo sapiens OX=9606 GN=UTP18 PE=1 SV=3	0	104,165	44	18	31	18	1	556	62	8,76	75,79	18	High
FALSO	High	P98175-5	Master Protein	Isoform 5 of RNA-binding protein 10 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RBM10	0	103,482	29	19	22	19	1	995	110,3	6,28	64,13	19	High
FALSO	High	Q75694	Master Protein	Nuclear pore complex protein Nup155 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NUP155 PE=1 SV=1	0	103,444	21	21	29	21	1	1,391	155,1	6,16	78,47	21	High
FALSO	High	Q02880	Master Protein	DNA topoisomerase 2-beta OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TOP2B PE=1 SV=3	0	103,07	17	23	31	15	1	1626	183,2	8	66,07	23	High
FALSO	High	Q81E00	Master Protein	U3 small nucleolar RNA-associated protein 15 homolog OS=Homo sapiens OX=9606 GN=UTP15 PE=1 SV=3	0	102,765	48	17	27	17	1	518	58,4	9,11	69,16	17	High
FALSO	High	P61158	Master Protein	Actin-related protein 3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ACTR3 PE=1 SV=3	0	102,44	58	19	32	19	1	418	47,3	5,88	91,98	19	High
FALSO	High	Q92621	Master Protein	Nuclear pore complex protein Nup205 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NUP205 PE=1 SV=3	0	101,771	17	25	29	25	1	2012	227,8	6,19	65,87	25	High
FALSO	High	P51659	Master Protein	Peroxisomal multifunctional enzyme type 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=HSD17B4 PE=1 SV=3	0	101,681	37	17	25	17	1	736	79,6	8,84	81,5	17	High
FALSO	High	P62906	Master Protein	60S ribosomal protein L10a OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RPL10A PE=1 SV=2	0	101,223	54	18	51	18	1	217	24,8	9,94	100,65	18	High
FALSO	High	Q8P1J9	Master Protein	Parafibromin OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CD73 PE=1 SV=1	0	100,656	43	22	29	22	1	531	60,5	9,61	72,83	22	High
FALSO	High	Q9UKM9	Master Protein	RNA-binding protein Ity1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ITY1 PE=1 SV=1	0	99,971	60	18	37	18	1	306	32,4	9,17	91,72	18	High
FALSO	High	Q49A26	Master Protein	Purative oxidoreductase G1YR1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=GLYR1 PE=1 SV=3	0	99,658	38	18	27	18	1	553	60,5	9,17	64,52	18	High
FALSO	High	Q8UJN3	Master Protein	Microtubule-actin cross-linking factor 1, isoforms 1/2/3/5 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MACF1 PE=1 SV=4	0	98,916	4	21	23	20	1	7388	837,8	5,39	62,58	21	High
FALSO	High	Q9NSD9	Master Protein	Phenylalanine-tRNA ligase beta subunit OS=Homo sapiens OX=9606 GN=FARSB PE=1 SV=3	0	98,727	50	23	31	23	1	589	66,1	6,84	82,74	23	High
FALSO	High	P45973	Master Protein	Chromobox protein homolog 5 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CBX5 PE=1 SV=1	0	98,663	63	14	30	13	1	191	22,2	5,86	72,85	14	High
FALSO	High	Q02543	Master Protein	60S ribosomal protein L18a OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RPL18A PE=1 SV=2	0	98,538	57	16	45	16	1	176	20,7	10,71	93,28	16	High
FALSO	High	Q15022	Master Protein	Polycomb protein SUZ12 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SUZ12 PE=1 SV=3	0	98,408	43	17	23	17	1	739	83	8,81	69,7	17	High
FALSO	High	P55072	Master Protein	Transitional endoplasmic reticulum ATPase OS=Homo sapiens OX=9606 GN=VCP PE=1 SV=4	0	98,036	37	17	20	17	1	806	89,3	5,26	57,83	17	High
FALSO	High	Q8IK01	Master Protein	SLRP and G-patch domain-containing protein 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SLRP2 PE=1 SV=2	0	97,888	30	24	28	24	1	1082	120,1	7,28	70,12	24	High
FALSO	High	Q13601	Master Protein	KRR1 small subunit processome component homolog OS=Homo sapiens OX=9606 GN=KRR1 PE=1 SV=4	0	97,758	50	17	25	17	1	381	43,6	9,77	69,01	17	High
FALSO	High	Q9BZ5-1	Master Protein	Isoform 1 of Apoptosis inhibitor 5 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=API5	0	97,657	31	15	22	1	1	438	49,5	6,46	64,61	15	High
FALSO	High	Q8TDD1-2	Master Protein	Isoform 2 of ATP-dependent RNA helicase DDX54 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DDX54	0	97,579	31	23	25	22	1	882	98,6	10,02	62,44	23	High
FALSO	High	Q8TEM1	Master Protein	Nuclear pore membrane glycoprotein 210 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NUP210 PE=1 SV=3	0	97,504	15	20	28	20	1	1887	205	6,81	70,97	20	High
FALSO	High	Q15365	Master Protein	Poly(IG) binding protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PCBP1 PE=1 SV=2	0	96,413	77	14	24	11	1	356	37,5	7,09	84,53	14	High
FALSO	High	P29692-2	Master Protein	Isoform 2 of Elongation factor 1-delta OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EEF1D	0	95,732	23	15	30	2	1	647	71,4	6,42	85,58	15	High
FALSO	High	Q8TDN6	Master Protein	Ribosome biogenesis protein BRX1 homolog OS=Homo sapiens OX=9606 GN=BRX1 PE=1 SV=2	0	95,365	46	12	26	12	1	353	41,4	9,92	77,36	12	High
FALSO	High	P62318	Master Protein	Small nuclear ribonucleoprotein Sm D3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SNRPD3 PE=1 SV=1	0	95,227	53	9	21	9	1	126	13,9	10,32	77,65	9	High
FALSO	High	Q86W42	Master Protein	THO complex subunit 6 homolog OS=Homo sapiens OX=9606 GN=THOC6 PE=1 SV=1	0	94,901	72	19	22	19	1	341	37,5	7,43	62,89	19	High
FALSO	High	Q14137	Master Protein	Ribosome biogenesis protein BOP1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=BOP1 PE=1 SV=2	0	94,898	40	20	26	20	1	746	83,6	6,19	54,61	20	High
FALSO	High	P12004	Master Protein	Proliferating cell nuclear antigen OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PCNA PE=1 SV=1	0	94,853	66	12	23	12	1	261	28,8	4,69	90,79	12	High

FALSO	High	Master Protein	Q13347	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EIF3 PE=1 SV=1	0	94,584	60	13	23	13	1	325	36,5	5,64	70,75	13	High
FALSO	High	Master Protein	Q00541	Pescadillo homolog OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PEP1 PE=1 SV=1	0	94,486	37	21	34	21	1	588	68	7,33	67,68	21	High
FALSO	High	Master Protein	P62136-2	Isoform 2 of Serine/threonine-protein phosphatase PP1-alpha catalytic subunit OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PPP1CA eIF-2-alpha kinase activator GCN1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=GCN1 PE=1 SV=6	0	94,42	42	15	26	1	1	341	38,6	6,62	75,59	15	High
FALSO	High	Master Protein	Q92616	Histone H3.3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=H3F3A PE=1 SV=2	0	94,252	12	25	28	25	1	2671	292,6	7,47	62,28	25	High
FALSO	High	Master Protein	P84243	Cleavage and polyadenylation specificity factor subunit 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CPSF2 PE=1 SV=2	0	94,236	65	14	56	2	1	136	15,3	11,77	81,97	14	High
FALSO	High	Master Protein	Q9P210	SWI/SNF complex subunit SMARCC1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SMARCC1 PE=1 SV=3	0	94,142	36	18	23	18	1	782	88,4	5,11	64,2	18	High
FALSO	High	Master Protein	Q92922	Paired amphipathic helix protein Sin3a OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SN3A PE=1 SV=2	0	93,852	24	22	26	17	1	1105	122,8	5,76	59,36	22	High
FALSO	High	Master Protein	Q86573	YLP motif-containing protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=YLP1 PE=1 SV=4	0	93,825	20	20	24	18	1	1273	145,1	7,25	55,7	20	High
FALSO	High	Master Protein	P49750	Ribosomal RNA-processing protein 8 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RRP8 PE=1 SV=2	0	93,516	13	22	32	22	1	2146	241,5	6,55	70,69	22	High
FALSO	High	Master Protein	Q43159	40S ribosomal protein S15a OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RPS15A PE=1 SV=2	0	93,224	38	14	24	14	1	456	50,7	9,42	72,54	14	High
FALSO	High	Master Protein	P62244	Nuclear pore complex protein Nup107 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NUP107 PE=1 SV=1	0	92,202	69	13	28	13	1	130	14,8	10,13	71,57	13	High
FALSO	High	Master Protein	P57740	Bromodomain adjacent to zinc finger domain protein 2A OS=Homo sapiens OX=9606 GN=BAZ2A PE=1 SV=4	0	92,152	27	18	22	18	1	925	106,3	5,43	60,46	18	High
FALSO	High	Master Protein	Q9UIF9	Kinesin-like protein KIF22 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=KIF22 PE=1 SV=5	0	92,067	13	20	24	20	1	1905	211,1	6,64	62,93	20	High
FALSO	High	Master Protein	Q14807	Septin-7 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SEPT7 PE=1 SV=2	0	91,964	43	20	28	20	1	665	73,2	9,45	81,44	20	High
FALSO	High	Master Protein	Q16181	Isoform 3 of Pyruvate-5-carboxylate reductase 1, mitochondrial OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PYCR1	0	91,89	51	16	25	15	1	437	50,6	8,63	73,43	16	High
FALSO	High	Master Protein	P32323-3	Isoform Gamma-2 of Serine/threonine-protein phosphatase PP1-gamma catalytic subunit OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PPP1CC Transcription intermediary factor 1-alpha OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TRIM24 PE=1 SV=3	0	91,732	45	10	23	9	1	346	36	7,61	58,32	10	High
FALSO	High	Master Protein	P36873-2	Apoptosis-inducing factor 1, mitochondrial OS=Homo sapiens OX=9606 GN=AIFM1 PE=1 SV=1	0	91,498	40	15	24	15	1	337	38,5	6,13	69,15	15	High
FALSO	High	Master Protein	O15164	U2 small nuclear ribonucleoprotein A' OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SNRPA1 PE=1 SV=2	0	91,021	24	15	20	15	1	1050	116,8	7,11	51,1	15	High
FALSO	High	Master Protein	Q95831	Glutamine-tRNA ligase OS=Homo sapiens OX=9606 GN=QARS PE=1 SV=1	0	90,602	36	14	22	14	1	613	66,9	8,95	65,33	14	High
FALSO	High	Master Protein	P09661	Purillo homolog 3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PUM3 PE=1 SV=3	0	90,046	54	16	26	16	1	255	28,4	8,62	64,49	16	High
FALSO	High	Master Protein	P47897	Isoform 3 of Double-strand break repair protein MRE11 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MRE11	0	89,644	32	18	22	18	1	775	87,7	7,15	63,49	18	High
FALSO	High	Master Protein	Q15397	Pogo transposable element with ZNF domain OS=Homo sapiens OX=9606 GN=POZF1 PE=1 SV=2	0	89,617	35	20	24	20	1	648	73,5	9,64	52,49	20	High
FALSO	High	Master Protein	P49959-3	Isoform Short of Transcription factor COE3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=COE3	0	89,506	38	20	24	20	1	711	81	6,15	71,7	20	High
FALSO	High	Master Protein	Q773K3	DDG1- and CUL4-associated factor 13 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DCAF13 PE=1 SV=2	0	89,245	22	21	24	21	1	1410	155,2	7,4	58,86	21	High
FALSO	High	Master Protein	Q9H4W6-2	Replication factor C subunit 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RFC2 PE=1 SV=3	0	89,176	29	11	21	6	1	551	60,4	8,81	65,24	11	High
FALSO	High	Master Protein	Q9NV06	EJA-binding protein p400 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EP400 PE=1 SV=4	0	88,842	50	21	28	21	1	445	51,4	9,19	50,59	21	High
FALSO	High	Master Protein	P35250	40S ribosomal protein S11 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RPS11 PE=1 SV=3	0	88,821	55	15	20	15	1	354	38,1	6,44	62,34	15	High
FALSO	High	Master Protein	Q96L91	40S ribosomal protein S11 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RPS11 PE=1 SV=3	0	88,809	12	21	21	21	1	3159	343,3	9,19	59,68	21	High
FALSO	High	Master Protein	P62280	40S ribosomal protein S11 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RPS11 PE=1 SV=3	0	88,62	67	15	34	15	1	158	18,4	10,3	59,7	15	High

FALSE	High	Master Protein	Q9BN67	Dedicator of cytokinesis protein 7 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DOCK7 PE=1.SV=4	0	89,306	15	23	25	20	1	2140	2424	6.8	62.56	23	High
FALSO	High	Master Protein	Q8NI36	WD repeat-containing protein 36 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=WDOR36 PE=1.SV=1	0	88,199	23	16	24	16	1	951	105,3	7.53	65.46	16	High
FALSO	High	Master Protein	Q15226-2	Isoform 2 of NF-kappa-B-repressing factor OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NKRF	0	88,168	33	16	22	16	1	705	79.4	8.88	66.56	16	High
FALSO	High	Master Protein	P50990	T-complex protein 1 subunit theta OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CTH8 PE=1.SV=4	0	87,976	39	16	30	16	1	548	59.6	5.6	82.01	16	High
FALSO	High	Master Protein	Q8N766	ER membrane protein complex subunit 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EMC1 PE=1.SV=1	0	87,736	24	14	17	14	1	993	111.7	7.66	57.83	14	High
FALSO	High	Master Protein	Q04637-9	Isoform 9 of Eukaryotic translation initiation factor 4 gamma 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EIF4G1	0	87,605	15	19	26	12	1	1606	176.1	5.34	65.25	19	High
FALSO	High	Master Protein	Q9Y6M1	Insulin-like growth factor 2 mRNA-binding protein 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=IGFBP2 PE=1.SV=2	0	87,54	37	16	26	14	1	599	66.1	8.46	65.94	16	High
FALSO	High	Master Protein	P35609	Alpha-actinin-2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ACTN2 PE=1.SV=1	0	87,526	18	17	33	3	1	894	103.8	5.45	69.11	17	High
FALSO	High	Master Protein	Q16543-2	Isoform 2 of Drebrin OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DRN1	0	87,158	27	14	20	14	1	651	71.6	4.53	53.35	14	High
FALSO	High	Master Protein	P49790	Nuclear pore complex protein Nup153 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NUP153 PE=1.SV=2	0	87,071	24	21	24	21	1	1475	153.8	8.73	62.44	21	High
FALSO	High	Master Protein	Q13148	TAR DNA-binding protein 43 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TARDBP PE=1.SV=1	0	86,881	44	13	19	13	1	414	44.7	6.19	61.69	13	High
FALSO	High	Master Protein	Q14956	Zinc finger protein 638 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ZNF638 PE=1.SV=2	0	86,805	15	20	24	20	1	1978	220.5	6.38	61.61	20	High
FALSO	High	Master Protein	Q52LJ0-2	Isoform 2 of Protein FAM98B OS=Homo sapiens OX=9606 GN=FAM98B	0	86,231	37	12	26	8	1	433	45.5	8.69	35.69	12	High
FALSO	High	Master Protein	Q9P661	Kinesin-like protein KIF2C OS=Homo sapiens OX=9606 GN=KIF2C PE=1.SV=2	0	86,034	29	16	20	15	1	725	81.3	7.83	53.29	16	High
FALSO	High	Master Protein	Q86XP3	ATP-dependent RNA helicase DD42 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DD42 PE=1.SV=1	0	85,767	27	16	19	16	1	938	102.9	7.02	60.95	16	High
FALSO	High	Master Protein	Q9Y678	Coatomer subunit gamma-1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=COPG1 PE=1.SV=1	0	85,734	27	17	18	15	1	874	97.7	5.47	52.27	17	High
FALSO	High	Master Protein	P61011	Signal recognition particle 54 kDa protein OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SRP54 PE=1.SV=1	0	85,443	43	17	22	17	1	504	55.7	8.75	62.45	17	High
FALSO	High	Master Protein	Q9H2U1	ATP-dependent RNA helicase DHX36 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DHX36 PE=1.SV=2	0	85,238	24	16	19	16	1	1008	114.7	7.68	46.95	16	High
FALSO	High	Master Protein	Q00425	Insulin-like growth factor 2 mRNA-binding protein 3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=IGFBP3 PE=1.SV=2	0	85,038	39	16	23	13	1	579	63.7	8.87	53.05	16	High
FALSO	High	Master Protein	P62263	40S ribosomal protein S14 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RPS14 PE=1.SV=3	0	84,901	72	10	26	10	1	151	16.3	10.05	83.31	10	High
FALSO	High	Master Protein	Q9HC57	Pre-mRNA-splicing factor SF1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=XAB2 PE=1.SV=2	0	84,794	23	16	23	16	1	855	99.9	6.23	61.44	16	High
FALSO	High	Master Protein	Q12789	General transcription factor 3C polypeptide 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=GTF3C1 PE=1.SV=4	0	84,632	13	18	22	18	1	2109	238.7	7.3	66.28	18	High
FALSO	High	Master Protein	Q00139-4	Isoform 4 of Kinesin-like protein KIF2A OS=Homo sapiens OX=9606 GN=KIF2A	0	84,544	27	18	25	17	1	744	84	6.37	61.34	18	High
FALSO	High	Master Protein	Q9H2P0	Activity-dependent neuroprotector homeobox protein OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ADNP PE=1.SV=1	0	84,504	28	20	22	20	1	1102	123.5	7.34	54.76	20	High
FALSO	High	Master Protein	Q9H7B2	Ribosome production factor 2 homolog OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RPF2 PE=1.SV=2	0	84,404	49	20	33	20	1	306	35.6	9.99	73.76	20	High
FALSO	High	Master Protein	Q76094	Signal recognition particle subunit SRP72 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SRP72 PE=1.SV=3	0	84,183	35	18	22	16	1	671	74.6	9.26	62.29	18	High
FALSO	High	Master Protein	P41091	Eukaryotic translation initiation factor 2 subunit 3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EIF253 PE=1.SV=3	0	84,17	44	15	24	15	1	472	51.1	8.4	66.67	15	High
FALSO	High	Master Protein	Q13895	Bystin OS=Homo sapiens OX=9606 GN=BYSL PE=1.SV=3	0	83,965	48	18	23	18	1	437	49.6	8.12	58.08	18	High
FALSO	High	Master Protein	Q6S7E5	SWI/SNF-related matrix-associated actin-dependent regulator of chromatin subfamily D member 3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SMARCD3 PE=1.SV=1	0	83,83	45	17	24	10	1	483	55	9.95	61.72	17	High

FALSO	High	Master Protein	Q12824	SWI/SNF-related matrix-associated actin-dependent regulator of chromatin subfamily B member 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SMARCB1 PE=1 SV=2	0	83,81	43	14	16	14	1	385	44.1	6.23	51.63	14	High
FALSO	High	Master Protein	P12236	ADP/ATP translocase 3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SLC25A6 PE=1 SV=4	0	83,787	52	16	22	2	1	298	32.8	9.74	53.61	16	High
FALSO	High	Master Protein	P52140	Serine/threonine-protein phosphatase PPL1-beta catalytic subunit OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PPL1CB PE=1 SV=3	0	83,661	37	13	25	2	1	327	37.2	6.19	68.91	13	High
FALSO	High	Master Protein	O60216	Double-strand-break repair protein rad21 homolog OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RAD21 PE=1 SV=2	0	83,599	35	17	23	17	1	631	71.6	4.65	62.18	17	High
FALSO	High	Master Protein	P46063	ATP-dependent DNA helicase Q1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RECQL PE=1 SV=3	0	83,487	38	19	26	18	1	649	73.4	7.88	55.3	19	High
FALSO	High	Master Protein	P13984	General transcription factor IIF subunit 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=GTTF2 PE=1 SV=2	0	83,132	58	10	19	10	1	249	28.4	9.23	64.06	10	High
FALSO	High	Master Protein	Q13242	Serine/arginine-rich splicing factor 9 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SRSF9 PE=1 SV=1	0	82,583	48	13	33	12	1	221	25.5	8.65	75.45	13	High
FALSO	High	Master Protein	P62979	Ubiquitin-40S ribosomal protein S27a OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RS27A PE=1 SV=2	0	82,218	63	13	36	13	1	156	18	9.64	83.83	13	High
FALSO	High	Master Protein	Q8UNX4	WD repeat-containing protein 3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=WDR3 PE=1 SV=1	0	82,201	23	15	21	15	1	943	106	6.64	46.14	15	High
FALSO	High	Master Protein	Q8WYAG	Beta-catenin-like protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CTNBL1 PE=1 SV=1	0	82,192	21	12	22	12	1	563	65.1	5.05	69.31	12	High
FALSO	High	Master Protein	Q8BV38	WD repeat-containing protein 18 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=WDR18 PE=1 SV=2	0	82,177	40	13	22	13	1	432	47.4	6.7	76.15	13	High
FALSO	High	Master Protein	Q86PV9	THO complex subunit 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=THO1 PE=1 SV=1	0	82,018	36	19	23	19	1	657	75.6	4.98	55.25	19	High
FALSO	High	Master Protein	Q13724	Mannosyl-oligosaccharide glucosidase OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MOGS PE=1 SV=5	0	81,835	27	15	26	15	1	837	91.9	8.9	74.22	15	High
FALSO	High	Master Protein	P29692-3	Isoform 3 of Elongation factor 1-delta OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EEF1D	0	81,679	53	14	25	1	1	257	28.5	4.92	63.3	14	High
FALSO	High	Master Protein	Q12996	Cleavage stimulation factor subunit 3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CSTF3 PE=1 SV=1	0	80,605	35	15	22	15	1	717	82.9	8.12	69.18	15	High
FALSO	High	Master Protein	Q05707	Collagen alpha-1(NV) chain OS=Homo sapiens OX=9606 GN=COL1A1 PE=1 SV=3	0	80,502	13	16	21	16	1	1796	193.4	5.3	52.7	16	High
FALSO	High	Master Protein	Q68E01	Integrator complex subunit 3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=INTS3 PE=1 SV=1	0	80,429	24	15	17	15	1	1043	118	5.8	47.65	15	High
FALSO	High	Master Protein	Q96G07	Probable ATP-dependent RNA helicase DDX27 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DDX27 PE=1 SV=2	0	80,347	26	19	23	19	1	796	89.8	9.28	59.12	19	High
FALSO	High	Master Protein	Q55V16	Polynucleotide 5'-hydroxyl-kinase NOL9 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NOL9 PE=1 SV=1	0	80,153	29	12	20	12	1	702	79.3	9.13	68.04	12	High
FALSO	High	Master Protein	P49368	T-complex protein 1 subunit gamma OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ECT3 PE=1 SV=4	0	80,152	46	18	27	18	1	545	60.5	6.49	65.04	18	High
FALSO	High	Master Protein	Q9NW13	RNA-binding protein 28 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RBM28 PE=1 SV=3	0	80,127	25	18	24	18	1	759	85.7	9.22	51.48	18	High
FALSO	High	Master Protein	Q9RY44	Eukaryotic translation initiation factor 2A OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EIF2A PE=1 SV=3	0	79,946	47	18	23	18	1	585	64.9	8.87	69.94	18	High
FALSO	High	Master Protein	Q8WTT2	Nucleolar complex protein 3 homolog OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NOC3L PE=1 SV=1	0	79,861	30	19	20	19	1	800	92.5	9.17	53.77	19	High
FALSO	High	Master Protein	Q95782	AP-2 complex subunit alpha-1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=AP2A1 PE=1 SV=3	0	79,858	26	20	25	13	1	977	107.5	7.03	63.27	20	High
FALSO	High	Master Protein	Q99613	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit C OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EIF3C PE=1 SV=1	0	79,8	21	16	21	16	1	913	105.3	5.68	61.59	16	High
FALSO	High	Master Protein	Q13123	Protein Red OS=Homo sapiens OX=9606 GN=IK PE=1 SV=3	0	79,619	41	16	21	16	1	557	65.6	6.64	58.58	16	High
FALSO	High	Master Protein	Q9NXP1	Testis-expressed protein 10 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TEX10 PE=1 SV=2	0	79,599	25	19	25	19	1	929	105.6	9.36	55.86	19	High
FALSO	High	Master Protein	P53621-2	Isoform 2 of Coatomer subunit alpha OS=Homo sapiens OX=9606 GN=COPA	0	79,545	23	20	21	20	1	1233	139.2	7.59	55.82	20	High
FALSO	High	Master Protein	Q58K21	DBIRD complex subunit ZNF326 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ZNF326 PE=1 SV=2	0	78,48	39	15	26	15	1	582	65.6	5.15	62.72	15	High

FALSO	High	P26373	Master Protein	60S ribosomal protein L13 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RPL13 PE=1 SV=4	0	79,282	41	13	27	13	1	211	24,2	11,65	61,98	13	High
FALSO	High	P13645	Master Protein	Keratin, type I cytoskeletal 10 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=KRT10 PE=1 SV=6	0	79,278	34	13	18	11	1	584	58,8	5,21	54,63	13	High
FALSO	High	P51114	Master Protein	Fragile X mental retardation syndrome-related protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=FXR1 PE=1 SV=3	0	79,198	32	16	24	14	1	621	69,7	6,15	60,39	16	High
FALSO	High	Q09472	Master Protein	Histone acetyltransferase p300 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EP300 PE=1 SV=2	0	79,129	11	18	23	10	1	2414	264	8,5	47,51	18	High
FALSO	High	Q92769	Master Protein	Histone deacetylase 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=HDAC2 PE=1 SV=2	0	78,99	37	11	23	7	1	488	55,3	5,91	65,51	11	High
FALSO	High	P35251	Master Protein	Replication factor C subunit 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RFC1 PE=1 SV=4	0	78,919	24	19	21	19	1	1148	128,2	9,36	51,44	19	High
FALSO	High	P35268	Master Protein	60S ribosomal protein L22 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RPL22 PE=1 SV=2	0	78,418	58	8	22	8	1	128	14,8	9,19	59,46	8	High
FALSO	High	O60231	Master Protein	Pre-mRNA-splicing factor ATP-dependent RNA helicase DHX16 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DX16 PE=1 SV=2	0	78,142	20	19	21	18	1	1041	119,2	6,8	52,61	19	High
FALSO	High	Q14247	Master Protein	Src substrate contactin OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CTTN PE=1 SV=2	0	77,892	37	17	19	17	1	550	61,5	5,4	54,22	17	High
FALSO	High	Q01081	Master Protein	Splicing factor UZAF 35 kDa subunit OS=Homo sapiens OX=9606 GN=UZAF1 PE=1 SV=3	0	77,77	56	11	27	11	1	240	27,9	8,81	75,74	11	High
FALSO	High	Q969G3	Master Protein	SWI/SNF-related matrix-associated actin-dependent regulator of chromatin subfamily E member 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SMARCE1 PE=1 SV=2	0	77,484	49	12	16	12	1	411	46,6	4,88	53,94	12	High
FALSO	High	Q9UKD2	Master Protein	mRNA turnover protein 4 homolog OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MRTO4 PE=1 SV=2	0	77,255	58	16	30	16	1	239	27,5	8,29	66,27	16	High
FALSO	High	Q8TCS8	Master Protein	Polyribonucleotide nucleotidyltransferase 1, mitochondrial OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PNPT1 PE=1 SV=2	0	77,067	25	17	29	17	1	783	85,9	7,77	58,13	17	High
FALSO	High	Q9Y2L1	Master Protein	Exosome complex exonuclease RRP44 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DIS3 PE=1 SV=2	0	76,996	24	15	18	15	1	958	108,9	7,14	51,82	15	High
FALSO	High	Q13573	Master Protein	SNW domain-containing protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SNW1 PE=1 SV=1	0	76,905	32	13	25	13	1	536	61,5	9,52	55,62	13	High
FALSO	High	P61160	Master Protein	Actin-related protein 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ACTR2 PE=1 SV=1	0	76,882	43	18	23	17	1	394	44,7	6,74	56,24	18	High
FALSO	High	Q15637-6	Master Protein	Isoform 6 of Splicing factor 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SF1 pre-mRNA processing protein FTSJ3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=FTSJ3 PE=1 SV=2	0	76,727	32	12	19	1	1	571	61,9	9,28	53,26	12	High
FALSO	High	Q8W81	Master Protein	Vesicle-associated membrane protein-associated protein A OS=Homo sapiens OX=9606 GN=VAPA PE=1 SV=3	0	76,685	24	15	18	15	1	847	96,5	8,4	46,06	15	High
FALSO	High	Q9P0L0	Master Protein	Isoform 3 of Suppressor of SWI4 1 homolog OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PPAN	0	76,651	63	11	18	10	1	249	27,9	8,62	56,14	11	High
FALSO	High	Q9NQ55-3	Master Protein	Isoform 3 of Small-nuclear ribonucleoprotein-associated proteins B and B' OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SNRPB	0	76,465	24	10	33	10	1	299	30	10,18	87,8	10	High
FALSO	High	P14678-3	Master Protein	40S ribosomal protein S9 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RP59 PE=1 SV=3	0	76,194	45	19	34	19	1	194	22,6	10,65	62,76	19	High
FALSO	High	P46781	Master Protein	40S ribosomal protein S5 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RP55 PE=1 SV=4	0	76,159	36	11	22	11	1	204	22,9	9,72	68,62	11	High
FALSO	High	Q95785-3	Master Protein	Isoform 3 of Protein Wiz OS=Homo sapiens OX=9606 GN=WIZ OX=9606 GN=MDC1 PE=1 SV=3	0	76,157	23	14	19	14	1	965	102,9	9,52	52,63	14	High
FALSO	High	Q14676	Master Protein	Mediator of DNA damage checkpoint protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ABCE1 PE=1 SV=1	0	75,154	14	14	18	14	1	2089	226,5	5,47	62,49	14	High
FALSO	High	P61221	Master Protein	ATP-binding cassette sub-family E member 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=THOC5 PE=1 SV=2	0	75,926	41	15	20	15	1	599	67,3	8,34	49,6	15	High
FALSO	High	Q13769	Master Protein	THO complex subunit 5 homolog OS=Homo sapiens OX=9606 GN=THOC5 PE=1 SV=2	0	75,849	27	14	19	14	1	683	78,5	6,87	48	14	High
FALSO	High	O43818	Master Protein	U3 small nucleolar RNA-interacting protein 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RRP9 PE=1 SV=1	0	75,826	47	14	19	14	1	475	51,8	7,85	51,53	14	High

FALSO	High	Q13330-3	Master Protein	Q13330-3	0	75,175	30	19	25	12	1	698	79.1	9.41	61.29	19	High
FALSO	High	A57KX6	Master Protein	CCR4-NOT transcription complex subunit 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CNOT1 PE=1 SV=2	0	75,08	10	19	24	19	1	2376	266.8	7.11	57.11	19	High
FALSO	High	Q9MYN8	Master Protein	Guanine nucleotide-binding protein-like 3-like protein OS=Homo sapiens OX=9606 GN=GNL3L PE=1 SV=1	0	75,079	35	15	20	15	1	582	65.5	8.44	53.61	15	High
FALSO	High	Q95239	Master Protein	Chromosome-associated kinesin KIF4A OS=Homo sapiens OX=9606 GN=KIF4A PE=1 SV=3	0	74,992	17	18	24	18	1	1232	139.8	6.27	52.05	18	High
FALSO	High	P25398	Master Protein	40S ribosomal protein S12 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RPS12 PE=1 SV=3	0	74,784	65	12	27	12	1	132	14.5	7.21	59.4	12	High
FALSO	High	Q9N2J4	Master Protein	Zinc finger MYM-type protein 4 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ZMYM4 PE=1 SV=1	0	74,725	6	21	21	21	1	4579	520.8	7.05	52.37	21	High
FALSO	High	Q5VZL5	Master Protein	Sesin OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SACS PE=1 SV=2	0	74,249	16	17	20	16	1	1548	172.7	6.84	51.29	17	High
FALSO	High	P0DMV9	Master Protein	Heat shock 70 kDa protein 1B OS=Homo sapiens OX=9606 GN=HSPA1B PE=1 SV=1	0	74,08	36	15	21	13	1	641	70	5.66	59.15	15	High
FALSO	High	F49711	Master Protein	Transcriptional repressor CTCF OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CTCF PE=1 SV=1	0	73,597	16	13	22	13	1	727	82.7	6.96	48.51	13	High
FALSO	High	Q15366-4	Master Protein	Isoform 4 of Poly(IC)-binding protein 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PCBP2	0	73,519	68	11	19	0	1	331	34.9	8	63.42	11	Not Found
FALSO	High	P37193	Master Protein	Nuclear pore glycoprotein p62 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NUP62 PE=1 SV=3	0	73,499	23	8	12	8	1	522	53.2	5.31	44.51	8	High
FALSO	High	Q15637-5	Master Protein	Isoform 5 of Splicing factor 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SF1	0	73,35	27	12	18	1	1	673	71.7	9.58	51.18	12	High
FALSO	High	Q15366-3	Master Protein	Isoform 3 of Poly(IC)-binding protein 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PCBP2	0	73,042	58	11	19	1	1	362	38.2	6.79	60.88	11	High
FALSO	High	Q12769	Master Protein	Nuclear pore complex protein Nup160 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NUP160 PE=1 SV=3	0	72,918	11	13	18	13	1	1436	162	5.5	52.24	13	High
FALSO	High	P68400	Master Protein	Casein kinase II subunit alpha OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CSNK2A1 PE=1 SV=1	0	72,798	47	14	19	12	1	391	45.1	7.74	43.6	14	High
FALSO	High	Q9H4L4	Master Protein	Serpin-specific protease 3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SENP3 PE=1 SV=2	0	72,631	33	14	23	14	1	574	65	8.56	57.94	14	High
FALSO	High	Q9UKF6	Master Protein	Cleavage and polyadenylation specificity factor subunit 3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CPFS3 PE=1 SV=1	0	72,442	30	14	20	14	1	684	77.4	5.6	48.89	14	High
FALSO	High	Q9NRG9	Master Protein	Aladin OS=Homo sapiens OX=9606 GN=AAAS PE=1 SV=1	0	72,37	36	13	19	13	1	546	59.5	7.5	56.55	13	High
FALSO	High	Q99848	Master Protein	Probable rRNA-processing protein IBP2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EBNA1BP2 PE=1 SV=2	0	72,35	48	15	25	15	1	306	34.8	10.1	51.22	15	High
FALSO	High	P02533	Master Protein	Keratin, type I cytoskeletal 14 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=KRT14 PE=1 SV=4	0	72,169	38	17	27	6	1	472	51.5	5.16	65.27	17	High
FALSO	High	Q13185	Master Protein	Chromobox protein homolog 3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CBX3 PE=1 SV=4	0	72,084	57	9	26	7	1	183	20.8	5.33	73.28	9	High
FALSO	High	Q15046-2	Master Protein	Isoform Mitochondrial of Lysine-tRNA ligase OS=Homo sapiens OX=9606 GN=KARS	0	71,866	30	18	20	18	1	625	71.5	6.81	49.98	18	High
FALSO	High	P56537	Master Protein	Eukaryotic translation initiation factor 6 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EIF6 PE=1 SV=1	0	71,401	62	8	15	8	1	245	26.6	4.68	55.51	8	High
FALSO	High	Q562R1	Master Protein	Beta-actin-like protein 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ACTB2 PE=1 SV=2	0	71,381	27	13	76	3	1	376	42	5.59	143.79	13	High
FALSO	High	Q15366-5	Master Protein	Isoform 5 of Poly(IC)-binding protein 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PCBP2	0	71,039	68	11	18	1	1	385	35.3	8	61.14	11	High
FALSO	High	Q86V59	Master Protein	Paraneoplastic antigen-like protein 8A OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PNMABA PE=1 SV=2	0	70,807	38	11	16	11	1	439	48.1	8.97	50.52	11	High
FALSO	High	Q9UUG0	Master Protein	Tyrosine-protein kinase BAZ1B OS=Homo sapiens OX=9606 GN=BAZ1B PE=1 SV=2	0	70,767	16	16	19	16	1	1483	170.8	8.48	49.53	16	High
FALSO	High	Q969X6	Master Protein	U3 small nuclear RNA-associated protein 4 homolog OS=Homo sapiens OX=9606 GN=UTP4 PE=1 SV=1	0	70,087	34	18	24	18	1	586	76.8	9.85	66.59	18	High
FALSO	High	P05141	Master Protein	ADP/ATP translocase 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SLC25A5 PE=1 SV=7	0	70,024	42	16	23	5	1	298	32.8	9.69	44.9	16	High
FALSO	High	P08473	Master Protein	Neprilysin OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MME PE=1 SV=2	0	69,921	27	16	17	16	1	750	85.5	5.73	45.57	16	High
FALSO	High	P51116	Master Protein	Fragile X mental retardation syndrome-related protein 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=FXR2 PE=1 SV=2	0	69,802	23	10	19	7	1	673	74.2	6.23	59.46	10	High

FALSO	High	Master Protein	Q8NFHS	Nucleoporin NUP35 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NUP35 PE=1 SV=1	0	69,469	47	10	13	10	1	326	34,8	9,09	45,71	10	High
FALSO	High	Master Protein	Q8NUQ6-3	Isoform 3 of SPATS2-like protein OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SPATS2L	0	69,437	26	12	18	12	1	588	65,1	9,66	52,4	12	High
FALSO	High	Master Protein	Q92925	SWI/SNF-related matrix-associated actin-dependent regulator of chromatin subfamily D member 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SMARCD2 PE=1 SV=3	0	68,874	29	10	16	6	1	531	59,9	9,64	45,39	10	High
FALSO	High	Master Protein	Q9BY77	Polymerase delta-interacting protein 3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=POLDIP3 PE=1 SV=2	0	68,58	51	14	20	14	1	421	45,1	9,99	55,13	14	High
FALSO	High	Master Protein	P62269	40S ribosomal protein S18 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RPS18 PE=1 SV=3	0	68,476	48	13	24	13	1	152	17,7	10,99	61,65	13	High
FALSO	High	Master Protein	Q8NSC5	S1 RNA-binding domain-containing protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SRBD1 PE=1 SV=2	0	68,359	19	18	22	18	1	995	111,7	8,72	46,73	18	High
FALSO	High	Master Protein	P78559	Microtubule-associated protein 1A OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MAP1A PE=1 SV=6	0	68,17	8	16	19	15	1	2803	305,3	4,92	49,71	16	High
FALSO	High	Master Protein	P53618	Coaxamer subunit beta OS=Homo sapiens OX=9606 GN=COPB1 PE=1 SV=3	0	68,11	19	12	19	12	1	953	107,1	6,05	52,55	12	High
FALSO	High	Master Protein	Q60287	Nucleolar pre-ribosomal-associated protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=URB1 PE=1 SV=4	0	68	9	16	18	16	1	2271	254,2	6,47	43,8	16	High
FALSO	High	Master Protein	Q13610	Periodic tryptophan protein 1 homolog OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PWP1 PE=1 SV=1	0	67,836	34	13	20	13	1	501	55,8	4,77	54,17	13	High
FALSO	High	Master Protein	Q8NQTS	Exosome complex component RRP40 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EXOSC3 PE=1 SV=3	0	67,83	66	9	13	9	1	275	29,6	8,1	52,71	9	High
FALSO	High	Master Protein	Q8BTCC	Death-inducer obliterator 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DIDO1 PE=1 SV=5	0	67,523	13	17	18	17	1	2240	243,7	7,88	49,89	17	High
FALSO	High	Master Protein	P63010-2	Isoform 2 of AP-2 complex subunit beta OS=Homo sapiens OX=9606 GN=AP2B1	0	67,478	20	16	16	16	1	951	105,6	5,34	43,22	16	High
FALSO	High	Master Protein	Q15213	WD repeat-containing protein 46 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=WDR46 PE=1 SV=3	0	67,469	32	13	15	13	1	610	68	9,67	37,78	13	High
FALSO	High	Master Protein	Q8NCAS	Protein FAM98A OS=Homo sapiens OX=9606 GN=FAM98A PE=1 SV=1	0	67,433	35	12	22	8	1	519	55,4	9,03	70,2	12	High
FALSO	High	Master Protein	Q86HS1	Serine/threonine-protein phosphatase PGAM5, mitochondrial OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PGAM5 PE=1 SV=2	0	67,241	61	12	23	12	1	289	32	8,68	51,55	12	High
FALSO	High	Master Protein	P20042	Eukaryotic translation initiation factor 2 subunit 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EIF252 PE=1 SV=2	0	67,192	37	13	26	13	1	333	38,4	5,8	43,98	13	High
FALSO	High	Master Protein	P48643	T-complex protein 1 subunit epsilon OS=Homo sapiens OX=9606 GN=OCTS PE=1 SV=1	0	67,175	34	13	16	12	1	541	59,6	5,66	33,37	13	High
FALSO	High	Master Protein	Q96619	Spermatid perinuclear RNA-binding protein OS=Homo sapiens OX=9606 GN=STRBP PE=1 SV=1	0	66,992	16	10	26	4	1	672	73,6	8,72	64,73	10	High
FALSO	High	Master Protein	Q13968	Exosome complex component RRP4 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EXOSC2 PE=1 SV=2	0	66,892	47	11	14	11	1	293	32,8	7,5	41,01	11	High
FALSO	High	Master Protein	P53582	Methionine aminopeptidase 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=METAP1 PE=1 SV=2	0	66,644	54	11	13	11	1	386	43,2	7,17	49,14	11	High
FALSO	High	Master Protein	Q08945	FACT complex subunit SSRP1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SSRP1 PE=1 SV=1	0	66,505	21	13	15	13	1	709	81	6,87	38,67	13	High
FALSO	High	Master Protein	Q13557-11	Isoform Delta 11 of Calcium/calmodulin-dependent protein kinase type II subunit delta OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CAMK2D	0	66,337	34	14	18	10	1	524	59,1	7,56	37,1	14	High
FALSO	High	Master Protein	Q14950	Myosin regulatory light chain 12B OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MYL12B PE=1 SV=2	0	66,302	51	10	15	10	1	172	19,8	4,84	49,62	10	High
FALSO	High	Master Protein	P42696	RNA-binding protein 34 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RBM34 PE=1 SV=2	0	66,297	47	16	20	16	1	430	48,5	10,11	47,52	16	High
FALSO	High	Master Protein	P50991	T-complex protein 1 subunit delta OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CTC4 PE=1 SV=4	0	66,118	39	14	18	13	1	539	57,9	7,83	48,36	14	High
FALSO	High	Master Protein	Q15024	Exosome complex component RRP42 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EXOSC7 PE=1 SV=3	0	66,006	52	10	15	10	1	291	31,8	5,19	45,14	10	High
FALSO	High	Master Protein	O75083	WD repeat-containing protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=WDR1 PE=1 SV=4	0	65,789	37	13	16	13	1	606	66,2	6,65	48,23	13	High

FALSO	High	QBRVJ6	Master Protein	U3 small nucleolar RNA-associated protein 14 homolog A OS=Homo sapiens OX=9606 GN=UTP14A PE=1 SV=1	0	65,788	27	15	18	15	1	771	87.9	7.87	45.12	15	High
FALSO	High	P02461	Master Protein	Collagen alpha-1(III) chain OS=Homo sapiens OX=9606 GN=COL3A1 PE=1 SV=4	0	65,437	13	13	15	13	1	1466	136.5	6.61	44.82	13	High
FALSO	High	Q95793	Master Protein	Double-stranded RNA-binding protein Staufen homolog 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=STAU1 PE=1 SV=2	0	65,214	33	14	18	13	1	577	63.1	9.44	47.8	14	High
FALSO	High	Q9UJV9	Master Protein	Probable ATP-dependent RNA helicase DDX41 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DDX41 PE=1 SV=2	0	65,197	29	16	19	16	1	622	69.8	6.84	42.67	16	High
FALSO	High	P52888	Master Protein	60S ribosomal protein L30 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RPL30 PE=1 SV=2	0	64,917	68	9	19	9	1	115	12.8	9.63	54.53	9	High
FALSO	High	Q9NZM5	Master Protein	Ribosome biogenesis protein NOP53 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NOP53 PE=1 SV=2	0	64,779	35	9	12	9	1	478	54.4	10.32	38.23	9	High
FALSO	High	P17987	Master Protein	T-complex protein 1 subunit alpha OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TCP1 PE=1 SV=1	0	64,714	30	11	12	11	1	556	60.3	6.11	36.05	11	High
FALSO	High	Q07020	Master Protein	60S ribosomal protein L18 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RPL18 PE=1 SV=2	0	64,608	49	12	26	12	1	188	21.6	11.72	61.77	12	High
FALSO	High	Q94973-2	Master Protein	isoform 2 of AP-2 complex subunit alpha-2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=AP2A2	0	64,594	20	14	18	7	1	940	104	6.86	45.14	14	High
FALSO	High	P24534	Master Protein	Elongation factor 1-beta OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EEF1B2 PE=1 SV=3	0	64,389	62	8	16	8	1	225	24.7	4.67	51.22	8	High
FALSO	High	Q8N163	Master Protein	Cell cycle and apoptosis regulator protein 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CCAR2 PE=1 SV=2	0	63,959	24	14	17	14	1	923	102.8	5.22	52.18	14	High
FALSO	High	Q8UBW7	Master Protein	Zinc finger MYM-type protein 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ZMYM2 PE=1 SV=1	0	63,763	16	18	20	18	1	1377	154.8	6.34	44.42	18	High
FALSO	High	O15160	Master Protein	DNA-directed RNA polymerases I and III subunit RPAC1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=POLR1C PE=1 SV=1	0	63,724	37	9	14	9	1	346	39.2	5.5	45.82	9	High
FALSO	High	Q9Z979	Master Protein	Ribosomal RNA small subunit methyltransferase NEP1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EMG1 PE=1 SV=4	0	63,669	72	12	21	12	1	244	26.7	9.17	59.74	12	High
FALSO	High	Q86125	Master Protein	Splicing factor 45 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RBM17 PE=1 SV=1	0	63,659	46	16	23	16	1	401	44.9	5.97	47.05	16	High
FALSO	High	Q8N3U4-2	Master Protein	isoform 2 of cohesin subunit SA-2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=STAG2	0	63,544	13	14	16	9	1	1268	145.7	5.52	41.59	14	High
FALSO	High	Q8NW64	Master Protein	Pre-mRNA-splicing factor RBM22 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RBM22 PE=1 SV=1	0	63,492	35	12	17	12	1	420	46.9	8.54	47.24	12	High
FALSO	High	Q9Z793	Master Protein	CREB-binding protein OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CREBBP PE=1 SV=3	0	63,474	9	16	18	8	1	2442	265.2	8.53	42.2	16	High
FALSO	High	Q9NX63	Master Protein	MICOS complex subunit MIC19 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CHHD3 PE=1 SV=1	0	63,272	45	12	19	12	1	227	26.1	8.28	48.66	12	High
FALSO	High	Q00159	Master Protein	Unconventional myosin-1c OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MYO1C PE=1 SV=4	0	63,222	20	18	19	18	1	1063	121.6	9.41	39.97	18	High
FALSO	High	Q9Y221	Master Protein	60S ribosome subunit biogenesis protein NIP7 homolog OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NIP7 PE=1 SV=1	0	62,913	76	8	12	8	1	180	20.4	8.51	44.24	8	High
FALSO	High	P12235	Master Protein	ADP/ATP translocase 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SLC25A4 PE=1 SV=4	0	62,715	42	13	16	1	1	298	33	9.76	39.32	13	High
FALSO	High	Q8HY6-3	Master Protein	isoform 3 of DNA-directed RNA polymerase I subunit RPA2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=POLR1B	0	62,568	18	17	18	17	1	1173	132.2	7.93	49.53	17	High
FALSO	High	Q43823	Master Protein	A-kinase anchor protein 8 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=AKAP8 PE=1 SV=1	0	62,482	24	11	16	11	1	692	76.1	5.15	41.26	11	High
FALSO	High	P25705	Master Protein	ATP synthase subunit alpha, mitochondrial OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ATP5F1A PE=1 SV=1	0	62,28	33	15	18	15	1	553	59.7	9.13	44.81	15	High
FALSO	High	Q9BUJ5	Master Protein	Tubulin beta-6 chain OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TUBB6 PE=1 SV=1	0	62,023	35	13	28	5	1	446	49.8	4.88	54.15	13	High
FALSO	High	Q96EY1	Master Protein	DnaJ homolog subfamily A member 3, mitochondrial OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DNAJA3 PE=1 SV=2	0	61,98	28	10	16	10	1	480	52.5	9.26	52.61	10	High
FALSO	High	P78332	Master Protein	RNA-binding protein 6 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RBM6 PE=1 SV=5	0	61,77	16	14	17	14	1	1123	128.6	5.32	45.51	14	High
FALSO	High	P33240	Master Protein	Cleavage stimulation factor subunit 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CSTF2 PE=1 SV=1	0	61,732	28	9	12	6	1	577	60.9	6.83	42.8	9	High
FALSO	High	P30050	Master Protein	60S ribosomal protein L12 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RPL12 PE=1 SV=1	0	61,671	59	8	32	8	1	165	17.8	9.42	96.09	8	High

FALSE	High	Master Protein	Q9Y512	Sorting and assembly machinery component 50 homolog OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SAMM50 PE=1 SV=3	0	61,384	32	13	20	13	1	469	51.9	6.9	52.58	13	High
FALSO	High	Master Protein	Q8N127	THO complex subunit 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=THOC2 PE=1 SV=2	0	61,377	14	17	17	17	1	1593	182.7	8.44	37.69	17	High
FALSO	High	Master Protein	Q8WWM7	Cohesin subunit SA-1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=STAG1 PE=1 SV=3	0	61,172	15	16	18	11	1	1258	144.3	5.59	42.48	16	High
FALSO	High	Master Protein	Q95758-4	Isoform 4 of Polypyrimidine tract-binding protein 3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PTBP3	0	61,136	29	10	20	7	1	558	60.4	9.19	43.4	10	High
FALSO	High	Master Protein	Q7Z3B4	Nucleoporin p54 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NUP54 PE=1 SV=2	0	61,052	31	15	22	15	1	507	55.4	7.02	53.9	15	High
FALSO	High	Master Protein	Q95453	Poly(A)-specific ribonuclease PARN OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PARN PE=1 SV=1	0	60,988	21	11	15	11	1	639	73.4	6.2	44.51	11	High
FALSO	High	Master Protein	Q9N2X4	H/ACA ribonucleoprotein complex subunit 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NH22 PE=1 SV=1	0	60,753	75	6	13	6	1	153	17.2	8.22	54.07	6	High
FALSO	High	Master Protein	Q95R55	Nucleoporin NUP188 homolog OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NUP188 PE=1 SV=1	0	60,732	11	16	19	16	1	1749	195.9	6.73	45.78	16	High
FALSO	High	Master Protein	Q96ZL7	Ribosome biogenesis protein WDR12 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=WDR12 PE=1 SV=2	0	60,707	31	10	15	10	1	423	47.7	5.9	41.93	10	High
FALSO	High	Master Protein	P67870	Casein kinase II subunit beta OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CK2B PE=1 SV=1	0	60,458	61	8	12	8	1	215	24.9	5.55	35.42	8	High
FALSO	High	Master Protein	Q16630-2	Isoform 2 of Cleavage and polyadenylation specificity factor subunit 6 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CPSF6	0	60,226	23	11	17	11	1	588	63.4	7.71	44.64	11	High
FALSO	High	Master Protein	Q9UHB6-4	Isoform 4 of LIM domain and actin-binding protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=LIMA1	0	60,15	25	15	18	15	1	760	85.2	6.76	39.5	15	High
FALSO	High	Master Protein	Q9RPH5	WD repeat-containing protein 74 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=WDR74 PE=1 SV=1	0	60,091	43	14	16	14	1	385	42.4	8.32	40.62	14	High
FALSO	High	Master Protein	Q94905	Erlin-2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ERLIN2 PE=1 SV=1	0	60,058	37	11	16	9	1	339	37.8	5.62	41.02	11	High
FALSO	High	Master Protein	Q92820	Pre-mRNA-splicing factor ATP-dependent RNA helicase PRP16 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DX38 PE=1 SV=2	0	59,886	17	15	16	15	1	1227	140.4	6.54	43.24	15	High
FALSO	High	Master Protein	P62879	Guanine nucleotide-binding protein G(I)/G(S)/G(TT) subunit beta-2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=GNB2 PE=1 SV=3	0	59,744	41	8	15	6	1	340	37.3	6	49.06	8	High
FALSO	High	Master Protein	Q6LUN15-3	Isoform 3 of Pre-mRNA 3'-end-processing factor FIP1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=FIP11	0	59,44	27	9	11	1	1	520	58.3	5.55	35.21	9	High
FALSO	High	Master Protein	P02458	Collagen alpha-1(I) chain OS=Homo sapiens OX=9606 GN=COL2A1 PE=1 SV=3	0	59,426	11	11	16	11	1	1487	141.7	6.92	43.47	11	High
FALSO	High	Master Protein	P09012	U1 small nuclear ribonucleoprotein A OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SNRPA PE=1 SV=3	0	59,378	22	7	21	5	1	282	31.3	9.83	72.03	7	High
FALSO	High	Master Protein	Q75569	Interferon-inducible double-stranded RNA-dependent protein kinase activator A OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PKRPA PE=1 SV=1	0	59,374	54	12	19	12	1	313	34.4	8.41	43.99	12	High
FALSO	High	Master Protein	Q9UG63-2	Isoform 2 of ATP-binding cassette sub-family F member 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ABCF2	0	59,296	29	14	19	14	1	634	72.4	7.49	35.92	14	High
FALSO	High	Master Protein	P56192	Methionine-tRNA ligase, cytoplasmic OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MARS PE=1 SV=2	0	59,102	16	13	15	13	1	900	101.1	6.16	35.84	13	High
FALSO	High	Master Protein	Q95339-3	Isoform 3 of CUGBP Elav-like family member 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CELF2	0	58,85	25	11	15	9	1	521	55.7	9.04	39.73	11	High
FALSO	High	Master Protein	Q9H0L4	Cleavage stimulation factor subunit 2 tau variant OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CST2T2 PE=1 SV=1	0	58,577	28	9	12	6	1	616	64.4	7.25	41.35	9	High
FALSO	High	Master Protein	Q8MWY3	U4/U6 small nuclear ribonucleoprotein Prp31 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PRP31 PE=1 SV=2	0	58,192	45	14	18	14	1	499	55.4	5.78	47.74	14	High
FALSO	High	Master Protein	Q8Y37	Probable ATP-dependent RNA helicase DHX37 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DX37 PE=1 SV=1	0	58,136	16	12	15	12	1	1157	129.5	8.1	42.96	12	High
FALSO	High	Master Protein	P40429	60S ribosomal protein L13a OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RPL13A PE=1 SV=2	0	58,063	47	18	32	18	1	203	23.6	10.93	38.26	18	High
FALSO	High	Master Protein	Q96GM8	Target of EGR1 protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TOE1 PE=1 SV=1	0	57,748	30	12	15	12	1	510	56.5	7.18	46.39	12	High
FALSO	High	Master Protein	Q96Z10	Crooked neck-like protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CRNK11 PE=1 SV=4	0	57,723	19	14	17	14	1	848	100.4	8	39.94	14	High

FALSO	High	Q5ONW6-2	Master Protein	Q5ONW6-2	0	57,714	43	7	25	3	1	134	14.8	10.35	61.26	7	High
FALSO	High	Q14692	Master Protein	Q14692	0	57,401	16	15	15	15	1	1282	145.7	6.44	34.54	15	High
FALSO	High	Q96124	Master Protein	Q96124	0	57,399	34	13	16	13	1	572	61.6	8.38	42.17	13	High
FALSO	High	Q8NH09	Master Protein	Q8NH09	0	57,398	25	11	13	11	1	600	68.5	9.25	37.39	11	High
FALSO	High	Q9BTC8	Master Protein	Q9BTC8	0	57,343	27	13	18	7	1	594	67.5	8.57	44.92	13	High
FALSO	High	P05198	Master Protein	P05198	0	57,332	64	17	19	17	1	315	36.1	5.08	49.68	17	High
FALSO	High	O00422	Master Protein	O00422	0	57,184	80	12	18	12	1	153	17.6	9.35	45.07	12	High
FALSO	High	P41219-2	Master Protein	P41219-2	0	57,173	18	9	56	9	1	471	53.7	5.47	107.44	9	High
FALSO	High	P54136	Master Protein	P54136	0	56,951	28	15	18	15	1	660	75.3	6.68	39.79	15	High
FALSO	High	Q96CW1	Master Protein	Q96CW1	0	56,944	39	13	18	13	1	435	49.6	9.54	42.58	13	High
FALSO	High	P50914	Master Protein	P50914	0	56,922	32	9	25	9	1	215	23.4	10.93	58.38	9	High
FALSO	High	Q86U38	Master Protein	Q86U38	0	56,772	26	10	12	10	1	636	69.4	7.28	41.3	10	High
FALSO	High	ASA3E0	Master Protein	ASA3E0	0	56,757	8	8	60	1	1	1075	121.4	6.2	129.58	8	High
FALSO	High	P60842	Master Protein	P60842	0	56,521	34	9	14	8	1	406	46.1	5.48	42.79	9	High
FALSO	High	Q96K42	Master Protein	Q96K42	0	56,428	17	5	10	5	1	561	62.9	8.63	36.12	5	High
FALSO	High	Q92974	Master Protein	Q92974	0	56,422	20	13	15	13	1	986	111.5	7.27	41.67	13	High
FALSO	High	P18583-9	Master Protein	P18583-9	0	55,986	10	14	15	14	1	2466	267.9	5.57	37.88	14	High
FALSO	High	Q86V81	Master Protein	Q86V81	0	55,908	42	5	13	5	1	257	26.9	11.15	39.6	5	High
FALSO	High	P46776	Master Protein	P46776	0	55,839	33	6	11	6	1	148	16.6	11	28.86	6	High
FALSO	High	Q8Y67-2	Master Protein	Q8Y67-2	0	55,588	26	9	10	9	1	739	77.8	8.84	35.34	9	High
FALSO	High	Q8NE71	Master Protein	Q8NE71	0	55,282	18	11	12	11	1	845	95.9	6.8	42.26	11	High
FALSO	High	Q6UN15	Master Protein	Q6UN15	0	55,073	28	9	11	1	1	564	66.5	5.59	34.21	9	High
FALSO	High	P08708	Master Protein	P08708	0	55,031	60	9	16	9	1	135	15.5	9.85	40.35	9	High
FALSO	High	Q9P215	Master Protein	Q9P215	0	54,898	14	11	12	11	1	1176	134.4	7.3	34.35	11	High
FALSO	High	P38159	Master Protein	P38159	0	54,853	23	9	12	9	1	391	42.3	10.05	32.87	9	High
FALSO	High	P82979	Master Protein	P82979	0	54,785	47	10	15	10	1	210	23.7	6.42	40.69	10	High
FALSO	High	Q13547	Master Protein	Q13547	0	54,421	22	8	15	4	1	482	55.1	5.48	39.69	8	High
FALSO	High	O60244	Master Protein	O60244	0	54,387	14	12	14	12	1	1454	160.5	8.73	40.48	12	High
FALSO	High	Q15428	Master Protein	Q15428	0	54,18	25	9	13	9	1	464	49.2	9.64	31.04	9	High
FALSO	High	Q9Y3A4	Master Protein	Q9Y3A4	0	54,153	46	10	18	10	1	280	32.3	9.58	46.37	10	High

FALSE	High	Master Protein	P06899	Histone H2B type 1-J OS=Homo sapiens OX=9606 GN=HIST1H2BJ PE=1 SV=3	0	54,133	44	6	21	2	1	126	13.9	10.32	56.68	6	High
FALSE	High	Master Protein	P25196	Probable ATP-dependent RNA helicase DDX6 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DDX6 PE=1 SV=2	0	54,084	31	9	11	8	1	483	54.4	8.66	35.37	9	High
FALSE	High	Master Protein	P29372	DNA-3-methyladenine glycosylase OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MPG PE=1 SV=3	0	53,907	45	9	12	9	1	298	32.8	9.57	38.6	9	High
FALSE	High	Master Protein	Q16576	Histone-binding protein RBBP7 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RBBP7 PE=1 SV=1	0	53,457	40	13	18	6	1	425	47.8	5.05	40.22	13	High
FALSE	High	Master Protein	Q15294	UDP-N-acetylglucosamine-peptide N-acetylglucosaminyltransferase 110 kDa subunit OS=Homo sapiens OX=9606 GN=OGT PE=1 SV=3	0	53,379	17	12	13	12	1	1046	116.9	6.7	34.38	12	High
FALSE	High	Master Protein	Q918HD	Nucleolar protein 11 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NOL11 PE=1 SV=1	0	52,993	32	13	16	13	1	719	81.1	6.07	40.18	13	High
FALSE	High	Master Protein	Q13206	Probable ATP-dependent RNA helicase DDX10 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DDX10 PE=1 SV=2	0	52,937	21	16	18	16	1	875	100.8	8.63	31.63	16	High
FALSE	High	Master Protein	Q96101	THO complex subunit 3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=THOCS PE=1 SV=1	0	52,848	25	7	10	7	1	351	38.7	6.09	31.39	7	High
FALSE	High	Master Protein	P62829	60S ribosomal protein L23 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RPL23 PE=1 SV=1	0	52,755	48	9	21	9	1	140	14.9	10.51	54.9	9	High
FALSE	High	Master Protein	P27694	Replication protein A 70 kDa DNA-binding subunit OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RP1A1 PE=1 SV=2	0	52,726	32	11	13	11	1	616	68.1	7.21	41.21	11	High
FALSE	High	Master Protein	Q60884	Dnal homolog subfamily A member 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DNAAJ2 PE=1 SV=1	0	52,596	33	8	11	8	1	412	45.7	6.48	34.32	8	High
FALSE	High	Master Protein	Q8WV66-2	Isoform 2 of Chromosome transmission fidelity protein 18 homolog OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CTF1B	0	52,533	17	10	11	10	1	1003	110.1	7.23	29.29	10	High
FALSE	High	Master Protein	Q9Y6D9	Mitotic spindle assembly checkpoint protein MAO1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MAO1 PE=1 SV=2	0	52,495	20	11	15	11	1	718	83	5.92	36.31	11	High
FALSE	High	Master Protein	P04637	Cellular tumor antigen p53 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TP53 PE=1 SV=4	0	52,405	31	10	16	10	1	393	43.6	6.79	34.48	10	High
FALSE	High	Master Protein	O15372	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit H OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EIF3H PE=1 SV=1	0	52,332	32	9	14	9	1	352	39.9	6.54	41.69	9	High
FALSE	High	Master Protein	P04844	Dolichyl-diphosphoglucosyltransferase subunit 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PNZ PE=1 SV=3	0	52,254	23	9	10	9	1	651	69.2	5.69	34.24	9	High
FALSE	High	Master Protein	Q9UPN9	E3 ubiquitin-protein ligase TRIM33 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TRIM33 PE=1 SV=3	0	52,241	13	12	16	10	1	1127	122.5	6.67	35.37	12	High
FALSE	High	Master Protein	Q68CP9	AT-rich interactive domain-containing protein 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ARID2 PE=1 SV=2	0	52,223	11	11	15	11	1	1835	197.3	7.42	36.89	11	High
FALSE	High	Master Protein	Q04837	Single-stranded DNA-binding protein, mitochondrial OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SSBP1 PE=1 SV=1	0	51,98	60	9	12	9	1	148	17.2	9.6	33.06	9	High
FALSE	High	Master Protein	Q99557	Nuclear pore complex protein Nup88 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NUP88 PE=1 SV=2	0	51,658	21	10	15	10	1	741	83.5	5.69	44.34	10	High
FALSE	High	Master Protein	P08621	U1 small nuclear ribonucleoprotein 70 kDa OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SNRNP70 PE=1 SV=2	0	51,657	24	10	18	10	1	437	51.5	9.94	42.25	10	High
FALSE	High	Master Protein	Q15648	Mediator of RNA polymerase II transcription subunit 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MED1 PE=1 SV=4	0	51,469	10	10	13	10	1	1581	168.4	8.73	37.48	10	High
FALSE	High	Master Protein	P78344	Eukaryotic translation initiation factor 4 gamma 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EIF4G2 PE=1 SV=1	0	51,396	20	13	14	13	1	907	102.3	7.14	37.77	13	High
FALSE	High	Master Protein	O15143	Actin-related protein 2/3 complex subunit 1B OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ARPC1B PE=1 SV=3	0	51,158	42	10	17	9	1	372	40.9	8.35	37.95	10	High
FALSE	High	Master Protein	P06376	ATP synthase subunit beta, mitochondrial OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ATP5F1B PE=1 SV=3	0	51,133	33	9	13	9	1	529	56.5	5.4	42.85	9	High
FALSE	High	Master Protein	Q9CD18	pre-mRNA 3' end processing protein WDR33 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=WDR33 PE=1 SV=2	0	51,029	15	12	16	11	1	1356	145.8	9.17	38.3	12	High
FALSE	High	Master Protein	Q15424-3	Isoform 3 of Scaffold attachment factor B1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SAFB	0	50,989	14	11	14	4	1	917	102.8	5.49	38.54	11	High
FALSE	High	Master Protein	P28331-2	Isoform 2 of NADH-ubiquinone oxidoreductase 75 kDa subunit, mitochondrial OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NDUF51	0	50,979	22	13	15	13	1	741	80.9	6.64	35.71	13	High

FALSO	High	Master Protein	P42695	Condensin-2 complex subunit D3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NCAPD3 PE=1 SV=2	0	50,944	13	11	14	11	1	1498	168.8	7.5	42.43	11	High
FALSO	High	Master Protein	Q12972	Nuclear inhibitor of protein phosphatase 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PPP1B8 PE=1 SV=2	0	50,803	46	9	10	9	1	351	38.5	7.37	30.17	9	High
FALSO	High	Master Protein	Q14527	Helicase-like transcription factor OS=Homo sapiens OX=9606 GN=HLTF PE=1 SV=2	0	50,625	20	14	14	14	1	1009	113.9	8.6	28.77	14	High
FALSO	High	Master Protein	O75607	Nucleoplasmic-3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NPM3 PE=1 SV=3	0	50,536	37	4	9	4	1	178	19.3	4.63	34.74	4	High
FALSO	High	Master Protein	Q2NLEZ	Pre-rRNA-processing protein TSR1 PE=1 SV=1	0	50,482	21	10	12	10	1	804	91.8	7.42	33.25	10	High
FALSO	High	Master Protein	P30419	Glycopeptide N-tetradecanoyltransferase 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NMT1 PE=1 SV=2	0	50,446	23	8	10	8	1	496	56.8	7.8	29.18	8	High
FALSO	High	Master Protein	Q15554	Telomeric repeat-binding factor 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TERF2 PE=1 SV=3	0	50,396	21	10	13	10	1	542	59.6	9.35	34.67	10	High
FALSO	High	Master Protein	Q9Y4P3	Transducin beta-like protein 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TL2 PE=1 SV=1	0	50,319	26	8	11	8	1	447	49.8	9.44	33.82	8	High
FALSO	High	Master Protein	Q6DK11	60S ribosomal protein L7-like 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RPL7L1 PE=1 SV=1	0	50,301	36	8	14	8	1	246	28.6	10.51	26.54	8	High
FALSO	High	Master Protein	Q9NVX2	Notchless protein homolog 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NLE1 PE=1 SV=4	0	50,145	34	9	11	9	1	485	53.3	7.34	37.51	9	High
FALSO	High	Master Protein	P35232	Prohibitin OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PHB PE=1 SV=1	0	50,09	45	7	11	7	1	272	29.8	5.76	37.4	7	High
FALSO	High	Master Protein	O75955	FliAilin-1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=FLIT1 PE=1 SV=3	0	50,052	34	11	13	11	1	427	47.3	7.49	36.32	11	High
FALSO	High	Master Protein	P41252	Isoleucine-tRNA ligase, cytoplasmic OS=Homo sapiens OX=9606 GN=IRS PE=1 SV=2	0	50,032	15	12	13	12	1	1262	144.4	6.15	28.15	12	High
FALSO	High	Master Protein	P83916	Chromobox protein homolog 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CBX1 PE=1 SV=1	0	49,658	51	7	18	6	1	185	21.4	4.93	51.21	7	High
FALSO	High	Master Protein	Q9HCX8	Chromodomain-helicase-DNA-binding protein 8 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CHD8 PE=1 SV=5	0	49,605	8	14	15	9	1	2581	290.3	6.47	33.56	14	High
FALSO	High	Master Protein	Q9U5D2	Isform 2 of Calcium-binding mitochondrial carrier protein Atrial2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SLC25A13	0	49,511	26	14	15	11	1	676	74.3	8.62	33.39	14	High
FALSO	High	Master Protein	P62314	Small nuclear ribonucleoprotein Sm D1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SNRPD1 PE=1 SV=1	0	49,44	59	6	17	6	1	119	13.3	11.56	52.33	6	High
FALSO	High	Master Protein	Q81WAO	WD repeat-containing protein 75 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=WDR75 PE=1 SV=1	0	49,419	20	11	15	11	1	830	94.4	5.96	33.5	11	High
FALSO	High	Master Protein	Q96A72	Protein margo nashi homolog 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MAGOHB PE=1 SV=1	0	49,379	62	8	14	8	1	148	17.3	6.39	31.07	8	High
FALSO	High	Master Protein	O60318	Germinal-center associated nuclear protein OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MCM3AP PE=1 SV=2	0	49,188	11	14	14	14	1	1980	218.3	6.39	33.05	14	High
FALSO	High	Master Protein	P04908	Histone H2A type 1-B/E OS=Homo sapiens OX=9606 GN=HIST1H2AB PE=1 SV=2	0	49,004	35	5	23	2	1	130	14.1	11.05	57.04	5	High
FALSO	High	Master Protein	P61313	60S ribosomal protein L15 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RPL15 PE=1 SV=2	0	48,926	39	8	18	8	1	204	24.1	11.62	45.89	8	High
FALSO	High	Master Protein	Q9NPP5	DNA methyltransferase 1-associated protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DMAP1 PE=1 SV=1	0	48,89	26	12	14	12	1	467	53	9.5	35.4	12	High
FALSO	High	Master Protein	P35249	Replication factor C subunit 4 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RFC4 PE=1 SV=2	0	48,821	46	15	17	15	1	363	39.7	8.02	29.31	15	High
FALSO	High	Master Protein	Q9BW59	Chitinase domain-containing protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CHI1D1 PE=1 SV=1	0	48,729	27	10	12	10	1	393	44.9	8.63	33.81	10	High
FALSO	High	Master Protein	Q9NFH3	Nucleopoin Nup43 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NUP43 PE=1 SV=1	0	48,644	35	7	11	7	1	380	42.1	5.63	33.61	7	High
FALSO	High	Master Protein	Q9NX58	Cell growth-regulating nucleolar protein OS=Homo sapiens OX=9606 GN=LYAR PE=1 SV=2	0	48,568	23	8	14	8	1	379	43.6	9.54	41.39	8	High
FALSO	High	Master Protein	Q9JBL3	Set1/ASH2 histone methyltransferase complex subunit ASH2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ASH2L PE=1 SV=1	0	48,525	17	8	9	8	1	628	68.7	5.99	27.81	8	High
FALSO	High	Master Protein	Q9H9Y2	Ribosome production factor 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RPF1 PE=1 SV=2	0	48,31	40	10	15	10	1	349	40.1	10.01	31.62	10	High
FALSO	High	Master Protein	Q9B295	Histone-lysine N-methyltransferase NSD3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NSD3 PE=1 SV=1	0	48,265	14	10	12	10	1	1437	161.5	8.21	38.77	10	High

FALSO	High	Master Protein	O15381	Nuclear valosin-containing protein-like OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NVL PE=1 SV=1	0	48,257	17	9	11	9	1	856	95	6,48	35,4	9	High
FALSO	High	Master Protein	Q95A33	Coiled-coil domain-containing protein 47 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CCDC47 PE=1 SV=1	0	48,182	26	9	11	9	1	483	55,8	4,87	31,16	9	High
FALSO	High	Master Protein	Q8UBH9	Signal recognition particle subunit SRP68 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SRP68 PE=1 SV=2	0	48,038	18	8	9	8	1	627	70,7	8,56	29,45	8	High
FALSO	High	Master Protein	Q9NUJ5	Zinc finger CCHC domain-containing protein 3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ZCCHC3 PE=1 SV=1	0	47,8	26	10	13	10	1	404	43,6	8,53	28,83	10	High
FALSO	High	Master Protein	Q9NRX1	RNA-binding protein PNO1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PNO1 PE=1 SV=1	0	47,598	40	7	11	7	1	252	27,9	9,73	36,95	7	High
FALSO	High	Master Protein	P62750	60S ribosomal protein L23a OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RPL23A PE=1 SV=1	0	47,581	44	8	14	8	1	156	17,7	10,45	35,66	8	High
FALSO	High	Master Protein	Q957J5	Collagen alpha-1(XII) chain OS=Homo sapiens OX=9606 GN=COL12A1 PE=1 SV=2	0	47,581	6	13	13	13	1	3063	332,9	5,53	34,34	13	High
FALSO	High	Master Protein	Q14151	Scaffold attachment factor B2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SAFB2 PE=1 SV=1	0	47,557	14	10	12	3	1	953	107,4	6,16	35,84	10	High
FALSO	High	Master Protein	P28288	ATP-binding cassette sub-family D member 3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ABCD3 PE=1 SV=1	0	47,382	16	8	9	8	1	659	75,4	9,96	27,4	8	High
FALSO	High	Master Protein	Q9JUN8	Ras GTPase-activating protein-binding protein 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=G3BP2 PE=1 SV=2	0	47,287	26	8	9	8	1	482	54,1	5,55	25,28	8	High
FALSO	High	Master Protein	Q14562	ATP-dependent RNA helicase DHX8 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DHX8 PE=1 SV=1	0	47,131	17	13	13	12	1	1220	139,2	8,32	36,93	13	High
FALSO	High	Master Protein	Q9HRH2	Probable ATP-dependent RNA helicase DDX31 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DDX31 PE=1 SV=2	0	47,095	18	10	11	10	1	851	94	9,99	30,62	10	High
FALSO	High	Master Protein	Q9JUX7	Nuclear pore complex protein Nup50 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NUP50 PE=1 SV=2	0	46,826	31	7	11	7	1	468	50,1	7,06	31,68	7	High
FALSO	High	Master Protein	O00303	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit F OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EIF3F PE=1 SV=1	0	46,707	39	10	12	10	1	357	37,5	5,45	34,91	10	High
FALSO	High	Master Protein	O60508	Pre-mRNA-processing factor 17 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CDC40 PE=1 SV=1	0	46,694	31	11	14	11	1	579	65,5	7,06	38,18	11	High
FALSO	High	Master Protein	P13647	Keratin, type II cytoskeletal 5 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=KRT5 PE=1 SV=3	0	46,479	17	10	15	3	1	590	52,3	7,74	26,37	10	High
FALSO	High	Master Protein	Q99832	T-complex protein 1 subunit eta OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CTT7 PE=1 SV=2	0	46,45	34	13	15	13	1	543	59,3	7,65	40,26	13	High
FALSO	High	Master Protein	Q9JLW0-2	Isoform 2 of Targeting protein for Xtkp2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TPX2	0	46,387	20	11	11	11	1	783	89,3	9,2	28,47	11	High
FALSO	High	Master Protein	P1E1D4	Histone H2AX OS=Homo sapiens OX=9606 GN=H2AFX PE=1 SV=2	0	46,324	32	5	15	1	1	143	15,1	10,74	47,05	5	High
FALSO	High	Master Protein	Q9P2D1	Chromodomain-helicase-DNA-binding protein 7 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CHD7 PE=1 SV=3	0	46,315	6	13	14	9	1	2997	335,7	6,34	31,71	13	High
FALSO	High	Master Protein	Q9JUK8	Protein argonaute-2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=AGO2 PE=1 SV=3	0	46,213	16	10	12	10	1	859	97,1	9,19	31,88	10	High
FALSO	High	Master Protein	P08572	Collagen alpha-2(V) chain OS=Homo sapiens OX=9606 GN=COL1A2 PE=1 SV=4	0	46,204	11	11	12	11	1	1712	167,4	8,66	37,01	11	High
FALSO	High	Master Protein	O75152	Zinc finger CCHC domain-containing protein 11A OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ZC3H11A PE=1 SV=3	0	46,114	24	12	12	12	1	810	89,1	8,37	34,17	12	High
FALSO	High	Master Protein	P56182	Ribosomal RNA processing protein 1 homolog A OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RRP1 PE=1 SV=1	0	46,013	26	10	18	10	1	461	52,8	9,33	35,81	10	High
FALSO	High	Master Protein	Q9JUN9	WD repeat-containing protein 82 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=WDR82 PE=1 SV=1	0	45,796	28	9	13	9	1	313	35,1	7,69	28,1	9	High
FALSO	High	Master Protein	Q7Z7K6	Centromere protein Y OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CENPY PE=1 SV=1	0	45,75	37	7	14	7	1	275	29,9	9,75	46,74	7	High
FALSO	High	Master Protein	Q9G251-2	Isoform 2 of DNA-directed RNA polymerase I subunit RPA49 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=POLR1E	0	45,608	30	10	14	10	1	419	47,2	8,94	38,07	10	High
FALSO	High	Master Protein	P62826	GTP-binding nuclear protein Ran OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RAN PE=1 SV=3	0	45,183	35	8	11	8	1	216	24,4	7,49	30,43	8	High
FALSO	High	Master Protein	O60341	Lysine-specific histone demethylase 1A OS=Homo sapiens OX=9606 GN=KDM1A PE=1 SV=2	0	45,134	21	14	16	14	1	852	92,8	6,52	31,26	14	High
FALSO	High	Master Protein	Q9TAC2	SWI/SNF complex subunit SMARCC2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SMARCC2 PE=1 SV=1	0	45,08	12	11	13	13	1	1214	132,8	5,69	27,79	11	High

FALSO	High	Q27A77	Master Protein	WD40 repeat-containing protein SMU1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SMU1 PE=1 SV=2	0	45,078	30	10	14	10	1	513	57.5	7.18	30.89	10	High
FALSO	High	Q6P989	Master Protein	Integrator complex subunit 5 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=INT55 PE=1 SV=1	0	44,983	13	10	15	10	1	1019	107.9	7.05	38.44	10	High
FALSO	High	P35908	Master Protein	Keratin, type II cytoskeletal 2 epidermal OS=Homo sapiens OX=9606 GN=KRT2 PE=1 SV=2	0	44,916	17	10	14	3	1	699	65.4	8	29.64	10	High
FALSO	High	Q9Y589	Master Protein	FACT complex subunit SPT16 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SUPT16H PE=1 SV=1	0	44,931	13	10	13	10	1	1047	119.8	5.66	31.35	10	High
FALSO	High	P62913	Master Protein	60S ribosomal protein L11 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RP11 PE=1 SV=2	0	44,569	44	9	24	9	1	178	20.2	9.6	57.78	9	High
FALSO	High	O15144	Master Protein	Actin-related protein 2/3 complex subunit 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ARPC2 PE=1 SV=1	0	44,448	45	10	13	10	1	300	34.3	7.36	34.52	10	High
FALSO	High	Q9Y281	Master Protein	Cofilin-2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CFIL2 PE=1 SV=1	0	44,392	51	7	11	3	1	166	18.7	7.88	32.02	7	High
FALSO	High	Q9U103	Master Protein	Integrator complex subunit 6 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=INT56 PE=1 SV=1	0	44,214	20	13	15	13	1	887	100.3	8.62	33.57	13	High
FALSO	High	Q00688	Master Protein	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase FKBP3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=FKBP3 PE=1 SV=1	0	44,075	48	9	12	9	1	224	25.2	9.28	30.96	9	High
FALSO	High	Q06265-2	Master Protein	Isoform 2 of Exosome complex component RRM45 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EXOSC9	0	44,038	19	8	11	8	1	456	50.8	5.3	29.07	8	High
FALSO	High	Q9H6R0	Master Protein	Purative ATP-dependent RNA helicase DHX33 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DHX33 PE=1 SV=2	0	44,027	19	13	15	13	1	707	78.8	8.91	31.02	13	High
FALSO	High	Q9N1H1	Master Protein	DnaJ homolog subfamily C member 11 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DNAJC11 PE=1 SV=2	0	43,963	24	10	12	10	1	559	63.2	8.4	35.22	10	High
FALSO	High	Q5RKY6	Master Protein	Exosome complex component MTR3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EXOSC6 PE=1 SV=1	0	43,883	44	11	14	11	1	272	28.2	6.28	34.29	11	High
FALSO	High	Q7LGA3	Master Protein	Heparan sulfate 2-O-sulfotransferase 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=HS2T1 PE=1 SV=1	0	43,762	28	6	10	6	1	356	41.9	8.69	30.11	6	High
FALSO	High	P00058	Master Protein	Histone H2A type 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=HIST1H2AG PE=1 SV=2	0	43,529	35	5	24	2	1	190	14.1	10.9	53.59	5	High
FALSO	High	Q14258	Master Protein	E3 ubiquitin/ISG15 ligase TRIM25 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TRIM25 PE=1 SV=2	0	43,511	19	9	13	9	1	690	70.9	8.09	31.55	9	High
FALSO	High	Q10471	Master Protein	Polypeptide N-acetylglucosaminyltransferase 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=GALT2 PE=1 SV=1	0	43,439	21	8	10	8	1	571	64.7	8.35	36.26	8	High
FALSO	High	Q16698	Master Protein	2,4-dienoyl-CoA reductase, mitochondrial OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DCR1 PE=1 SV=1	0	43,402	30	8	10	8	1	395	36	9.28	23.8	8	High
FALSO	High	Q92747	Master Protein	Actin-related protein 2/3 complex subunit 1A OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ARPC1A PE=2 SV=2	0	43,326	43	9	10	8	1	370	41.5	8.18	27.76	9	High
FALSO	High	Q92843-2	Master Protein	Isoform 3 of Bcl-2-like protein 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=BCL2L2	0	43,3	28	6	9	6	1	333	37.1	8.13	32.19	6	High
FALSO	High	Q8N884	Master Protein	Cyclic GMP-AMP synthase OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CGAS PE=1 SV=2	0	43,05	25	9	12	9	1	522	58.8	9.48	32.3	9	High
FALSO	High	P31483-2	Master Protein	Isoform Short of Nucleolin TIA-1 Isoform p40 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TIA1	0	42,988	23	7	11	2	1	375	41.8	7.74	37.94	7	High
FALSO	High	P19447	Master Protein	General transcription and DNA repair factor IIF helicase subunit XPB OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ERCC3 PE=1 SV=1	0	42,975	23	10	11	10	1	792	89.2	7.23	33.12	10	High
FALSO	High	P54289	Master Protein	Voltage-dependent calcium channel subunit alpha-2/delta-1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CAV2D1 PE=1 SV=3	0	42,884	12	11	12	11	1	1109	124.5	5.27	27.63	11	High
FALSO	High	Q9NVA2-2	Master Protein	Isoform 2 of Septin-11 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SEPT11	0	42,841	27	8	12	6	1	499	50.8	7.01	35.04	8	High
FALSO	High	P38432	Master Protein	Coilin OS=Homo sapiens OX=9606 GN=COL1 PE=1 SV=1	0	42,779	22	9	10	9	1	576	62.6	9.07	25.4	9	High
FALSO	High	Q13045	Master Protein	Protein flightless-1 homolog OS=Homo sapiens OX=9606 GN=FLI1 PE=1 SV=2	0	42,756	10	9	10	9	1	1269	144.7	6.05	26.19	9	High
FALSO	High	Q81UH3-3	Master Protein	Isoform 3 of RNA-binding protein 45 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RBM45	0	42,717	23	9	9	9	1	474	53.3	7.17	25.75	9	High
FALSO	High	Q578P6	Master Protein	RNA-binding protein 26 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RBM26 PE=1 SV=3	0	42,693	11	11	12	10	1	1007	113.5	9.16	26.52	11	High

FALSO	High	Master Protein	P62873	0	42,684	25	6	9	4	1	340	37.4	6	29.66	6	High
FALSO	High	Master Protein	Q81X81	0	42,688	13	9	11	9	1	793	91	7.18	23.89	9	High
FALSO	High	Master Protein	Q05787	0	42,598	17	8	11	6	1	632	71.1	7.42	26.26	8	High
FALSO	High	Master Protein	Q75940	0	42,328	31	5	6	5	1	238	26.7	7.24	25.19	5	High
FALSO	High	Master Protein	P47756	0	42,207	36	8	15	8	1	277	31.3	5.59	40.3	8	High
FALSO	High	Master Protein	Q8UB89	0	42,186	20	11	13	11	1	837	96.8	5.67	32.55	11	High
FALSO	High	Master Protein	P27816	0	42,176	16	9	12	9	1	1152	120.9	5.43	37.3	9	High
FALSO	High	Master Protein	P78346-2	0	42,108	47	12	13	12	1	322	35.5	9.61	34.17	12	High
FALSO	High	Master Protein	Q9NVM9	0	41,961	24	12	13	12	1	706	80.2	5.7	27.61	12	High
FALSO	High	Master Protein	Q6N2V4	0	41,886	20	8	9	8	1	707	78.5	4.87	28.19	8	High
FALSO	High	Master Protein	P62277	0	41,786	50	11	19	11	1	151	17.2	10.54	30.88	11	High
FALSO	High	Master Protein	Q95235	0	41,774	13	9	11	9	1	890	100.2	5.92	28.55	9	High
FALSO	High	Master Protein	P61619	0	41,603	12	6	11	6	1	476	52.2	8.06	23.01	6	High
FALSO	High	Master Protein	Q9V4C2	0	41,538	13	11	13	11	1	921	102.1	6.54	24.82	11	High
FALSO	High	Master Protein	Q16527	0	41,532	52	8	11	8	1	193	20.9	8.62	30.25	8	High
FALSO	High	Master Protein	Q69942	0	41,521	26	11	11	11	1	597	68.5	8.13	24.58	11	High
FALSO	High	Master Protein	P48444	0	41,502	23	8	10	8	1	511	57.2	6.21	26.17	8	High
FALSO	High	Master Protein	P40939	0	41,451	20	10	10	10	1	763	82.9	9.04	27.7	10	High
FALSO	High	Master Protein	P46013	0	41,391	5	11	12	11	1	3256	358.5	9.45	26.51	11	High
FALSO	High	Master Protein	P52701	0	41,107	16	11	12	11	1	1360	152.7	6.9	31.39	11	High
FALSO	High	Master Protein	Q12885-2	0	40,909	7	6	6	6	1	1977	214	4.7	24.25	6	High
FALSO	High	Master Protein	P62841	0	40,907	43	5	11	5	1	145	17	10.39	23.94	5	High
FALSO	High	Master Protein	Q9V6X9	0	40,863	14	10	10	10	1	1032	117.8	8.38	27.5	10	High
FALSO	High	Master Protein	Q15269	0	40,743	14	9	11	9	1	919	102.4	6.15	29.08	9	High
FALSO	High	Master Protein	P60660	0	40,742	53	6	11	3	1	151	16.9	4.65	30.53	6	High
FALSO	High	Master Protein	Q0BV12	0	40,493	15	9	13	9	1	596	60.9	9.33	37.08	9	High
FALSO	High	Master Protein	Q14974	0	40,301	15	12	13	12	1	876	97.1	4.78	30.7	12	High
FALSO	High	Master Protein	Q8UJPO	0	40,248	8	14	14	14	1	2472	274.3	5.52	26.99	14	High
FALSO	High	Master Protein	Q9P2N5	0	40,195	13	8	9	7	1	1080	118.6	9.19	25.88	8	High

FALSE	High	PS5084	Master Protein	Trifunctional enzyme subunit beta, mitochondrial OS=Homo sapiens OX=9606 GN=HADHB PE=1 SV=3	0	40,023	39	12	14	11	1	474	51,3	9,41	28,12	12	High
FALSE	High	Q9H991	Master Protein	Histone-lysine N-methyltransferase EHMT1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EHMT1 PE=1 SV=4	0	39,948	9	8	10	8	1	1298	141,4	5,76	21,72	8	High
FALSE	High	P78371	Master Protein	T-complex protein 1 subunit beta OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CCT2 PE=1 SV=4	0	39,946	24	10	13	10	1	535	57,5	6,46	31,64	10	High
FALSE	High	Q6P5C2-1	Master Protein	Isoform 1 of RNA demethylase ALKBH5 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ALKBH5	0	39,894	24	8	11	8	1	467	52,2	8,51	31,74	8	High
FALSE	High	PS2907	Master Protein	F-actin-capping protein subunit alpha-1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CAPZA1 PE=1 SV=3	0	39,893	44	8	14	6	1	285	32,9	5,69	40,98	8	High
FALSE	High	Q9NWB1-2	Master Protein	Isoform 2 of RNA binding protein fox-1 homolog 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RBFOX1	0	39,6	19	7	9	7	1	418	44,8	7,37	29,15	7	High
FALSE	High	Q00577	Master Protein	Transcriptional activator protein Pur-alpha OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PUFA PE=1 SV=2	0	39,325	27	7	8	5	1	322	34,9	6,44	21,63	7	High
FALSE	High	Q97246	Master Protein	Fibronectin type-III domain-containing protein 3A OS=Homo sapiens OX=9606 GN=FNDC3A PE=1 SV=4	0	39,325	18	10	10	10	1	1198	131,8	6,71	27,66	10	High
FALSE	High	P62249	Master Protein	46S ribosomal protein S16 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RPS16 PE=1 SV=2	0	39,232	53	10	25	10	1	146	15,4	10,21	38,75	10	High
FALSE	High	Q96HP0	Master Protein	Dedicator of cytokinesis protein 6 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DOCK6 PE=1 SV=3	0	39,121	6	10	11	7	1	2047	229,4	6,74	19,7	10	High
FALSE	High	Q9Y6K1	Master Protein	DNA (cytosine-5)-methyltransferase 3A OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DNMT3A PE=1 SV=4	0	38,985	14	11	12	10	1	912	101,8	6,57	20,39	11	High
FALSE	High	P23528	Master Protein	Cofilin-1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=COF1 PE=1 SV=3	0	38,923	41	7	13	3	1	166	18,5	8,09	29,81	7	High
FALSE	High	Q08123	Master Protein	tRNA (cytosine(34)-Q(5))-methyltransferase OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NSUN2 PE=1 SV=2	0	38,876	19	9	9	9	1	767	86,4	6,77	24,66	9	High
FALSE	High	Q9NDZ4	Master Protein	Deleted in autism protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=C3orf58 PE=1 SV=1	0	38,663	26	9	9	9	1	430	49,5	8,53	26,53	9	High
FALSE	High	P39656	Master Protein	Dolichyl-diphosphooligosaccharide--protein glycosyltransferase 4B OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DDOST PE=1 SV=4	0	38,618	34	11	13	11	1	456	50,8	6,55	27,01	11	High
FALSE	High	Q13315	Master Protein	Serine-protein kinase ATM OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ATM PE=1 SV=4	0	38,606	5	11	12	11	1	3056	350,5	6,81	21,84	11	High
FALSE	High	Q9LUX3	Master Protein	Anaphase-promoting complex subunit 7 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ANAPC7 PE=1 SV=4	0	38,573	19	8	11	8	1	599	66,8	5,64	26	8	High
FALSE	High	Q9NPD3	Master Protein	Exosome complex component RRP41 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EXOSC4 PE=1 SV=3	0	38,559	24	7	12	7	1	245	26,4	6,52	31,31	7	High
FALSE	High	Q9NVH2	Master Protein	Integrator complex subunit 7 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=INTS7 PE=1 SV=1	0	38,46	15	9	10	9	1	962	106,8	8,02	23,57	9	High
FALSE	High	P19387	Master Protein	DNA-directed RNA polymerase II subunit RPB3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=POLR2C PE=1 SV=2	0	38,381	35	5	7	5	1	275	31,4	4,92	26,59	5	High
FALSE	High	P08240	Master Protein	Signal recognition particle receptor subunit alpha OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SRPRA PE=1 SV=2	0	38,355	18	10	11	10	1	638	69,8	8,95	23,95	10	High
FALSE	High	Q9WJAA	Master Protein	General transcription factor 3C polypeptide 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=GTFC2 PE=1 SV=2	0	38,322	15	9	11	9	1	911	100,6	7,31	30,85	9	High
FALSE	High	Q97Z4	Master Protein	Tyrosine--tRNA ligase, mitochondrial OS=Homo sapiens OX=9606 GN=YARS2 PE=1 SV=2	0	38,314	19	6	7	6	1	477	53,2	8,98	23,84	6	High
FALSE	High	Q9N0Z2	Master Protein	Something about silencing protein 10 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=UTP3 PE=1 SV=1	0	38,22	23	9	9	9	1	479	54,5	5,62	23,98	9	High
FALSE	High	Q9HUF8	Master Protein	Ribosomal oxygenase 2 OS=Homo sapiens OX=3606 GN=RIOX2 PE=1 SV=1	0	38,199	25	9	11	9	1	465	52,8	6,7	21,38	9	High
FALSE	High	PS5735-3	Master Protein	Isoform 3 of Protein SEC13 homolog OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SEC13	0	38,168	24	5	6	5	1	368	40,7	5,85	23,06	5	High
FALSE	High	Q9Y295	Master Protein	Developmentally-regulated GTP-binding protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DRG1 PE=1 SV=1	0	37,958	26	9	11	9	1	367	40,5	8,9	31,49	9	High
FALSE	High	PS3350	Master Protein	Serine/threonine-protein kinase PLK1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PLK1 PE=1 SV=1	0	37,891	22	9	9	9	1	603	68,2	8,91	27,9	9	High
FALSE	High	Q05193	Master Protein	Dynamin-1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DNM1 PE=1 SV=2	0	37,863	12	10	15	2	1	864	97,3	7,17	38,84	10	High
FALSE	High	Q9ULW3	Master Protein	Activator of basal transcription 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ABT1 PE=1 SV=1	0	37,803	41	8	15	8	1	272	31,1	9,88	39,99	8	High

FALSE	High	Master Protein	O75165	DnaI homolog subfamily C member 13 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DNAJC13 PE=1 SV=5	0	37,766	7	10	11	10	1	2243	254.3	6.74	25.73	10	High	
FALSE	High	Master Protein	P54132	Bloom syndrome protein OS=Homo sapiens OX=9606 GN=BLM PE=1 SV=1	0	37,653	12	11	11	10	1	1417	158.9	7.49	21.89	11	High	
FALSE	High	Master Protein	Q3N2B2-6	Isoform F of Constitutive coactivator of PPAR-gamma-like protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=FAM120A	0	37,453	10	8	8	8	1	1146	125.2	9	22.53	8	High	
FALSE	High	Master Protein	P13995	Bifunctional methylenetetrahydrofolate dehydrogenase/cyclohydrolase, mitochondrial OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MTHFD2 PE=1 SV=2	0	37,452	38	7	9	9	1	350	37.9	8.73	26.38	7	High	
FALSE	High	Master Protein	Q15021	Condensin complex subunit 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NCAPD2 PE=1 SV=3	0	37,363	9	9	9	9	1	1401	157.1	6.61	27.24	9	High	
FALSE	High	Master Protein	Q06587	E3 ubiquitin-protein ligase RING1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RING1 PE=1 SV=2	0	37,273	17	5	10	3	1	406	42.4	5.62	29.2	5	High	
FALSE	High	Master Protein	P43246	DNA mismatch repair protein Msh2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MSH2 PE=1 SV=1	0	37,209	15	11	11	11	1	934	104.7	5.77	28.21	11	High	
FALSE	High	Master Protein	P46783	40S ribosomal protein S10 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RPS10 PE=1 SV=1	0	37,195	50	10	15	10	1	165	18.9	10.15	31.81	10	High	
FALSE	High	Master Protein	O75475	PCA and SFRS1-interacting protein OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PSIP1 PE=1 SV=1	0	37,142	21	10	11	10	1	550	60.1	9.13	25.7	10	High	
FALSE	High	Master Protein	Q8TF68	Zinc finger protein 384 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ZNF384 PE=1 SV=2	0	37,054	17	7	9	6	1	577	63.2	8.95	19.31	7	High	
FALSE	High	Master Protein	P62995	Transformer-2 protein homolog beta OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TRA2B PE=1 SV=1	0	37,016	38	10	11	10	1	288	33.6	11.25	24.08	10	High	
FALSE	High	Master Protein	Q8UBUB-2	Isoform 2 of Mortality factor 4-like protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MORFAL1	0	36,981	27	7	10	7	1	323	37.2	9.19	22.79	7	High	
FALSE	High	Master Protein	Q7L014	Probable ATP-dependent RNA helicase DDX46 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DDX46 PE=1 SV=2	0	36,866	10	8	9	8	1	1031	117.3	9.26	23.65	8	High	
FALSE	High	Master Protein	Q00325-2	Isoform B of Phosphatase carrier protein, mitochondrial OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SLC25A3	0	36,859	32	9	11	9	1	361	39.9	9.36	26.28	9	High	
FALSE	High	Master Protein	Q3VMN6	Protein FAM208B OS=Homo sapiens OX=9606 GN=FAM208B PE=1 SV=1	0	36,745	6	10	10	10	1	2430	268.7	5.9	24.92	10	High	
FALSE	High	Master Protein	O43432-3	Isoform 3 of Eukaryotic translation initiation factor 4, gamma 3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EIF4G3	0	36,706	5	8	11	1	1	1591	177.2	5.99	27.17	8	High	
FALSE	High	Master Protein	P34897	Serine hydroxymethyltransferase, mitochondrial OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SHMT2 PE=1 SV=3	0	36,387	28	11	13	11	1	504	56	8.53	29.74	11	High	
FALSE	High	Master Protein	Q15572	TATA box-binding protein-associated factor RNA polymerase I subunit C OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TAFC1 PE=1 SV=2	0	36.2	13	7	9	9	7	1	869	95.2	8.59	25.44	7	High
FALSE	High	Master Protein	Q9Y2P8	RNA 3'-terminal phosphate cyclase-like protein OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RCL1 PE=1 SV=3	0	36,126	39	11	14	11	1	373	40.8	9.26	28.26	11	High	
FALSE	High	Master Protein	Q9NV11	Fanconi anemia group J protein OS=Homo sapiens OX=9606 GN=FANCI PE=1 SV=4	0	35,086	9	10	11	9	1	1328	149.2	6.74	20.81	10	High	
FALSE	High	Master Protein	O60885	Bromodomain-containing protein 4 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=BRD4 PE=1 SV=2	0	35,024	8	9	12	8	1	1362	152.1	9.19	28.07	9	High	
FALSE	High	Master Protein	Q01085-2	Isoform 2 of Nucleolysin TIAR OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TIAL1	0	35,972	24	7	10	2	1	392	43.4	7.99	36.27	7	High	
FALSE	High	Master Protein	Q93074-2	Isoform 2 of Mediator of RNA polymerase II transcription subunit 12 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MMED12	0	35,913	6	9	9	9	1	2180	243.2	7.09	23.47	9	High	
FALSE	High	Master Protein	Q9NF66	High mobility group protein 20A OS=Homo sapiens OX=9606 GN=HMGB20A PE=1 SV=1	0	35,873	24	6	10	6	1	347	40.1	6.49	30.9	6	High	
FALSE	High	Master Protein	O14965	Aurora Kinase A OS=Homo sapiens OX=9606 GN=AURKA PE=1 SV=2	0	35,811	25	7	10	7	1	403	45.8	9.39	31.37	7	High	
FALSE	High	Master Protein	Q9Y559	RNA-binding protein 8A OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RBM48A PE=1 SV=1	0	35,621	51	4	5	4	1	174	19.9	5.72	23.3	4	High	
FALSE	High	Master Protein	Q96EE3-1	Isoform B of Nucleoporin SEH1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SEH1	0	35,583	26	9	11	9	1	421	46.5	7.9	25.87	9	High	
FALSE	High	Master Protein	Q07955	Serine/arginine-rich splicing factor 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SRSF1 PE=1 SV=2	0	35,325	41	8	12	7	1	248	27.7	10.36	27.77	8	High	
FALSE	High	Master Protein	P49548-3	Isoform 3 of Transcription initiation factor TFIIID subunit 6 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TAFF6	0	35,217	19	10	11	10	1	714	76.9	8.92	25.32	10	High	

FALSO	High	QBNV88	Master Protein	Integrator complex subunit 9 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=INTS9 PE=1 SV=2	0	35,122	18	9	9	1	658	73.8	6.33	22.42	9 High
FALSO	High	QBUQRO	Master Protein	Sex comb on midleg-like protein 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SCML2 PE=1 SV=1	0	34,861	19	8	10	1	700	77.2	8.54	27.01	8 High
FALSO	High	QBIXKO-5	Master Protein	Isoform 5 of Polyhomeotic-like protein 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PHC2	0	34,859	9	4	6	1	859	90.8	8.69	24.05	4 High
FALSO	High	PG1964	Master Protein	WD repeat-containing protein 5 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=WDHS PE=1 SV=1	0	34,789	29	6	9	1	334	36.6	8.27	25.36	6 High
FALSO	High	QB6UE4	Master Protein	Protein LYRIC OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MTDH PE=1 SV=2	0	34,785	17	7	11	1	582	63.8	9.32	28.86	7 High
FALSO	High	P11717	Master Protein	Carbon-inducible mannose-6-phosphate receptor OS=Homo sapiens OX=9606 GN=IGF2R PE=1 SV=3	0	34,731	5	9	9	1	2491	274.2	5.94	24.01	9 High
FALSO	High	Q1797	Master Protein	Asparaginyl beta-hydroxylase OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ASPH PE=1 SV=3	0	34,551	17	10	13	1	758	85.8	5.01	32.71	10 High
FALSO	High	QB93P2	Master Protein	Negative elongation factor A OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NELFA PE=1 SV=3	0	34,448	20	8	11	1	528	57.2	9.03	28.31	8 High
FALSO	High	Q60716	Master Protein	Catenin delta-1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CTNND1 PE=1 SV=1	0	34,293	9	7	10	1	968	108.1	6.23	25.63	7 High
FALSO	High	Q13555-11	Master Protein	Isoform 11 of Calcium/calmodulin-dependent protein kinase type II subunit gamma OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CAMK2G	0	34,208	29	9	12	1	539	60.2	7.3	27.8	9 High
FALSO	High	P14868	Master Protein	Aspartate--rRNA ligase, cytoplasmic OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DARS PE=1 SV=2	0	34,177	26	10	10	1	501	57.1	6.55	21.06	10 High
FALSO	High	PA0227	Master Protein	T-complex protein 1 subunit zeta OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CTTBA PE=1 SV=3	0	34,041	24	9	11	1	551	58	6.68	29.81	9 High
FALSO	High	P39060	Master Protein	Collagen alpha-1(XVII) chain OS=Homo sapiens OX=9606 GN=COL18A1 PE=1 SV=5	0	33,918	8	7	7	1	1754	178.1	6.01	26.46	7 High
FALSO	High	QB9QW6	Master Protein	Anillin OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ANLN PE=1 SV=2	0	33,911	12	12	14	1	1124	124.1	8.07	29.5	12 High
FALSO	High	QB9RL2	Master Protein	Bromodomain adjacent to zinc finger domain protein 1A OS=Homo sapiens OX=9606 GN=BAZ1A PE=1 SV=2	0	33,9	6	7	7	1	1556	178.6	6.6	17.99	7 High
FALSO	High	QB9Y19	Master Protein	Tropomodulin-3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TMOD3 PE=1 SV=1	0	33,801	32	7	10	1	352	39.6	5.19	30.56	7 High
FALSO	High	P05783	Master Protein	Keratin, type I cytoskeletal 18 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=KRT18 PE=1 SV=2	0	33,787	27	8	8	1	430	48	5.45	25.08	8 High
FALSO	High	QB9A96	Master Protein	E3 ubiquitin-protein ligase RING2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RNFG2 PE=1 SV=1	0	33,677	17	4	7	1	336	37.6	6.84	23.71	4 High
FALSO	High	P21291	Master Protein	Cysteine and glycine-rich protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CRP1 PE=1 SV=3	0	33,673	39	5	10	1	193	20.6	8.57	27.7	5 High
FALSO	High	Q95478	Master Protein	Ribosome biogenesis protein NSA2 homolog OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NSA2 PE=1 SV=1	0	33,57	36	9	14	1	260	30	10.27	28.21	9 High
FALSO	High	QB9C36	Master Protein	Pyruvate-5-carboxylate reductase 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PYCR2 PE=1 SV=1	0	33,387	37	7	10	1	320	33.6	7.77	22.76	7 High
FALSO	High	QBWX19	Master Protein	Transcriptional repressor p66-beta OS=Homo sapiens OX=9606 GN=GATAD2B PE=1 SV=1	0	33,381	21	8	14	1	593	65.2	9.7	41.22	8 High
FALSO	High	P88179	Master Protein	RNA-binding protein 3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RBM13 PE=1 SV=1	0	33,366	50	6	9	1	157	17.2	8.91	28.71	6 High
FALSO	High	Q15020	Master Protein	Spectrin beta chain, non-erythrocytic 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SPTBN2 PE=1 SV=3	0	33,329	4	10	11	1	2390	271.2	6.11	15.76	10 High
FALSO	High	Q00268	Master Protein	Transcription initiation factor TFIID subunit 4 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TFII4 PE=1 SV=2	0	33,17	11	7	7	1	1085	110	9.94	23.3	7 High
FALSO	High	QB9AK2	Master Protein	Transcription factor COE2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=COE2 PE=1 SV=4	0	33,156	13	6	9	1	575	62.6	9.06	20.85	6 High
FALSO	High	Q98EP5	Master Protein	DAZ-associated protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DAZAP1 PE=1 SV=1	0	33,078	21	6	9	1	407	43.4	8.56	26.57	6 High
FALSO	High	PG2847-4	Master Protein	Isoform 4 of 40S ribosomal protein S24 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RPS24	0	33,018	17	5	12	1	289	32.4	10.15	22.02	5 High
FALSO	High	P51532	Master Protein	Transcription activator BRG1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SMARCA4 PE=1 SV=2	0	33,014	5	6	7	1	1647	184.5	7.88	18.91	6 High
FALSO	High	O75494	Master Protein	Serine/arginine-rich splicing factor 10 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SRSF10 PE=1 SV=1	0	32,997	24	5	8	1	262	31.3	11.27	25.43	5 High

FALSE	High	Master Protein	P49755	Transmembrane emp24 domain-containing protein 10 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TMED10 PE=1 SV=2	0	32,973	40	6	7	6	1	219	25	7,44	25,32	6 High
FALSE	High	Master Protein	Q6P118	ATPase family AAA domain-containing protein 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ATAD2 PE=1 SV=1	0	32,938	9	11	12	10	1	1390	158,5	6,32	22,29	11 High
FALSE	High	Master Protein	Q13112	Chromatin assembly factor 1 subunit B OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CHAF1B PE=1 SV=1	0	32,904	25	8	8	8	1	559	61,5	7,5	23,59	8 High
FALSE	High	Master Protein	Q5535	Heterochromatin protein 1-binding protein 3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=HP1BP3 PE=1 SV=1	0	32,844	16	8	9	8	1	553	61,2	9,67	22,15	8 High
FALSE	High	Master Protein	Q92917	G-patch domain and KOW motifs-containing protein OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SPKOW PE=1 SV=2	0	32,804	30	7	8	7	1	476	52,2	6,15	29,53	7 High
FALSE	High	Master Protein	Q15427	Splicing factor 3B subunit 4 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SF3B4 PE=1 SV=1	0	32,748	20	6	9	6	1	424	44,4	8,56	33,24	6 High
FALSE	High	Master Protein	Q8Z18	Proline, glutamic acid- and leucine-rich protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PELP1 PE=1 SV=2	0	32,729	7	5	6	5	1	1130	119,6	4,34	14,27	5 High
FALSE	High	Master Protein	P26572	Alpha-1,3-mannosylglycoprotein 2-beta-N-acetylglucosaminyltransferase OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MGA11 PE=1 SV=2	0	32,653	21	4	5	4	1	445	50,8	9,16	18,15	4 High
FALSE	High	Master Protein	Q6P4A8	Phospholipase B-like 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PLBD1 PE=1 SV=2	0	32,263	20	8	8	8	1	553	63,2	9,06	22,34	8 High
FALSE	High	Master Protein	Q9Y324	rRNA-processing protein FCF1 homolog OS=Homo sapiens OX=9606 GN=FCF1 PE=2 SV=1	0	32,235	39	7	11	7	1	198	23,4	9,7	27,87	7 High
FALSE	High	Master Protein	P02462	Collagen alpha-1(V) chain OS=Homo sapiens OX=9606 GN=COL4A1 PE=1 SV=3	0	32,157	7	5	5	5	1	1669	160,5	8,28	20,05	5 High
FALSE	High	Master Protein	Q9H582	Zinc finger protein 644 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ZNF644 PE=1 SV=2	0	32,117	8	7	8	7	1	1377	149,5	8,16	19,04	7 High
FALSE	High	Master Protein	Q9G2R2	RNA exonuclease 4 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RDXO4 PE=1 SV=2	0	32,105	29	8	9	8	1	472	46,6	9,77	27,86	8 High
FALSE	High	Master Protein	Q14202	Zinc finger MYM-type protein 3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ZMTM3 PE=1 SV=2	0	31,919	9	10	10	9	1	1370	152,3	5,35	22,63	10 High
FALSE	High	Master Protein	Q9Y6V7	Probable ATP-dependent RNA helicase DD49 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DD49 PE=1 SV=1	0	31,869	13	6	6	6	1	483	54,2	9,06	15,41	6 High
FALSE	High	Master Protein	P46938-2	Isoform 2 of Utrrophin OS=Homo sapiens OX=9606 GN=UTRN	0	31,84	2	6	7	6	1	3438	394,7	5,38	18,16	6 High
FALSE	High	Master Protein	Q7K285	General transcription factor 3C polypeptide 4 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SUPT3H PE=1 SV=2	0	31,826	6	8	9	8	1	1726	198,9	4,91	22,61	8 High
FALSE	High	Master Protein	Q9JUN8	Round spermatid basic protein 1-like protein OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RSBN1L PE=1 SV=2	0	31,785	14	10	10	10	1	822	91,9	6,65	19,13	10 High
FALSE	High	Master Protein	Q6PC85	Nucleoporin Nup57 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NUP57 PE=1 SV=1	0	31,759	8	5	8	5	1	846	94,8	8,78	18,85	5 High
FALSE	High	Master Protein	Q8NFH4	Transcription initiation factor TFIIID subunit 5 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TFAP5 PE=1 SV=3	0	31,682	26	6	8	6	1	326	96,7	5,92	22,83	6 High
FALSE	High	Master Protein	Q15542	Fibronectin type III domain-containing protein 3B OS=Homo sapiens OX=9606 GN=FNDC3B PE=1 SV=2	0	31,529	13	9	9	9	1	800	96,8	5,64	23,65	9 High
FALSE	High	Master Protein	Q53EP0	Zinc finger protein ubi-4d OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ZFP72 PE=1 SV=2	0	31,495	7	5	7	5	1	1204	132,8	5,95	23,14	5 High
FALSE	High	Master Protein	Q92785	Serrate RNA effector molecule homolog OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SRRT PE=1 SV=1	0	31,351	24	5	5	5	1	391	44,1	6,33	18,64	5 High
FALSE	High	Master Protein	Q99XP5	60S ribosomal export protein NMD3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NMD3 PE=1 SV=1	0	31,332	14	8	9	8	1	876	100,6	5,96	21,19	8 High
FALSE	High	Master Protein	Q96D46	Casein kinase I isoform delta OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CK1D PE=1 SV=2	0	31,314	20	7	8	7	1	503	57,6	7,14	20,05	7 High
FALSE	High	Master Protein	P48730	Valine-tRNA ligase OS=Homo sapiens OX=9606 GN=VARS PE=1 SV=4	0	31,215	24	7	8	7	1	415	47,3	9,74	23,35	7 High
FALSE	High	Master Protein	P26540	Flotillin-2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=FLT2 PE=1 SV=2	0	31,104	12	9	9	9	1	1264	140,4	7,59	22,16	9 High
FALSE	High	Master Protein	Q14254	40S ribosomal protein S21 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RP521 PE=1 SV=1	0	30,976	18	8	8	8	1	428	47	5,25	20,97	8 High
FALSE	High	Master Protein	P63220	Protein tyrosine phosphatase SH-PTPase OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PTP PE=1 SV=1	0	30,957	46	4	7	4	1	83	9,1	8,5	21,9	4 High

FALSO	High	Master Protein	Q14011-2	Isoform 2 of Cold-inducible RNA-binding protein OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CIRBP	0	30,893	23	4	7	4	1	263	28.3	8.6	23.01	4	High
FALSO	High	Master Protein	Q9UH99-2	Isoform 2 of SUN domain-containing protein 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SUN2	0	30,784	17	7	7	7	1	738	82.5	6.47	25.85	7	High
FALSO	High	Master Protein	P18615-3	Isoform 2 of Negative elongation factor E OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NELEF	0	30,775	24	5	5	5	1	367	43.9	9.39	16.46	5	High
FALSO	High	Master Protein	P12268	Inosine-5'-monophosphate dehydrogenase 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=IMPDH2 PE=1 SV=2	0	30,773	26	8	10	8	1	514	55.8	6.9	28.89	8	High
FALSO	High	Master Protein	P05787-2	Isoform 2 of keratin, type II cytoskeletal 8 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=KRT8	0	30,648	11	6	11	1	1	511	56.6	5.43	15.33	6	High
FALSO	High	Master Protein	Q43491	Band 4.1-like protein 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EPB41L2 PE=1 SV=1	0	30,605	10	10	10	7	1	1005	112.5	5.44	16.61	10	High
FALSO	High	Master Protein	Q12873-3	Isoform 3 of Chromodomain-helicase-DNA-binding protein 3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CHD3	0	30,6	4	6	8	2	1	2059	232.9	6.23	18.7	6	High
FALSO	High	Master Protein	Q710Y3	RNA methyltransferase 10 homolog C OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TRMT10C PE=1 SV=2	0	30,523	28	8	9	8	1	403	47.3	9.36	17.05	8	High
FALSO	High	Master Protein	P09496-2	Isoform Non-brain of Clathrin light chain A OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CLTA	0	30,478	26	6	9	6	1	218	23.6	4.53	22.94	6	High
FALSO	High	Master Protein	Q8N684-3	Isoform 3 of Cleavage and polyadenylation specificity factor subunit 7 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CPSF7	0	30,467	18	7	12	7	1	514	56.3	8.87	32.27	7	High
FALSO	High	Master Protein	Q9NVH9	U3 small nuclear RNA-associated protein 6 homolog OS=Homo sapiens OX=9606 GN=LTP6 PE=2 SV=2	0	30,461	13	6	6	6	1	587	70.1	7.28	19.16	6	High
FALSO	High	Master Protein	Q9NQ14	Exosome complex component RRP46 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EXOSC5 PE=1 SV=1	0	30,402	26	3	6	3	1	235	25.2	7.59	20.04	3	High
FALSO	High	Master Protein	P62487	DNA-directed RNA polymerase II subunit RP87 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=POLR2G PE=1 SV=1	0	30,285	60	7	8	7	1	172	19.3	5.54	20.8	7	High
FALSO	High	Master Protein	Q92576	PHD finger protein 3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PHF3 PE=1 SV=3	0	30,104	6	8	8	8	1	2099	229.3	6.96	17.5	8	High
FALSO	High	Master Protein	Q98TV4	Transmembrane protein 43 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TMEM43 PE=1 SV=1	0	30,065	31	8	10	8	1	400	44.8	8.13	16.65	8	High
FALSO	High	Master Protein	P35579	Myosin-9 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MYH9 PE=1 SV=4	0	29,914	6	10	10	6	1	1950	226.4	5.6	20.73	10	High
FALSO	High	Master Protein	Q96RM5	Mediator of RNA polymerase II transcription subunit 15 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MED15 PE=1 SV=2	0	29,872	10	5	8	5	1	788	86.7	9.42	22.31	5	High
FALSO	High	Master Protein	Q9G253	WD repeat-containing protein 61 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=WDRC61 PE=1 SV=1	0	29,757	28	5	10	5	1	305	33.6	5.47	18.43	5	High
FALSO	High	Master Protein	Q15910-2	Isoform 2 of Histone-lysine N-methyltransferase EZH2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EZH2	0	29,75	18	9	10	9	1	751	86	7.21	23.82	9	High
FALSO	High	Master Protein	P35506	Coatomer subunit beta OS=Homo sapiens OX=9606 GN=COPB2 PE=1 SV=2	0	29,716	10	5	6	5	1	906	102.4	5.27	19.89	5	High
FALSO	High	Master Protein	Q95104	Splicing factor, arginine/serine-rich 15 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SFAF4 PE=1 SV=3	0	29,675	8	5	6	5	1	1147	125.8	9.55	15.59	5	High
FALSO	High	Master Protein	Q9ND82	Zinc finger protein 280C OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ZNF280C PE=1 SV=1	0	29,606	12	7	8	7	1	737	83	9.11	17.4	7	High
FALSO	High	Master Protein	Q6ZNR6	NFX1-type zinc finger protein NFXL1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NFXL1 PE=1 SV=2	0	29,529	20	10	10	10	1	911	101.3	8.41	25.12	10	High
FALSO	High	Master Protein	Q9V382	Exosome complex component CSL4 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EXOSC1 PE=1 SV=1	0	29,488	33	5	9	5	1	195	21.4	8.24	21.07	5	High
FALSO	High	Master Protein	Q9PKG0	La-related protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=LARP1 PE=1 SV=2	0	29,474	10	6	6	6	1	1096	123.4	8.82	18.17	6	High
FALSO	High	Master Protein	Q9NV80	Telomeric repeat-binding factor 2-interacting protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TERF2IP PE=1 SV=1	0	29,442	24	6	6	6	1	399	44.2	4.73	17.63	6	High
FALSO	High	Master Protein	P15311	Ezrin OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EZR PE=1 SV=4	0	29,44	15	8	11	4	1	586	69.4	6.27	18.51	8	High
FALSO	High	Master Protein	P19525	Interferon-induced, double-stranded RNA-activated protein kinase OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EIF2AK2 PE=1 SV=2	0	29,351	11	6	8	6	1	551	62.1	8.4	17.18	6	High
FALSO	High	Master Protein	Q96G04-5	Isoform 5 of Aurora kinase B OS=Homo sapiens OX=9606 GN=AURKB	0	29,177	30	7	9	7	1	345	39.4	9.36	20.4	7	High
FALSO	High	Master Protein	Q14554	Protein disulfide-isomerase A5 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PDIA5 PE=1 SV=1	0	29,165	21	7	9	7	1	519	59.6	7.91	20.36	7	High

FALSO	High	Master Protein	P06493	Cyclin-dependent kinase 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CDK1 PE=1 SV=3	0	29,138	35	8	12	7	1	297	34,1	8,4	23,61	8	High
FALSO	High	Master Protein	Q9JLR0-1	Isoform 2 of Pre-mRNA-splicing factor IST1 homolog OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ISV1	0	29,097	19	4	6	4	1	331	37,5	5,78	20,85	4	High
FALSO	High	Master Protein	Q6NUQ4	Transmembrane protein 214 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TMEM214 PE=1 SV=2	0	29,033	14	8	10	8	1	689	77,1	9,14	22,21	8	High
FALSO	High	Master Protein	Q9JL10-2	Isoform 2 of Translation initiation factor eIF-2B subunit delta OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EIF2B4	0	28,892	19	6	6	6	1	543	59,6	9,42	20,73	6	High
FALSO	High	Master Protein	P62714	Serine/threonine-protein phosphatase 2A catalytic subunit beta isoform OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PPP2CB PE=1 SV=1	0	28,879	24	4	5	4	1	309	35,6	5,43	19,06	4	High
FALSO	High	Master Protein	Q8NCS6	LEM domain-containing protein 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=LEMD2 PE=1 SV=1	0	28,846	28	8	9	8	1	503	56,9	9	23,31	8	High
FALSO	High	Master Protein	Q14146	Unhealthy ribosome biogenesis protein 2 homolog OS=Homo sapiens OX=9606 GN=URB2 PE=2 SV=2	0	28,854	6	7	7	7	1	1524	170,4	7,31	17,43	7	High
FALSO	High	Master Protein	Q14694-2	Isoform 2 of Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 10 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=USP10	0	28,604	12	5	6	5	1	846	92,5	5,69	21,76	5	High
FALSO	High	Master Protein	P62266	40S ribosomal protein S23 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RP523 PE=1 SV=3	0	28,599	36	5	9	5	1	143	15,8	10,49	24,45	5	High
FALSO	High	Master Protein	Q96QE3	ATPase family AAA domain-containing protein 5 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ATADS PE=1 SV=4	0	28,493	6	9	9	9	1	1844	207,4	9,19	14,48	9	High
FALSO	High	Master Protein	Q9BSC4	Nucleolar protein 10 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NOL10 PE=1 SV=1	0	28,463	11	7	9	7	1	688	80,3	8,46	16,54	7	High
FALSO	High	Master Protein	Q9BS70	Integrator complex subunit 14 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=INTS14 PE=1 SV=2	0	28,342	26	6	8	6	1	518	57,4	5,12	26,71	6	High
FALSO	High	Master Protein	P35613	Basigin OS=Homo sapiens OX=9606 GN=BSG PE=1 SV=2	0	28,234	18	5	8	5	1	385	42,2	5,66	24,77	5	High
FALSO	High	Master Protein	Q43447	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase H OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PPH1 PE=1 SV=1	0	28,219	41	4	6	4	1	177	19,2	8,07	15,08	4	High
FALSO	High	Master Protein	Q12904-2	Isoform 2 of Aminoacyl tRNA synthase complex-interacting multifunctional protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=AIMP1	0	28,218	27	5	5	5	1	336	37	8,65	18,55	5	High
FALSO	High	Master Protein	Q9JNQ2	Probable dimethyladenosine transferase OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DIMT1 PE=1 SV=1	0	28,163	19	4	5	4	1	313	35,2	9,99	17,49	4	High
FALSO	High	Master Protein	P35637	RNA-binding protein FUS OS=Homo sapiens OX=9606 GN=FUS PE=1 SV=1	0	28,128	16	4	6	4	1	526	53,4	9,36	23,3	4	High
FALSO	High	Master Protein	Q9Y262	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EIF3 PE=1 SV=1	0	28,119	16	7	8	7	1	564	66,7	6,34	14,65	7	High
FALSO	High	Master Protein	Q0BAF3	Schlafen family member 5 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SLFN5 PE=1 SV=1	0	28,048	9	5	8	5	1	891	101	8,22	20,72	5	High
FALSO	High	Master Protein	Q113415	Origin recognition complex subunit 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ORC1 PE=1 SV=2	0	28,04	14	8	8	8	1	861	97,3	9,22	25,38	8	High
FALSO	High	Master Protein	Q115020	Squamous cell carcinoma antigen recognized by T-cells 3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SCART3 PE=1 SV=1	0	28,022	10	7	9	6	1	963	109,9	5,57	18,99	7	High
FALSO	High	Master Protein	Q75528	Transcriptional adapter 3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TADA3 PE=1 SV=1	0	27,997	20	5	5	5	1	432	48,9	6,27	18,26	5	High
FALSO	High	Master Protein	Q43670-4	Isoform 4 of BUB3-interacting and GLEBS motif-containing protein ZNF207 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ZNF207	0	27,551	15	7	9	7	1	494	52,7	9,1	23,55	7	High
FALSO	High	Master Protein	Q96KP1	Exocyst complex component 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EXOC2 PE=1 SV=1	0	27,439	9	7	7	7	1	924	104	6,9	18,56	7	High
FALSO	High	Master Protein	Q9Z629-2	Isoform 2 of Delta-sarcoglycan OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SGCC	0	27,385	30	7	8	7	1	290	32,2	9,11	22,85	7	High
FALSO	High	Master Protein	Q8WU90	Zinc finger CCHC domain-containing protein 15 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ZC3H15 PE=1 SV=1	0	27,382	17	7	9	7	1	426	48,6	5,31	15,89	7	High
FALSO	High	Master Protein	Q75477	Erlin-1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ERLIN1 PE=1 SV=1	0	27,363	23	5	7	3	1	346	38,9	7,87	19,7	5	High
FALSO	High	Master Protein	Q0VDF9	Heat shock 70 kDa protein 14 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=HSPA14 PE=1 SV=1	0	27,29	17	5	5	5	1	509	54,8	5,59	17,09	5	High
FALSO	High	Master Protein	Q13011	Delta(3,5)-Delta(2,4)-dienoyl-CoA isomerase, mitochondrial OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ECHI1 PE=1 SV=2	0	27,102	14	4	4	4	1	328	35,8	8	15,95	4	High

FALSO	High	Master Protein	Q8NFW8	N-acetylneuraminyl transferase OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CMAS PE=1 SV=2	0	26,949	21	6	6	8	6	1	434	48.3	7.93	16.22	6	High
FALSO	High	Master Protein	Q9HCE1	Putative helicase MOV-10 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MOV10 PE=1 SV=2	0	26,944	9	6	6	5	6	1	1003	113.6	8.82	17.4	6	High
FALSO	High	Master Protein	Q81V18	Structural maintenance of chromosomes protein 5 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SMCS PE=1 SV=2	0	26,907	8	6	6	8	6	1	1101	128.7	8.38	20.3	6	High
FALSO	High	Master Protein	Q86W80	Nuclear-interacting partner of ALK OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ZCHC1 PE=1 SV=1	0	26,889	18	7	7	8	7	1	502	55.2	5.62	12.64	7	High
FALSO	High	Master Protein	Q02241	Kinesin-like protein KIF23 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=KIF23 PE=1 SV=3	0	26,866	7	5	6	5	6	1	960	110	8.51	15.66	5	High
FALSO	High	Master Protein	Q81YS2-2	Isomorph 2 of Uncharacterized protein KIAA2013 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=KIAA2013	0	26,831	10	5	8	5	5	1	667	72.6	8.84	21.06	5	High
FALSO	High	Master Protein	P40938	Replication factor C subunit 3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RFC3 PE=1 SV=2	0	26,822	22	7	7	9	7	1	356	40.5	8.34	14.22	7	High
FALSO	High	Master Protein	Q7Z739	YTH domain-containing family protein 3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=YTHDF3 PE=1 SV=1	0	26,501	19	7	8	5	5	1	585	63.8	9.04	17.02	7	High
FALSO	High	Master Protein	Q55NT2	Transmembrane protein 201 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TMEM201 PE=1 SV=1	0	26,377	12	6	7	6	6	1	666	72.2	9.22	16.85	6	High
FALSO	High	Master Protein	Q9Y2U8	Inner nuclear membrane protein Niern1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=LEM23 PE=1 SV=2	0	26,336	10	6	6	6	6	1	911	99.9	7.55	18.07	6	High
FALSO	High	Master Protein	Q9Y4W6	AFG3-like protein 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=AFG3L2 PE=1 SV=2	0	26,317	11	8	9	7	7	1	797	88.5	8.66	20.6	8	High
FALSO	High	Master Protein	Q51WF2	Guanine nucleotide-binding protein G(s) subunit alpha isoforms Xlas OS=Homo sapiens OX=9606 GN=GNAS PE=1 SV=2	0	26,268	9	7	7	6	6	1	1037	111	5.03	19.7	7	High
FALSO	High	Master Protein	P08579	UZ small nuclear ribonucleoprotein B' OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SNRPB2 PE=1 SV=1	0	26,146	33	6	8	4	4	1	225	25.5	9.72	19.37	6	High
FALSO	High	Master Protein	Q9Y2T2	AP-3 complex subunit mu-1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=AP3M1 PE=1 SV=1	0	26,141	21	6	8	6	6	1	418	46.9	6.93	21.07	6	High
FALSO	High	Master Protein	Q9NVC6	Mediator of RNA polymerase II transcription subunit 17 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MED17 PE=1 SV=2	0	26,138	14	7	8	7	7	1	651	72.8	7.44	14.66	7	High
FALSO	High	Master Protein	Q9Y4C8	Probable RNA-binding protein 19 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RBM19 PE=1 SV=3	0	26,133	9	7	7	7	7	1	960	107.3	6.54	15.03	7	High
FALSO	High	Master Protein	Q8NDT2	Putative RNA-binding protein 158 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RBM15B PE=1 SV=3	0	26,127	14	8	9	7	7	1	890	97.1	9.85	15.22	8	High
FALSO	High	Master Protein	Q94842	TOX high mobility group box family member 4 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TOX4 PE=1 SV=1	0	26,08	17	6	6	6	6	1	621	66.2	5.06	18.23	6	High
FALSO	High	Master Protein	Q13416	Origin recognition complex subunit 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ORC2 PE=1 SV=2	0	25,998	13	6	6	8	6	1	577	65.9	6.51	20.17	6	High
FALSO	High	Master Protein	P55769	NHP2-like protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SNU13 PE=1 SV=3	0	25,997	52	7	9	7	7	1	128	14.2	8.46	24.64	7	High
FALSO	High	Master Protein	Q7Z275	TRMT1-like protein OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TRMT1L PE=1 SV=2	0	25,969	11	5	5	5	5	1	733	81.7	7.88	14.74	5	High
FALSO	High	Master Protein	P21281	V-type proton ATPase subunit B, brain isoform OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ATP6B2 PE=1 SV=3	0	25,905	17	6	6	6	6	1	511	55.5	5.81	15.21	6	High
FALSO	High	Master Protein	Q6P2E9	Enhancer of miRNA-decapping protein 4 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EDC4 PE=1 SV=1	0	25,901	7	6	7	6	6	1	1401	151.6	5.86	18.03	6	High
FALSO	High	Master Protein	P48651	Phosphatidylserine synthase 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=FTD5S1 PE=1 SV=1	0	25,884	15	6	6	6	6	1	473	55.5	8.43	16.36	6	High
FALSO	High	Master Protein	Q9HBE1	POZ-, AT hook-, and zinc finger-containing protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PAZ1 PE=1 SV=1	0	25,877	11	5	5	5	5	1	687	74	8.35	16.21	5	High
FALSO	High	Master Protein	Q5EB52	Mesoderm-specific transcript homolog protein OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MEST PE=2 SV=2	0	25,826	15	3	4	3	4	1	335	38.8	9.74	16.45	3	High
FALSO	High	Master Protein	Q98TD8	RNA-binding protein 42 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RBM42 PE=1 SV=1	0	25,773	12	6	6	9	6	1	480	50.4	9.63	20.14	6	High
FALSO	High	Master Protein	Q98G21	U3 small nuclear ribonucleoprotein protein IMP4 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=IMP4 PE=1 SV=1	0	25,756	25	5	5	6	5	1	291	33.7	9.47	19.59	5	High
FALSO	High	Master Protein	Q7RTV0	PHD finger-like domain-containing protein 5A OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PHF5A PE=1 SV=1	0	25,754	42	5	5	5	5	1	110	12.4	8.41	11.49	5	High

FALSO	High	P21589	Master Protein	5'-nucleotidase OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NTSE PE=1 SV=1	0	25,741	14	6	6	6	1	574	63.3	7.03	16.7	6	High
FALSO	High	Q86K12-2	Master Protein	Isoform 2 of Condensin-2 complex subunit G2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NCAFG2	0	25,612	8	6	6	6	1	1156	132.1	6.77	17.03	6	High
FALSO	High	Q96A08	Master Protein	Histone H2B type 1-A OS=Homo sapiens OX=9606 GN=HIST1H2BA PE=1 SV=3	0	25,584	38	5	11	3	1	127	14.2	10.32	20.81	5	High
FALSO	High	Q81UE5	Master Protein	Histone H2A type 2-B OS=Homo sapiens OX=9606 GN=HIST2H2AB PE=1 SV=3	0	25,529	35	4	9	1	1	130	14	10.89	24.94	4	High
FALSO	High	Q9UHA3	Master Protein	Probable ribosome biogenesis protein RLP24 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RL24D1 PE=1 SV=1	0	25,387	21	3	4	3	1	163	19.6	9.98	13.45	3	High
FALSO	High	Q9NPA0	Master Protein	ER membrane protein complex subunit 7 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EMC7 PE=1 SV=1	0	25,213	32	4	6	4	1	242	26.5	9.25	20.94	4	High
FALSO	High	Q8NBUS	Master Protein	ATPase family AAA domain-containing protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ATAD1 PE=1 SV=1	0	25,014	17	3	5	3	1	361	40.7	6.9	15.47	3	High
FALSO	High	Q9ULX6	Master Protein	A-kinase anchor protein 8-like OS=Homo sapiens OX=9606 GN=AKAP8 PE=1 SV=3	0	24,908	13	7	8	7	1	646	71.6	5.07	17.96	7	High
FALSO	High	Q9UGL1-2	Master Protein	Isoform 2 of lysine-specific demethylase 5B OS=Homo sapiens OX=9606 GN=KDM5B	0	24,903	5	6	6	6	1	1580	179.3	6.76	17.87	6	High
FALSO	High	Q8N1G4	Master Protein	Leucine-rich repeat-containing protein 47 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=LRRCA7 PE=1 SV=1	0	24,901	13	6	6	6	1	583	63.4	8.28	15.87	6	High
FALSO	High	Q9V5M8	Master Protein	Signal recognition particle receptor subunit beta OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SRPB PE=1 SV=3	0	24,879	30	5	5	5	1	271	29.7	9.04	12.5	5	High
FALSO	High	P52756	Master Protein	RNA-binding protein 5 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RBM5 PE=1 SV=2	0	24,869	10	5	5	5	1	815	92.1	6.28	14.15	5	High
FALSO	High	Q9EQD9	Master Protein	UAP56-interacting factor OS=Homo sapiens OX=9606 GN=FYT1D1 PE=1 SV=3	0	24,846	26	7	7	7	1	318	35.8	11.78	15.55	7	High
FALSO	High	P62316	Master Protein	Small nuclear ribonucleoprotein Sm D2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SNRPD2 PE=1 SV=1	0	24,737	65	5	10	5	1	118	13.5	9.91	35.03	5	High
FALSO	High	Q81YB8	Master Protein	ATP-dependent RNA helicase SUPV3L1, mitochondrial OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SUPV3L1 PE=1 SV=1	0	24,731	10	6	6	6	1	786	87.9	7.99	14.68	6	High
FALSO	High	Q9BRU9	Master Protein	RNA-processing protein UTP23 homolog OS=Homo sapiens OX=9606 GN=UTP23 PE=1 SV=2	0	24,691	32	6	6	6	1	249	28.4	10.07	9.81	6	High
FALSO	High	Q81XT5	Master Protein	RNA-binding protein 128 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RBM12B PE=1 SV=2	0	24,648	11	9	9	9	1	1001	118	6.81	13.7	9	High
FALSO	High	Q9BVK5	Master Protein	Transmembrane emp.24 domain-containing protein 9 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TMED9 PE=1 SV=2	0	24,429	34	5	6	4	1	285	27.3	8.02	18.7	5	High
FALSO	High	Q9UK56	Master Protein	Protein kinase C and casein kinase substrate in neurons protein 3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PACSIN3 PE=1 SV=2	0	24,414	16	5	5	5	1	424	48.5	6.18	12.93	5	High
FALSO	High	Q9RTA2	Master Protein	ATP-dependent zinc metalloprotease YME1L1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=YME1L1 PE=1 SV=2	0	24,396	8	4	5	4	1	773	86.4	8.76	17.15	4	High
FALSO	High	Q9P035	Master Protein	Very-long-chain (3R)-3-hydroxyacyl-CoA dehydratase 3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=HACD3 PE=1 SV=2	0	24,356	16	6	7	6	1	362	43.1	8.94	16.45	6	High
FALSO	High	Q9UFC0	Master Protein	Leucine-rich repeat and WD repeat-containing protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=LRWD1 PE=1 SV=2	0	24,332	10	4	5	4	1	647	70.8	7.21	17.48	4	High
FALSO	High	Q9NUL3	Master Protein	Double-stranded RNA-binding protein Staufen homolog 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=STAU2 PE=1 SV=2	0	24,312	14	7	7	6	1	570	62.6	9.61	17.43	7	High
FALSO	High	Q9A766	Master Protein	Galactosylgalactosylglycosylprotein 3 beta-glucuronosyltransferase 3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=B3GAT3 PE=1 SV=2	0	24,291	28	5	5	5	1	385	37.1	8.27	15.56	5	High
FALSO	High	Q912W2	Master Protein	VW domain-binding protein 11 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=WBPL1 PE=1 SV=1	0	24,267	11	4	6	4	1	641	70	8.38	17.62	4	High
FALSO	High	Q9BYK8	Master Protein	Helicase with zinc finger domain 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=HELZ2 PE=1 SV=6	0	24,259	3	6	6	6	1	2649	294.5	7.49	18.22	6	High
FALSO	High	P60866-2	Master Protein	Isoform 2 of 40S ribosomal protein S20 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RP520	0	23,716	20	4	9	4	1	142	16	9.32	16.41	4	High
FALSO	High	O75746	Master Protein	Calcium-binding mitochondrial carrier protein Aralar1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SLC25A12 PE=1 SV=2	0	23,672	11	6	6	3	1	678	74.7	8.38	17.38	6	High
FALSO	High	P35580-4	Master Protein	Isoform 4 of Myosin-10 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MYH10	0	23,647	5	9	10	5	1	2007	232.4	5.55	19.92	9	High

FALSE	High	Master Protein	P09972	Fructose-bisphosphate aldolase C OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ALDOC PE=1 SV=2	0	23,57	17	3	5	1	1	364	6,87	15,42	3	High	
FALSE	High	Master Protein	Q9NKC5	GATOR complex protein M10S OS=Homo sapiens OX=9606 GN=M10S PE=1 SV=2	0	23,456	11	8	8	8	1	875	6,73	15,13	8	High	
FALSE	High	Master Protein	Q43795	Unconventional myosin-1b OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MYO1B PE=1 SV=3	0	23,416	6	5	5	1	1136	131,9	9,38	13,52	5	High	
FALSE	High	Master Protein	Q8WUJ2	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase-like 4 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PP1L4 PE=1 SV=1	0	23,272	17	4	4	1	492	57,2	5,92	16,69	4	High	
FALSE	High	Master Protein	Q9BHA1	Nuclear envelope pore membrane protein POM 121 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=POM121 PE=1 SV=2	0	23,227	11	8	8	3	1	1249	127,6	10,56	19,66	8	High
FALSE	High	Master Protein	O15511-2	Isoform 2 of Actin-related protein 2/3 complex subunit 5 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ARPCS	0	23,204	47	5	6	4	1	154	16,6	6,02	17,92	5	High
FALSE	High	Master Protein	P30260-2	Isoform 2 of Cell division cycle protein 27 homolog OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CDC27	0	23,07	11	5	6	5	1	830	92,6	7,12	15,56	5	High
FALSE	High	Master Protein	O75909-4	Isoform 4 of Cyclin-K OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CCKK	0	22,888	11	3	4	3	1	600	66,1	8,63	17,02	3	High
FALSE	High	Master Protein	Q9BMG7	Non-structural maintenance of chromosomes element 3 homolog OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NSMCE3 PE=1 SV=1	0	22,881	24	7	8	7	1	304	34,3	9,28	12,25	7	High
FALSE	High	Master Protein	Q9UJ17	DNA dC->dU-editing enzyme APOBEC-3B OS=Homo sapiens OX=9606 GN=APOBEC3B PE=1 SV=1	0	22,871	23	5	5	5	1	382	45,9	6,06	15,83	5	High
FALSE	High	Master Protein	Q13472	DNA topoisomerase 3-alpha OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TOP3A PE=1 SV=1	0	22,82	7	5	6	5	1	1001	112,3	8,34	17,72	5	High
FALSE	High	Master Protein	P07947	Tyrosine-protein kinase Yes OS=Homo sapiens OX=9606 GN=YES1 PE=1 SV=3	0	22,807	21	8	8	5	1	543	60,8	6,74	17,44	8	High
FALSE	High	Master Protein	Q9ET60	Bifunctional polynucleotide phosphatase/kinase OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PNKP PE=1 SV=1	0	22,807	18	7	8	7	1	521	57	8,46	22,24	7	High
FALSE	High	Master Protein	Q13619	Cullin-4A OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CUL4A PE=1 SV=3	0	22,677	9	6	6	6	1	759	87,6	8,13	16,23	6	High
FALSE	High	Master Protein	Q9NQG5	Regulation of nuclear pre-mRNA domain-containing protein 1B OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RPB1B PE=1 SV=1	0	22,608	21	5	6	5	1	326	36,9	5,97	18,64	5	High
FALSE	High	Master Protein	Q9NZ17	Upstream-binding protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=UBP1 PE=1 SV=1	0	22,593	16	5	5	5	1	540	60,5	6,35	14,07	5	High
FALSE	High	Master Protein	P14373	Zinc finger protein RFP OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TRIM27 PE=1 SV=1	0	22,58	14	6	6	6	1	513	58,5	6,21	16,21	6	High
FALSE	High	Master Protein	P36954	DNA-directed RNA polymerase II subunit RP88 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=POLR2I PE=1 SV=1	0	22,537	71	6	7	6	1	125	14,5	5,14	13,68	6	High
FALSE	High	Master Protein	Q9NFI1-2	Isoform 2 of Bromodomain-containing protein 7 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=BRD7	0	22,526	11	4	6	4	1	692	74,2	6,39	22,23	4	High
FALSE	High	Master Protein	Q07864	DNA polymerase epsilon catalytic subunit A OS=Homo sapiens OX=9606 GN=POLE PE=1 SV=5	0	22,489	4	6	7	6	1	2286	261,4	6,39	14,94	6	High
FALSE	High	Master Protein	Q6UX04	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase CWC27 homolog OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CWC27 PE=1 SV=1	0	22,413	13	3	4	3	1	472	53,8	5,8	12,18	3	High
FALSE	High	Master Protein	Q9H726	Histone acetyltransferase KAT8 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=KAT8 PE=1 SV=2	0	22,4	19	6	6	5	1	458	52,4	8,27	15,33	6	High
FALSE	High	Master Protein	P15927-3	Isoform 3 of Replication protein A 32 kDa subunit OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RP42	0	22,374	16	5	8	5	1	358	38,8	8,94	18,05	5	High
FALSE	High	Master Protein	Q9BPX3	Condensin complex subunit 3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CAPG PE=1 SV=1	0	22,303	6	5	5	5	1	1015	114,3	5,59	14,12	5	High
FALSE	High	Master Protein	Q95639	Cleavage and polyadenylation specificity factor subunit 4 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CPF4 PE=1 SV=1	0	22,214	39	7	8	7	1	269	30,2	8,31	18,13	7	High
FALSE	High	Master Protein	P19388	DNA-directed RNA polymerases I, II, and III subunit RPABC1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=POLR2E PE=1 SV=4	0	22,21	36	5	6	5	1	210	24,5	5,95	17,55	5	High
FALSE	High	Master Protein	Q9H1A4	Anaphase-promoting complex subunit 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ANAPC1 PE=1 SV=1	0	22,096	4	4	5	4	1	1944	216,4	6,3	11,43	4	High
FALSE	High	Master Protein	Q9UB95-2	Isoform 2 of Origin recognition complex subunit 3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ORC3	0	21,867	12	7	7	7	1	712	82,3	7,61	16,71	7	High

FALSO	High	Master Protein	ESP4V3	0	21,835	3	4	6	4	1	2078	205,3	9,58	18,49	4	High
FALSO	High	Master Protein	Q16795	0	21,803	18	6	7	6	1	377	42,5	9,8	15,34	6	High
FALSO	High	Master Protein	P41223-2	0	21,707	47	7	9	7	1	145	17,3	8,87	10,23	7	High
FALSO	High	Master Protein	Q96723	0	21,664	6	6	7	6	1	1441	163,7	5,01	16,87	6	High
FALSO	High	Master Protein	Q968P3	0	21,653	12	6	7	6	1	646	73,5	7,15	20,19	6	High
FALSO	High	Master Protein	P35610	0	21,633	11	4	6	4	1	550	64,7	8,94	17,32	4	High
FALSO	High	Master Protein	Q13618	0	21,553	10	7	7	7	1	768	88,9	8,48	11,68	7	High
FALSO	High	Master Protein	Q9NRN5	0	21,541	20	5	5	5	1	406	46	6,57	14,36	5	High
FALSO	High	Master Protein	O43719	0	21,516	11	4	5	4	1	755	85,8	4,4	17,49	4	High
FALSO	High	Master Protein	Q8TEG6	0	21,509	6	7	7	7	1	1308	168,5	6,62	8,34	7	High
FALSO	High	Master Protein	Q9Y2D5-4	0	21,407	8	6	6	6	1	1103	122	5,06	17,41	6	High
FALSO	High	Master Protein	Q13561-2	0	21,402	16	4	4	4	1	406	44,8	5,17	13,52	4	High
FALSO	High	Master Protein	Q96QR8	0	21,332	18	7	8	5	1	312	33,2	5,43	9,17	7	High
FALSO	High	Master Protein	P52298	0	21,309	28	5	6	5	1	156	18	8,21	11,48	5	High
FALSO	High	Master Protein	P04899-4	0	21,292	17	4	5	3	1	366	41,5	5,99	14,5	4	High
FALSO	High	Master Protein	Q9H6Y2	0	21,221	14	3	5	3	1	383	42	4,92	14,84	3	High
FALSO	High	Master Protein	P48729	0	21,167	26	7	9	7	1	337	38,9	9,57	9,98	7	High
FALSO	High	Master Protein	Q95251	0	21,161	14	7	7	6	1	611	70,6	8,85	14,71	7	High
FALSO	High	Master Protein	Q72ZW4	0	21,068	5	5	8	5	1	902	101,4	8,4	11,49	5	High
FALSO	High	Master Protein	Q15475	0	21,001	17	4	4	1	1	284	32,2	9,14	12,76	4	High
FALSO	High	Master Protein	Q9NPC8	0	20,997	21	5	5	2	1	281	32,3	9,01	14,06	5	High
FALSO	High	Master Protein	P18621-3	0	20,871	36	7	11	7	1	228	26,4	10,1	16,6	7	High
FALSO	High	Master Protein	Q96B26	0	20,785	27	5	7	5	1	276	30	5,3	17,44	5	High
FALSO	High	Master Protein	P62495	0	20,746	14	4	6	4	1	437	49	5,71	12,29	4	High
FALSO	High	Master Protein	Q9UK61	0	20,715	4	5	6	6	1	1670	188,9	5,8	17,12	6	High
FALSO	High	Master Protein	Q15014	0	20,637	15	3	5	3	1	288	32,3	9,72	17,96	3	High
FALSO	High	Master Protein	Q96CB8	0	20,563	22	5	6	5	1	462	48,8	9,69	12,71	5	High
FALSO	High	Master Protein	Q5T280	0	20,501	17	4	4	4	1	376	42	7,43	14,84	4	High
FALSO	High	Master Protein	O95400	0	20,421	18	4	5	4	1	341	37,6	4,61	17,55	4	High

FALSO	High	Master Protein	Q9Y5B6	PAX3- and PAX7-binding protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PAXBP1 PE=1 SV=2	0	20,381	8	5	5	1	917	104.7	5.68	12.3	5	High
FALSO	High	Master Protein	Q8YH15	ZZ-type zinc finger-containing protein 3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ZZZ3 PE=1 SV=1	0	20,234	8	5	5	1	903	102	5.69	12.23	5	High
FALSO	High	Master Protein	Q5T5K7	BEN domain-containing protein 3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=BEND3 PE=1 SV=1	0	20,176	7	5	5	1	828	94.4	5.43	9.4	5	High
FALSO	High	Master Protein	Q68K74	Microtubule-associated protein 15 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MAP15 PE=1 SV=2	0	20,137	8	5	6	1	1059	112.1	7.3	16.03	5	High
FALSO	High	Master Protein	Q15006	ER membrane protein complex subunit 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EMC2 PE=1 SV=1	0	20,113	12	3	4	3	297	34.8	6.57	14.19	3	High
FALSO	High	Master Protein	P07237	Protein disulfide-isomerase OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PI4HB PE=1 SV=3	0	20,077	17	6	6	1	508	57.1	4.87	13.63	6	High
FALSO	High	Master Protein	Q9S983	Methyl-CpG-binding domain protein 3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MBD3 PE=1 SV=1	0	20,044	27	5	6	4	291	32.8	5.34	20.6	5	High
FALSO	High	Master Protein	A8CG34	Nuclear envelope pore membrane protein POM 121C OS=Homo sapiens OX=9606 GN=POM121C PE=1 SV=3	0	19,985	7	6	6	1	1229	125	10.37	15.21	6	High
FALSO	High	Master Protein	Q9Y2K7	Lysine-specific demethylase 2A OS=Homo sapiens OX=9606 GN=KDM2A PE=1 SV=3	0	19,949	5	5	5	1	1162	132.7	7.58	11.37	5	High
FALSO	High	Master Protein	Q75717	WID repeat and HMGB-box DNA-binding protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=WHHD1 PE=1 SV=1	0	19,911	5	5	5	1	1129	125.9	5.62	11.56	5	High
FALSO	High	Master Protein	Q9H2F5	Enhancer of polycomb homolog 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EPIC1 PE=1 SV=1	0	19,823	9	6	6	1	836	93.4	8.59	15.09	6	High
FALSO	High	Master Protein	Q5ULU4-19	Isoform 19 of Protein Kinase C-binding protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ZMYND8	0	19,779	5	6	7	6	1241	137.9	6.93	15.38	6	High
FALSO	High	Master Protein	P0C055	Histone H2A.Z OS=Homo sapiens OX=9606 GN=H2AFZ PE=1 SV=2	0	19,729	31	5	11	4	128	13.5	10.58	18.8	5	High
FALSO	High	Master Protein	Q7L576	Cytoplasmic FMRL-interacting protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CFRIP1 PE=1 SV=1	0	19,712	4	4	5	4	1253	145.1	6.9	11.13	4	High
FALSO	High	Master Protein	Q99714	3-Hydroxyacyl-CoA dehydrogenase type-2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=HSD17B10 PE=1 SV=3	0	19,595	24	4	5	4	261	26.9	7.78	15.26	4	High
FALSO	High	Master Protein	Q9Y9C6	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase-like 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PP1L1 PE=1 SV=1	0	19,485	20	2	4	2	166	18.2	7.99	13.48	2	High
FALSO	High	Master Protein	P42677	40S ribosomal protein S27 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RP527 PE=1 SV=3	0	19,396	42	4	7	1	84	9.5	9.45	18.17	4	High
FALSO	High	Master Protein	Q9BTX1	Nucleoporin NDC1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NDC1 PE=1 SV=2	0	19,363	15	5	5	1	674	76.3	9.09	14.2	5	High
FALSO	High	Master Protein	Q8N5A5-2	Isoform 2 of Zinc finger, CCH-type with G patch domain-containing protein OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ZGFAT	0	19,335	14	5	5	1	511	55.5	5.55	12.8	5	High
FALSO	High	Master Protein	Q16555	Dihydropyrimidinase-related protein 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DPPSL2 PE=1 SV=1	0	19,279	14	4	5	4	572	62.3	6.38	14.33	4	High
FALSO	High	Master Protein	P05386	60S acidic ribosomal protein P1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RP1P1 PE=1 SV=1	0	19,256	52	2	3	2	114	11.5	4.32	10.43	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q92878-2	Isoform 2 of DNA repair protein RAD50 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RAD50	0	19,244	6	6	7	6	1318	154.5	6.89	14.21	6	High
FALSO	High	Master Protein	Q75182-2	Isoform 2 of Paired amphipathic helix protein Sm3B OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SN3B	0	19,147	5	4	4	2	1130	129.3	6.98	13.73	4	High
FALSO	High	Master Protein	Q9Y8B4	Splicing factor 3B subunit 6 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SF3B6 PE=1 SV=1	0	19,144	25	3	4	3	125	14.6	9.38	9.88	3	High
FALSO	High	Master Protein	Q13418	Integrin-linked protein kinase OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ILK PE=1 SV=2	0	19,067	13	5	5	5	452	51.4	8.07	12.54	5	High
FALSO	High	Master Protein	Q6NS14	RPA-related protein RADX OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RADX PE=1 SV=2	0	18,963	8	5	6	5	855	97.5	8.41	15.36	5	High
FALSO	High	Master Protein	P07197	Neurofilament medium polypeptide OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NEM1 PE=1 SV=3	0	18,842	4	4	16	1	916	102.4	4.91	27.98	4	High
FALSO	High	Master Protein	Q14156	Protein EFR3 homolog A OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EFR3A PE=1 SV=2	0	18,825	6	4	4	4	821	92.9	6.7	10.19	4	High
FALSO	High	Master Protein	Q12834	Cell division cycle protein 20 homolog OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CCD20 PE=1 SV=2	0	18,82	16	3	4	3	499	54.7	9.23	13.29	3	High
FALSO	High	Master Protein	Q8NFD5-3	Isoform 3 of AT-rich interactive domain-containing protein 1B OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ARID1B	0	18,743	6	7	7	6	2289	241.3	6.67	14.68	7	High

FALSO	High	Master Protein	P05997	Collagen alpha-2(V) chain OS=Homo sapiens OX=9606 GN=COL5A2 PE=1 SV=3	0	18,772	4	3	3	1	1499	144,8	6,46	10,68	3	High	
FALSO	High	Master Protein	P54188	Protein HIRA OS=Homo sapiens OX=9606 GN=HIRA PE=1 SV=2	0	18,717	8	4	5	1	1017	111,8	8,07	17	4	High	
FALSO	High	Master Protein	Q98UR4	Tubomerase Cajal body protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=WRAP53 PE=1 SV=1	0	18,635	9	3	3	1	548	59,3	4,58	10,82	3	High	
FALSO	High	Master Protein	P32780	General transcription factor IIH subunit 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=GTF2H1 PE=1 SV=1	0	18,597	13	5	5	1	548	62	8,66	12,12	5	High	
FALSO	High	Master Protein	P63241-2	Isoform 2 of Eukaryotic translation initiation factor 5A 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EIF5A	0	18,597	29	4	8	1	184	20,2	7,01	15,08	4	High	
FALSO	High	Master Protein	Q8N3C0	Activating signal co-integrator 1 complex subunit 3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ASC3 PE=1 SV=3	0	18,57	3	5	5	1	2202	251,3	7,09	6,59	5	High	
FALSO	High	Master Protein	Q9HR03	Magnesium transporter protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MAGT1 PE=1 SV=1	0	18,543	12	4	6	1	335	88	9,63	10,76	4	High	
FALSO	High	Master Protein	Q9YQ09	General transcription factor 3C polypeptide 3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=GTF3C3 PE=1 SV=1	0	18,478	6	4	4	1	886	101,2	5,07	11,89	4	High	
FALSO	High	Master Protein	Q9P003	Sentrin-specific protease 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SEN1 PE=1 SV=2	0	18,472	9	5	5	1	644	73,4	8,47	8,29	5	High	
FALSO	High	Master Protein	Q99439	Calpain-2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CNN2 PE=1 SV=4	0	18,441	25	5	6	1	309	33,7	7,33	14,88	5	High	
FALSO	High	Master Protein	P61163	Alpha-centractin OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ACTR1A PE=1 SV=1	0	18,396	16	4	4	1	376	42,6	6,64	11,98	4	High	
FALSO	High	Master Protein	Q86Z4	Spermatogenesis-associated serine-rich protein 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SPATSZ PE=1 SV=1	0	18,332	10	4	5	1	545	59,5	8,9	13,36	4	High	
FALSO	High	Master Protein	Q9NZ01	Very-long-chain enoyl-CoA reductase OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TECR PE=1 SV=1	0	18,31	19	6	6	1	308	36	9,45	13,27	6	High	
FALSO	High	Master Protein	Q6RW4-4	Isoform 4 of Condensin-2 complex subunit H2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NCAPIZ	0	18,229	11	4	5	1	606	63,3	4,74	12,58	4	High	
FALSO	High	Master Protein	O75821	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit G OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EIF3G PE=1 SV=2	0	18,223	34	5	5	1	320	35,6	6,13	15,72	5	High	
FALSO	High	Master Protein	A6QL63	Ankyrin repeat and BTB/POZ domain-containing protein BTBD11 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=BTBD11 PE=2 SV=3	0	18,202	4	4	4	1	1104	120,8	6,83	10,29	4	High	
FALSO	High	Master Protein	Q98Z29-4	Isoform 4 of Dedicator of cytokinesis protein 9 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DOCK9	0	18,192	3	5	5	1	2093	238,7	7,62	15	5	High	
FALSO	High	Master Protein	Q96B4-3	Isoform 1 of SRSF protein kinase 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SRPK1	0	18,182	6	3	5	3	1	826	92,4	7,71	14,94	3	High
FALSO	High	Master Protein	P63000-2	Isoform B of Ras-related C3 botulinum toxin substrate 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RAC1	0	18,172	25	6	7	1	211	23,5	8,63	12,97	6	High	
FALSO	High	Master Protein	P16070	CD44 antigen OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CD44 PE=1 SV=3	0	18,153	6	4	5	1	742	81,5	5,33	12,15	4	High	
FALSO	High	Master Protein	P49821	NADH dehydrogenase [ubiquinone] [flavoprotein] 1, mitochondrial OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NDUJF1 PE=1 SV=4	0	18,115	17	5	5	1	464	50,8	8,21	12,49	5	High	
FALSO	High	Master Protein	Q15154	Pericentriolar material 1 protein OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PCM1 PE=1 SV=5	0	18,112	2	3	3	1	2024	228,4	5,02	9,4	3	High	
FALSO	High	Master Protein	O00257	Transcription elongation factor SPT5 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SUPT5H PE=1 SV=1	0	18,001	6	4	4	1	1087	120,9	5,06	10,81	4	High	
FALSO	High	Master Protein	P61353	60S ribosomal protein L27 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RPL27 PE=1 SV=2	0	17,996	49	5	9	1	136	15,8	10,56	14,54	5	High	
FALSO	High	Master Protein	Q12830	Nucleosome-remodeling factor subunit BPTF OS=Homo sapiens OX=9606 GN=BPTF PE=1 SV=3	0	17,991	2	4	4	1	3046	338,1	6,54	8,56	4	High	
FALSO	High	Master Protein	O15007	Pre-mRNA-splicing regulator WTAP OS=Homo sapiens OX=9606 GN=WTAP PE=1 SV=2	0	17,94	14	4	4	1	396	44,2	5,19	9,55	4	High	
FALSO	High	Master Protein	O43809	Cleavage and polyadenylation specificity factor subunit 5 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NUD21 PE=1 SV=1	0	17,914	27	4	4	1	227	26,2	8,82	10,42	4	High	
FALSO	High	Master Protein	O96A65	Exocyst complex component 4 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EXO4 PE=1 SV=1	0	17,906	6	4	5	1	974	110,4	6,49	12,73	4	High	
FALSO	High	Master Protein	P46060	Ran GTPase-activating protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RANGAP1 PE=1 SV=1	0	17,837	9	4	4	1	587	63,5	4,68	12,96	4	High	

Master Protein	High	FALSE	0	17,832	8	7	7	5	1	1189	133.2	8.59	15.43	7	High
Master Protein	High	FALSE	0	17,832	8	7	7	5	1	1189	133.2	8.59	15.43	7	High
Master Protein	High	FALSE	0	17,828	31	4	10	4	1	110	12.5	11.06	22.12	4	High
Master Protein	High	FALSE	0	17,795	20	5	5	5	1	314	35	6.38	11.11	5	High
Master Protein	High	FALSE	0	17,726	8	4	4	4	1	898	100	6.11	12.31	4	High
Master Protein	High	FALSE	0	17,721	17	5	5	5	1	433	48.3	7.47	13.07	5	High
Master Protein	High	FALSE	0	17,718	27	6	6	6	1	389	43.4	9.91	16.56	6	High
Master Protein	High	FALSE	0	17,684	27	4	5	4	1	225	26.1	5.66	15.55	4	High
Master Protein	High	FALSE	0	17,641	11	2	3	2	1	437	49.2	5.45	10.91	2	High
Master Protein	High	FALSE	0	17,63	21	5	5	5	1	309	39.4	7.59	11.33	5	High
Master Protein	High	FALSE	0	17,616	4	2	3	2	1	877	96.7	7.37	11.13	2	High
Master Protein	High	FALSE	0	17,587	33	4	4	4	1	210	23.8	6.4	12.44	4	High
Master Protein	High	FALSE	0	17,513	17	3	4	3	1	300	35.3	5.38	12.13	3	High
Master Protein	High	FALSE	0	17,409	4	7	7	7	1	2174	239.1	5.64	15.24	7	High
Master Protein	High	FALSE	0	17,405	22	4	5	4	1	145	16.1	10.32	8.8	4	High
Master Protein	High	FALSE	0	17,321	8	5	6	5	1	940	99	9.17	17.96	5	High
Master Protein	High	FALSE	0	17,262	8	3	4	3	1	523	58	9.01	9.02	3	High
Master Protein	High	FALSE	0	17,255	24	4	6	4	1	157	17.8	11.25	14.32	4	High
Master Protein	High	FALSE	0	17,226	8	4	5	4	1	696	81.8	4.77	13.4	4	High
Master Protein	High	FALSE	0	17,205	21	5	6	5	1	358	40.5	6.18	14.59	5	High
Master Protein	High	FALSE	0	17,184	10	5	5	5	1	600	67.6	8.06	9.43	5	High
Master Protein	High	FALSE	0	17,075	8	3	3	3	1	353	39.1	9.94	8.52	3	High
Master Protein	High	FALSE	0	17,072	7	2	2	2	1	768	84.3	5.96	9.4	2	High
Master Protein	High	FALSE	0	17,036	12	3	3	3	1	356	36.5	7.39	8.31	3	High
Master Protein	High	FALSE	0	17,026	9	3	3	3	1	1603	169.2	9.04	9.65	3	High
Master Protein	High	FALSE	0	16,996	25	4	5	3	1	243	27.2	7.3	11.11	4	High
Master Protein	High	FALSE	0	16,945	5	5	5	5	1	1107	123.6	7.03	10.5	5	High
Master Protein	High	FALSE	0	16,835	7	4	7	4	1	578	65.7	8.38	10.91	4	High
Master Protein	High	FALSE	0	16,807	7	3	5	3	1	683	73.4	8.22	14.3	3	High

Accession	Protein Name	Gene	Species	Length	MD5	NCBI	UniProt	RefSeq	InterPro	PFAM	SMART	Protein	Score	High	Low
FALSO	Master Protein	Q97224	Human	30	0	16,793	1	1	1	244	28,1	6,65	12,96	5	High
FALSO	Master Protein	Q8UGN5	Human	7	0	16,793	1	1	1	583	66,2	8,88	9,96	4	High
FALSO	Master Protein	Q8N1G2	Human	7	0	16,768	1	1	1	835	95,3	7,05	9,36	6	High
FALSO	Master Protein	P24821	Human	3	0	16,752	1	1	1	2201	240,7	4,89	10,18	5	High
FALSO	Master Protein	Q03164-3	Human	2	0	16,751	1	1	1	3972	431,8	9,07	11,26	4	High
FALSO	Master Protein	Q81X17	Human	9	0	16,748	1	1	1	590	66,2	5,1	11,49	4	High
FALSO	Master Protein	Q9NVV4	Human	5	0	16,705	1	1	1	1490	164,1	9,44	12,97	5	High
FALSO	Master Protein	Q9H0H5	Human	14	0	16,695	1	1	1	632	71	8,88	11,79	6	High
FALSO	Master Protein	Q92E26	Human	4	0	16,641	1	1	1	1479	165,2	7,17	12,71	5	High
FALSO	Master Protein	Q7Z7H5	Human	28	0	16,627	1	1	1	227	25,9	8,28	12,57	4	High
FALSO	Master Protein	Q95573	Human	8	0	16,594	1	1	1	720	80,4	8,38	6,56	4	High
FALSO	Master Protein	P13646	Human	8	0	16,571	1	1	1	458	49,6	4,96	15,12	3	High
FALSO	Master Protein	Q6NW34	Human	11	0	16,418	1	1	1	567	64,5	9,74	12,32	5	High
FALSO	Master Protein	Q9H4N9	Human	15	0	16,188	1	1	1	279	31,9	8,87	9,33	3	High
FALSO	Master Protein	Q9Y483	Human	8	0	15,977	1	1	1	593	67	8,75	7,06	3	High
FALSO	Master Protein	O75521	Human	18	0	15,968	1	1	1	394	43,6	9	12,63	5	High
FALSO	Master Protein	P13797	Human	9	0	15,964	1	1	1	630	70,8	5,6	12,77	4	High
FALSO	Master Protein	Q92945	Human	5	0	15,943	1	1	1	711	75,1	7,3	8,91	3	High
FALSO	Master Protein	Q9549-2	Human	6	0	15,925	1	1	1	867	97,6	6,06	9,37	4	High
FALSO	Master Protein	Q13356-2	Human	11	0	15,886	1	1	1	527	59,4	8,75	9,72	4	High
FALSO	Master Protein	O75817	Human	31	0	15,795	1	1	1	140	15,6	8,94	10,71	3	High
FALSO	Master Protein	P84098	Human	22	0	15,784	1	1	1	196	23,5	11,47	5,73	4	High
FALSO	Master Protein	Q9H078	Human	12	0	15,758	1	1	1	707	78,7	9,01	11,33	6	High
FALSO	Master Protein	Q9H4G4	Human	31	0	15,746	1	1	1	154	17,2	9,41	12,18	3	High
FALSO	Master Protein	P84090	Human	31	0	15,733	1	1	1	104	12,3	5,92	13,92	2	High
FALSO	Master Protein	Q9NVV4-2	Human	9	0	15,695	1	1	1	712	78,8	8,28	10,26	4	High
FALSO	Master Protein	Q27B10	Human	10	0	15,648	1	1	1	664	75,2	9,47	12,33	4	High
FALSO	Master Protein	Q38726	Human	14	0	15,623	1	1	1	338	37,4	6,98	10,26	4	High
FALSO	Master Protein	Q2K4R3	Human	3	0	15,607	1	1	1	1735	189,9	7,08	10,75	4	High
FALSO	Master Protein	Q53HL2	Human	15	0	15,595	1	1	1	280	31,3	9,86	9,94	3	High

FALSO	High	Master Protein	Q96L58	Beta-1,3-galactosyltransferase 6 OS=Homo sapiens OX=9606	0	15,525	14	4	5	4	1	329	37,1	9,66	5,36	4	High	
FALSO	High	Master Protein	Q16656-4	Isoform 4 of Nuclear respiratory factor 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NRF1	0	15,501	13	5	5	5	1	522	55,6	5,16	13,12	5	High	
FALSO	High	Master Protein	Q96552	GPI transamidase component PIG-S OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PIGS PE=1 SV=3	0	15,43	8	2	3	2	1	555	61,6	6,49	10,9	2	High	
FALSO	High	Master Protein	Q9P275	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 36 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=U936 PE=1 SV=4	0	15,419	6	5	5	5	1	1123	122,8	9,7	7,47	5	High	
FALSO	High	Master Protein	Q9ULM3	YEATS domain-containing protein 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=YEATS2 PE=1 SV=2	0	15,372	5	5	5	5	1	1422	150,7	8,98	11,54	5	High	
FALSO	High	Master Protein	O14776	Transcription elongation regulator 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TCERG1 PE=1 SV=2	0	15,356	8	8	8	8	1	1098	123,8	8,65	12,3	8	High	
FALSO	High	Master Protein	Q995J2-4	Isoform 3 of Gamma-tubulin complex component 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TUBGCP2	0	15,352	6	5	5	5	1	930	105,6	7,08	8,11	5	High	
FALSO	High	Master Protein	Q6P148	Aspartate--tRNA ligase, mitochondrial OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DARS2 PE=1 SV=1	0	15,279	13	6	6	6	1	645	73,5	8,02	12,04	6	High	
FALSO	High	Master Protein	Q43189	PHD finger protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PHF1 PE=1 SV=3	0	15,182	10	4	4	4	1	567	62,1	9,01	5,15	4	High	
FALSO	High	Master Protein	Q6P4R8-2	Isoform 2 of Nuclear factor related to kappa-B binding protein OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NFRKB	0	15,127	5	5	6	5	1	1324	141,8	9,03	9,22	5	High	
FALSO	High	Master Protein	Q99728	BRCA1-associated RING domain protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=BARSD1 PE=1 SV=2	0	15,069	6	4	4	4	1	777	86,6	8,72	8,34	4	High	
FALSO	High	Master Protein	Q9P1J0	DNA-directed RNA polymerase 1 subunit RPA12 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ZRND1 PE=2 SV=1	0	15,05	37	2	3	2	1	126	13,9	5,06	11,57	2	High	
FALSO	High	Master Protein	Q9NV70	Exocyst complex component 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EXO1 PE=1 SV=4	0	15,04	7	6	6	6	1	894	101,9	6,61	8,56	6	High	
FALSO	High	Master Protein	Q9JQE7	Structural maintenance of chromosomes protein 3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SMC3 PE=1 SV=2	0	15,025	4	4	4	4	1	1217	141,5	7,18	9,27	4	High	
FALSO	High	Master Protein	P20290	Transcription factor BTFS OS=Homo sapiens OX=9606 GN=BTFS PE=1 SV=1	0	14,999	26	3	3	3	1	206	22,2	9,38	7,84	3	High	
FALSO	High	Master Protein	Q9Y3A2	Probable U3 small nuclear RNA-associated protein 11 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=UTP11 PE=1 SV=2	0	14,944	15	4	5	4	1	253	30,4	10,15	8,64	4	High	
FALSO	High	Master Protein	Q60870	DNA/RNA-binding protein KIM17 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=KIN PE=1 SV=2	0	14,887	15	4	4	4	1	393	45,3	8,95	9,01	4	High	
FALSO	High	Master Protein	Q9Y4K4	Mitogen-activated protein kinase kinase kinase 5 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MAP4K5 PE=1 SV=2	0	14,884	7	4	4	4	1	846	95	7,83	9,12	4	High	
FALSO	High	Master Protein	Q9HC35	Ectoderm microtubule-associated protein-like 4 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EML4 PE=1 SV=3	0	14,881	5	3	4	3	1	981	108,8	6,4	8,4	3	High	
FALSO	High	Master Protein	Q14331	Protein FRG1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=FRG1 PE=1 SV=1	0	14,879	14	3	4	3	1	258	29,2	9,01	11,41	3	High	
FALSO	High	Master Protein	Q6P1X5	Transcription initiation factor TFIIID subunit 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TA2 PE=1 SV=3	0	14,875	4	3	3	3	1	1199	136,9	8,19	8,91	3	High	
FALSO	High	Master Protein	Q9NR12	PDZ and LIM domain protein 7 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PDLIM7 PE=1 SV=1	0	14,873	17	4	4	4	1	457	49,8	8,41	11,75	4	High	
FALSO	High	Master Protein	Q16637	Survival motor neuron protein OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SMN1 PE=1 SV=1	0	14,836	19	4	5	4	1	294	31,8	6,55	13,45	4	High	
FALSO	High	Master Protein	O14617-5	Isoform 5 of AP-3 complex subunit delta-1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=AP3D1	0	14,79	3	3	3	3	1	1215	136,6	7,64	8,47	3	High	
FALSO	High	Master Protein	Q53H12	Acylglycerol kinase, mitochondrial OS=Homo sapiens OX=9606 GN=AGK PE=1 SV=2	0	14,765	10	2	2	2	1	422	47,1	8,09	8,52	2	High	
FALSO	High	Master Protein	Q13501	Sequestosome-1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SQSTM1 PE=1 SV=1	0	14,746	10	2	2	2	1	440	47,7	5,22	9,26	2	High	
FALSO	High	Master Protein	QBUK10	REST corepressor 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RCOR1 PE=1 SV=2	0	14,701	10	4	4	4	1	485	53,3	7,03	12,24	4	High	
FALSO	High	Master Protein	Q96IM3	Chromosome alignment-maintaining phosphoprotein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CHAMP1 PE=1 SV=2	0	14,647	5	3	4	4	3	1	812	89	8,44	11,5	3	High
FALSO	High	Master Protein	Q9NZN8	CCR4-NOT transcription complex subunit 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NOT2 PE=1 SV=1	0	14,641	9	4	4	4	1	540	59,7	7,66	10,53	4	High	
FALSO	High	Master Protein	O75764	Transcription elongation factor A protein 3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TEEA3 PE=1 SV=2	0	14,625	13	3	4	3	1	348	36,9	9,19	12,4	3	High	

FALSO	High	Master Protein	O64762	ATP-dependent DNA helicase OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RECQL5 PE=1 SV=2	0	14,021	6	5	5	1	991	108.8	8.56	9.65	5 High
FALSO	High	Master Protein	O624V5	Transmembrane and TPR repeat-containing protein 3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TMTC3 PE=1 SV=2	0	14,018	4	2	2	1	915	103.9	8.87	8.09	2 High
FALSO	High	Master Protein	O990V9-2	isoform 2 of Septin-10 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SEPT10 Huntingtin-interacting protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=HIP1 PE=1 SV=5	0	14,018	11	4	5	1	503	58.1	7.34	11.83	4 High
FALSO	High	Master Protein	O00291	Retinoic acid-induced protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RAI1 PE=1 SV=2	0	14,012	5	3	4	1	1037	116.1	5.3	10.9	3 High
FALSO	High	Master Protein	Q7Z5I4	Protein NipSnap homolog 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NIPSNAP1 PE=1 SV=1	0	13,966	3	5	5	1	1906	203.2	8.79	14.23	5 High
FALSO	High	Master Protein	Q9BPV8	Polycarbonyl complex protein BMI-1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=BMI1 PE=1 SV=2	0	13,857	28	5	5	1	284	33.3	9.31	7.48	5 High
FALSO	High	Master Protein	P35226	Tyrosine-protein Kinase Lyn OS=Homo sapiens OX=9606 GN=LYN PE=1 SV=3	0	13,852	21	5	5	1	326	36.9	8.63	10.62	5 High
FALSO	High	Master Protein	P07948	60S ribosomal protein L26 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RPL26	0	13,842	8	4	4	2	512	58.5	7.11	9.27	4 High
FALSO	High	Master Protein	P61254	isoform 4 of Spingomyelin phosphodiesterase 4 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SNMPD4	0	13,769	28	4	5	1	145	17.2	10.55	8.74	4 High
FALSO	High	Master Protein	Q9NXC4-4	isoform 2 of Eukaryotic translation initiation factor 4E OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EIF4E	0	13,712	6	5	5	1	912	102.5	8.53	11.13	5 High
FALSO	High	Master Protein	R06730-2	SAGA-associated factor 29 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SGF29 PE=1 SV=1	0	13,632	16	4	4	1	248	28.8	6.42	8.74	4 High
FALSO	High	Master Protein	O96E57	isoform 4 of CLUGBP Elav-like family member 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CELF1	0	13,603	17	3	3	1	293	33.2	8.1	6.96	3 High
FALSO	High	Master Protein	Q92879-4	CDKN2A-interacting protein OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CDKN2AIP PE=1 SV=3	0	13,598	9	4	4	2	512	55	8.38	9.86	4 High
FALSO	High	Master Protein	Q9NXX6	Mediator of RNA polymerase II transcription subunit 6 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MED6 PE=1 SV=2	0	13,585	7	3	4	3	580	61.1	9.01	10.33	3 High
FALSO	High	Master Protein	O75586	isoform 2 of Mediator of RNA polymerase II transcription subunit 8 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MED8	0	13,559	24	4	4	1	246	28.4	8.62	7.87	4 High
FALSO	High	Master Protein	O98G25-2	Zinc finger protein 148 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ZNF148 PE=1 SV=2	0	13,561	16	3	3	1	301	32.8	9.1	8.41	3 High
FALSO	High	Master Protein	Q9UQR1	S-phase kinase-associated protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SKP1 PE=1 SV=2	0	13,488	25	2	2	1	163	18.6	4.54	6.28	2 High
FALSO	High	Master Protein	P63208	Synemin OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SYNM PE=1 SV=2	0	13,402	3	4	4	1	1565	172.7	5.16	10.09	4 High
FALSO	High	Master Protein	O15061	Phosphatidylinositol 4-kinase alpha OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PI4KA PE=1 SV=4	0	13,379	2	4	4	1	2102	296.7	7.06	6.85	4 High
FALSO	High	Master Protein	P42356	Dynein light chain 1, cytoplasmic OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DYNLL1 PE=1 SV=1	0	13,244	37	2	4	2	89	10.4	7.4	9.64	2 High
FALSO	High	Master Protein	P63167	General transcription factor (H) subunit 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=GTTF2 PE=1 SV=1	0	13,206	9	3	3	1	395	44.4	6.76	7.54	3 High
FALSO	High	Master Protein	Q13888	isoform 3 of Wings apart-like protein homolog OS=Homo sapiens OX=9606 GN=WAPL	0	13,141	4	3	3	1	1275	142.4	6.06	6.28	3 High
FALSO	High	Master Protein	Q7Z5K2-3	Chondroitin sulfate synthase 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CHPF PE=1 SV=2	0	13,114	8	4	4	1	775	85.4	6.93	11.75	4 High
FALSO	High	Master Protein	O8252	DNA-directed RNA polymerase III subunit RPC1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=POLR3A PE=1 SV=2	0	13,081	6	5	5	1	1390	155.5	8.48	13.05	5 High
FALSO	High	Master Protein	O14802	isoform 5 of Ubiquitin-associated protein 2-like OS=Homo sapiens OX=9606 GN=UBAP2L	0	12,978	6	4	4	1	1104	116.6	7.02	10.88	4 High
FALSO	High	Master Protein	Q14157-5	Keratin, type II cytoskeletal 1b OS=Homo sapiens OX=9606 GN=KRT17 PE=1 SV=3	0	12,899	5	3	6	1	578	61.9	5.99	7.55	3 High
FALSO	High	Master Protein	Q72794	Obscurin-like protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=OBSL1 PE=1 SV=4	0	12,732	4	6	6	1	1896	206.8	5.63	11.22	6 High
FALSO	High	Master Protein	O75147	ES SUMO-protein ligase P1AS2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=P1AS2 PE=1 SV=3	0	12,691	5	2	2	1	621	68.2	7.52	7.31	2 High
FALSO	High	Master Protein	O75928	Sphingosine-1-phosphate lyase 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SGPL1 PE=1 SV=3	0	12,671	10	3	3	1	568	63.5	9.16	8.82	3 High

FALSO	High	Master Protein	O9Y6C2	EMILIN-1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EMILIN1 PE=1 SV=3	0	12,662	6	3	3	1	1016	106,6	5,17	9,07	3	High
FALSO	High	Master Protein	P35241-5	Isform 5 of Radixin OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RD	0	12,648	7	5	7	1	604	71	6,71	6,69	5	High
FALSO	High	Master Protein	O96FX7	tRNA (adenine(SB-M(11))-methyltransferase catalytic subunit TRMT61A OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TRMT61A PE=1 SV=1	0	12,5	18	3	3	1	289	31,4	7,36	9,27	3	High
FALSO	High	Master Protein	P09234	U1 small nuclear ribonucleoprotein C OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SNRPC PE=1 SV=1	0	12,59	13	2	2	1	159	17,4	9,67	6,68	2	High
FALSO	High	Master Protein	O6KC79	Nipped-B-like protein OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NIPBL PE=1 SV=2	0	12,581	2	5	5	1	2804	315,9	7,91	10,41	5	High
FALSO	High	Master Protein	O6ZN17	Protein lin-28 homolog B OS=Homo sapiens OX=9606 GN=LIN28B PE=1 SV=1	0	12,576	18	3	3	1	250	27,1	8,91	9,56	3	High
FALSO	High	Master Protein	O00746	Nucleoside diphosphate kinase, mitochondrial OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NME4 PE=1 SV=1	0	12,57	18	2	2	1	187	20,6	10,29	6,9	2	High
FALSO	High	Master Protein	P17480	Nucleolar transcription factor 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=LUBTF PE=1 SV=1	0	12,558	8	4	4	1	764	89,4	5,81	9,4	4	High
FALSO	High	Master Protein	O9NVU0	DNA-directed RNA polymerase III subunit RPC3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=POLR3E PE=1 SV=1	0	12,558	6	3	3	1	708	79,8	6,47	7,85	3	High
FALSO	High	Master Protein	Q13363	C-terminal-binding protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CTBP1 PE=1 SV=2	0	12,469	11	4	4	1	440	47,5	6,77	6,71	4	High
FALSO	High	Master Protein	O9P2E9	Ribosome-binding protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RRBP1 PE=1 SV=4	0	12,466	3	4	6	1	1410	152,4	8,6	12,24	4	High
FALSO	High	Master Protein	O9V4Z0	U6 snRNA-associated Sm-like protein LSm4 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=LSM4 PE=1 SV=1	0	12,458	46	5	6	1	139	15,3	9,99	11,2	5	High
FALSO	High	Master Protein	O8NA28	Polypeptide N-acetylglucosaminyltransferase 16 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=GALNT16 PE=1 SV=2	0	12,317	11	3	3	1	558	63	9,13	8,7	3	High
FALSO	High	Master Protein	O8WV22	Non-structural maintenance of chromosomes element 1 homolog OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NSMCE1 PE=1 SV=5	0	12,316	15	3	3	1	266	30,8	7,47	7,56	3	High
FALSO	High	Master Protein	Q15003	Condensin complex subunit 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NCAHP PE=1 SV=3	0	12,262	7	5	5	1	741	82,5	5,06	8,58	5	High
FALSO	High	Master Protein	O9P755	Phosphatidylinositol 4-phosphate 5-kinase type-1 alpha OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PIP5K1A PE=1 SV=1	0	12,201	9	3	3	1	562	62,6	8,21	8,71	3	High
FALSO	High	Master Protein	O9O203	AP-3 complex subunit beta-1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=AP3B1 PE=1 SV=3	0	12,182	4	4	4	1	1094	121,2	6,04	7,66	4	High
FALSO	High	Master Protein	O75150	E3 ubiquitin-protein ligase BRE1B OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RNH40 PE=1 SV=4	0	12,118	5	5	5	1	1001	113,6	6,23	7,52	5	High
FALSO	High	Master Protein	O9Y212	Band 4.1-like protein 3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EFB41L3 PE=1 SV=2	0	12,094	4	4	4	1	1087	120,6	5,19	3,25	4	High
FALSO	High	Master Protein	O9P1G2	ELM2 and SANT domain-containing protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ELMSAN1 PE=1 SV=2	0	12,082	5	3	3	1	1045	114,9	9,19	7,91	3	High
FALSO	High	Master Protein	P54577	Tyrosine-tRNA ligase, cytoplasmic OS=Homo sapiens OX=9606 GN=YARS PE=1 SV=4	0	12,061	12	4	4	1	528	59,1	7,05	10,09	4	High
FALSO	High	Master Protein	O9UKK6	NTF2-related export protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NXT1 PE=1 SV=1	0	12,054	31	3	3	1	140	15,8	5,03	10,88	3	High
FALSO	High	Master Protein	O9NQ29	Purative RNA-binding protein Luc7-like 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=LUC7L PE=1 SV=1	0	12,044	10	3	4	1	371	43,7	9,92	8,41	3	High
FALSO	High	Master Protein	O9Y305-4	Isform 4 of Acyl-coenzyme A thioesterase 9, mitochondrial OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ACOT9	0	12,041	14	4	4	1	448	50,8	8,53	10,89	4	High
FALSO	High	Master Protein	O8WV11	UIM domain only protein 7 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=LMD7 PE=1 SV=3	0	11,988	2	2	2	1	1685	192,6	6,09	5,86	2	High
FALSO	High	Master Protein	O96UN8	Neutralized-like protein 4 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NEURL4 PE=1 SV=2	0	11,969	2	2	3	1	1562	166,8	5,86	5,88	2	High
FALSO	High	Master Protein	O95619	YEATS domain-containing protein 4 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=YEATS4 PE=1 SV=1	0	11,959	21	4	5	1	227	26,5	8,41	10,11	4	High
FALSO	High	Master Protein	O9WVR2	Integrator complex subunit 10 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=INTS10 PE=1 SV=2	0	11,913	5	4	4	1	710	82,2	7,44	7,03	4	High
FALSO	High	Master Protein	P78345	Ribonuclease P protein subunit p38 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PPP38 PE=1 SV=2	0	11,873	11	3	3	1	283	31,8	9,92	5,77	3	High

FALSO	High	P29590	Master Protein	Protein PML OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PML PE=1 SV=3	0	11,971	6	4	4	4	1	882	97.5	6.21	10.4	4	High
FALSO	High	O14602	Master Protein	Eukaryotic translation initiation factor 1A, Y-chromosomal OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EIF1AY PE=1 SV=4	0	11,858	21	2	3	2	1	144	16.4	5.24	10.15	2	High
FALSO	High	Q9Y2L9-3	Master Protein	Isoform 3 of Leucine-rich repeat and calponin homology domain-containing protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=LRCH1 Serine/threonine-protein kinase tousel-like 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TLK2 PE=1 SV=2	0	11,813	4	2	2	2	1	763	84.5	5.68	6.7	2	High
FALSO	High	Q86UEB	Master Protein	DNA (cytosine-5)-methyltransferase 3B OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DNMT3B PE=1 SV=1	0	11,813	5	4	5	1	1	772	87.6	8.41	7.78	4	High
FALSO	High	Q9JBC3	Master Protein	Vacuolar protein sorting-associated protein 16 homolog OS=Homo sapiens OX=9606 GN=VPS16 PE=1 SV=2	0	11,756	5	3	3	2	1	863	95.7	8.43	5.82	3	High
FALSO	High	Q9H269	Master Protein	Ras-related protein Rab-35 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RAB35 PE=1 SV=1	0	11,753	5	3	3	3	1	839	94.6	6.77	8.28	3	High
FALSO	High	Q15286	Master Protein	Forkhead box protein K1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=FOXP1 PE=1 SV=1	0	11,746	12	2	3	2	1	201	23	8.29	7.58	2	High
FALSO	High	P85037	Master Protein	Cartilage-associated protein OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CRTPA PE=1 SV=1	0	11,718	4	4	5	3	1	733	75.4	9.32	4.37	4	High
FALSO	High	O757J8	Master Protein	Isoform 5 of F-box only protein 11 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=FBXO11	0	11,712	13	4	4	4	1	401	46.5	5.73	9.66	4	High
FALSO	High	Q86XK2-5	Master Protein	Alpha-mannosidase 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MAN2A1 PE=1 SV=2	0	11,704	3	2	2	2	1	954	106.8	7.02	6.74	2	High
FALSO	High	O16706	Master Protein	Lysine-specific histone demethylase 1B OS=Homo sapiens OX=9606 GN=KDM1B PE=1 SV=3	0	11,696	2	2	2	2	1	1144	131.1	7.58	6.36	2	High
FALSO	High	Q8NE78	Master Protein	Zinc finger protein 592 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ZNF592 PE=1 SV=2	0	11,691	5	4	4	4	1	822	92	7.87	6.72	4	High
FALSO	High	Q926L0	Master Protein	Nuclein OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NCLIN PE=1 SV=2	0	11,671	4	3	4	3	1	1267	137.4	7.84	12.04	3	High
FALSO	High	Q969V3	Master Protein	Leucine-rich PPR motif-containing protein, mitochondrial OS=Homo sapiens OX=9606 GN=LRRPPC PE=1 SV=3	0	11,612	6	2	2	2	1	563	62.9	6.89	6.81	2	High
FALSO	High	P42704	Master Protein	Isoform 4 of CDK5 regulatory subunit-associated protein 3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CDK5RAP3	0	11,586	4	4	4	4	1	1394	157.8	6.13	7.34	4	High
FALSO	High	Q96JBS-4	Master Protein	Protein pelota homolog OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PELO PE=1 SV=2	0	11,445	7	2	2	2	1	385	43.3	6.34	7.04	2	High
FALSO	High	Q9BRX2	Master Protein	Casein kinase 1 isoform gamma-2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CSNK1G2 PE=1 SV=1	0	11,389	8	3	3	3	1	415	47.4	9.06	6.82	3	High
FALSO	High	P78368	Master Protein	Probable JmjC domain-containing histone demethylase protein 2C OS=Homo sapiens OX=9606 GN=JMJD1C PE=1 SV=2	0	11,371	2	3	4	3	1	2540	284.3	7.87	8.4	3	High
FALSO	High	Q155Q3	Master Protein	Dixin OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DIXDC1 PE=1 SV=2	0	11,338	9	4	4	4	1	683	77.4	6.24	10.14	4	High
FALSO	High	Q9UGJ0	Master Protein	Transcription factor 20 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TCF20 PE=1 SV=3	0	11,316	2	2	2	2	1	1960	211.6	9.04	6.72	2	High
FALSO	High	Q9NE86	Master Protein	Calcium uniporter protein, mitochondrial OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MCU PE=1 SV=1	0	11,309	13	3	3	3	1	351	39.8	8.65	6.24	3	High
FALSO	High	Q6IQ32	Master Protein	Activity-dependent neuroprotector homeobox protein 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ADNP2 PE=1 SV=1	0	11,303	4	3	3	3	1	1131	122.8	9.16	8.23	3	High
FALSO	High	Q9Y6M4-2	Master Protein	Isoform 2 of Casein kinase 1 isoform gamma-3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CSNK1G3	0	11,291	8	3	3	3	1	455	52.3	9.17	6.28	3	High
FALSO	High	Q9UBV7	Master Protein	Beta-1,4-galactosyltransferase 7 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=BTGALT7 PE=1 SV=1	0	11,214	9	3	3	3	1	327	37.4	8.98	6.93	3	High
FALSO	High	P57772	Master Protein	Selenocysteine-specific elongation factor OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SEEFEC PE=1 SV=4	0	11,149	11	4	4	4	1	596	65.3	8.35	9.66	4	High
FALSO	High	Q9Y232	Master Protein	Chromodomain Y-like protein OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CDYL PE=1 SV=2	0	11,035	9	3	3	3	1	598	66.4	9.45	7.83	3	High
FALSO	High	Q7Z478	Master Protein	ATP-dependent RNA helicase DHX29 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DHX29 PE=1 SV=2	0	11,012	4	3	3	3	1	1369	155.1	8.09	7.9	3	High
FALSO	High	Q9BUZ4	Master Protein	TNF receptor-associated factor 4 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TRAF4 PE=1 SV=1	0	11,001	7	2	2	2	1	470	53.5	8.15	6.49	2	High

FALSE	High	Master Protein	P15172	Myoblast determination protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MYOD1 PE=1 SV=3	0	10,994	8	2	2	2	1	320	34.5	5.86	6.15	2	High
FALSE	High	Master Protein	Q9BR16	Uncharacterized protein C7orf50 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=C7orf50 PE=1 SV=1	0	10,978	29	2	2	2	1	194	22.1	9.64	7.57	2	High
FALSE	High	Master Protein	P41214	Eukaryotic translation initiation factor 2D OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EIF2D PE=1 SV=3	0	10,978	7	3	3	3	1	384	64.7	7.65	5.44	3	High
FALSE	High	Master Protein	Q9UKI8-2	Isoform 2 of Serine/threonine-protein kinase touselid-like 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TLK1	0	10,974	5	4	6	1	1	787	89	8.72	6.81	4	High
FALSE	High	Master Protein	P51571	Translocos-associated protein subunit delta OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SSR4 PE=1 SV=1	0	10,939	17	2	2	2	1	173	19	6.15	6.57	2	High
FALSE	High	Master Protein	Q71210	75K snRNA methylphosphate capping enzyme OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MEPCE PE=1 SV=1	0	10,908	6	2	3	2	1	689	74.3	9.57	4.88	2	High
FALSE	High	Master Protein	Q9SEK7	Constitutive coactivator of peroxisome proliferator-activated receptor gamma OS=Homo sapiens OX=9606 GN=FAM1209 PE=1 SV=1	0	10,886	4	2	2	2	1	910	103.7	5.69	7.02	2	High
FALSE	High	Master Protein	Q96H47	Torsolo-like protein OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TONSL PE=1 SV=2	0	10,874	3	3	3	3	1	1378	150.8	6.42	7.96	3	High
FALSE	High	Master Protein	Q8TD26	Chromodomain-helicase-DNA-binding protein 6 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CHD6 PE=1 SV=4	0	10,867	1	3	4	1	1	2715	305.2	6.27	5.9	3	High
FALSE	High	Master Protein	Q9UK45	U6 snRNA-associated Sm-like protein Lsm7 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=L5M7 PE=1 SV=1	0	10,866	46	3	3	3	1	103	11.6	5.27	7.1	3	High
FALSE	High	Master Protein	P56545-2	Isoform 2 of C-terminal-binding protein 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CTBP2	0	10,858	4	3	3	1	1	985	106.1	8.02	8.02	3	High
FALSE	High	Master Protein	Q8WV92	Negative elongation factor B OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NELEFB PE=1 SV=1	0	10,854	7	4	4	4	1	580	65.7	6.13	3.42	4	High
FALSE	High	Master Protein	Q6PGP7	Tetratricopeptide repeat protein 37 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ITTC37 PE=1 SV=1	0	10,843	2	2	2	2	1	1564	175.4	7.53	6.81	2	High
FALSE	High	Master Protein	P36957	Dihydropyridine-residue succinyltransferase component of 2-oxoglutarate dehydrogenase complex, mitochondrial OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DLST PE=1 SV=4	0	10,814	5	2	2	2	1	453	48.7	8.95	5.73	2	High
FALSE	High	Master Protein	P06733	Alpha-enolase OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ENO1 PE=1 SV=2	0	10,741	8	3	3	3	1	434	47.1	7.39	5.08	3	High
FALSE	High	Master Protein	Q9H0H0	Integrator complex subunit 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=INTS2 PE=1 SV=2	0	10,731	4	4	5	4	1	1204	134.2	6.05	8.55	4	High
FALSE	High	Master Protein	Q9NRW3	DNA 4C->GU-editing enzyme APOBEC-3C OS=Homo sapiens OX=9606 GN=APOBEC3C PE=1 SV=2	0	10,729	15	2	2	2	1	190	22.8	7.59	6.41	2	High
FALSE	High	Master Protein	Q6IE81	Protein Jade-1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=JADE1 PE=1 SV=1	0	10,709	6	5	5	5	1	842	95.5	7.91	6.91	5	High
FALSE	High	Master Protein	Q86746	Keratin, type II cytoskeletal 73 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=KRT73 PE=1 SV=1	0	10,686	4	2	4	1	1	540	58.9	7.23	4.62	2	High
FALSE	High	Master Protein	Q55G57	Nucleoporin GLE1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=GLE1 PE=1 SV=2	0	10,666	5	4	4	4	1	698	79.8	7.43	5	4	High
FALSE	High	Master Protein	Q77C8-4	Isoform 3 of Transcription initiation factor TFIIID subunit 8 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TAF8	0	10,649	15	3	4	3	1	338	37.4	8.43	9.6	3	High
FALSE	High	Master Protein	Q9JUM13	Anaphase-promoting complex subunit 10 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ANAPC10 PE=1 SV=1	0	10,612	15	2	3	2	1	185	21.2	9.05	6.93	2	High
FALSE	High	Master Protein	Q9V657	Spindlin-1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SPIN1 PE=1 SV=3	0	10,594	27	4	4	4	1	262	29.6	6.96	11.42	4	High
FALSE	High	Master Protein	Q13217	DnaI homolog subfamily C member 3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DNAC3 PE=1 SV=1	0	10,571	7	2	2	2	1	504	57.5	6.15	6.65	2	High
FALSE	High	Master Protein	Q9H270	Vacuolar protein sorting-associated protein 11 homolog OS=Homo sapiens OX=9606 GN=VPS11 PE=1 SV=1	0	10,557	3	2	2	2	1	941	107.8	7.05	6.39	2	High
FALSE	High	Master Protein	Q6SPF0	Atherin OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SAAMD1 PE=1 SV=1	0	10,529	9	3	3	3	1	538	56	7.58	8.02	3	High
FALSE	High	Master Protein	P0DP25	Calmodulin-3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CALM3 PE=1 SV=1	0	10,424	22	2	3	2	1	149	16.8	4.22	8.21	2	High
FALSE	High	Master Protein	P40926	Malate dehydrogenase, mitochondrial OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MDH2 PE=1 SV=3	0	10,346	9	2	2	2	1	338	35.5	8.68	7.32	2	High

FALSO	High	P40937	Master Protein	Replication factor C subunit 5 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RFC5 PE=1 SV=1	0	10,318	14	4	4	1	340	38.5	7.2	7.69	4	High
FALSO	High	P78E49	Master Protein	Endonuclease III-like protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=INTHL1 PE=1 SV=2	0	10,257	8	2	2	1	312	34.4	9.67	5.71	2	High
FALSO	High	P18858	Master Protein	DNA ligase 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=LIG1 PE=1 SV=1 E3 UFM1-protein ligase 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=UFL1 PE=1 SV=2	0	10,151	5	4	4	1	919	101.7	5.62	5.18	4	High
FALSO	High	O94874	Master Protein	Pre-B cell leukemia transcription factor 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PBX2 PE=1 SV=2	0	10,082	5	3	3	1	794	89.5	6.79	7.81	3	High
FALSO	High	P40425	Master Protein	RNA-binding motif, single-stranded-interacting protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RSBMS1 PE=1 SV=3	0	10,075	10	3	3	1	430	45.9	7.56	5.99	3	High
FALSO	High	P29558	Master Protein	Proyl 3-hydroxylase 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PHZ PE=1 SV=1	0	10,066	12	3	4	1	406	44.5	8.79	11.27	3	High
FALSO	High	Q8VLS	Master Protein	Neuroguin OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NGDN PE=1 SV=1	0	10,064	5	3	3	1	708	80.9	5.71	3.85	3	High
FALSO	High	Q8NE9	Master Protein	Nuclear transcription factor Y subunit gamma OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NFYC PE=1 SV=3	0	10,005	8	2	2	1	315	35.9	9.57	5.75	2	High
FALSO	High	Q13952	Master Protein	Emerin OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EMD PE=1 SV=1	0	9,954	7	3	3	1	458	50.3	6.1	7.14	3	High
FALSO	High	P50402	Master Protein	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=USP3 PE=1 SV=2	0	9,863	18	3	4	1	254	29	5.5	8.56	3	High
FALSO	High	Q9Y64	Master Protein	Isoform 2 of Serine-threonine kinase receptor-associated protein OS=Homo sapiens OX=9606 GN=STRAP	0	9,806	6	2	2	1	520	58.9	8.18	5.47	2	High
FALSO	High	Q9Y3F4-2	Master Protein	Transcriptional enhancer factor 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TEAD1 PE=1 SV=2	0	9,777	12	3	3	1	363	39.8	5.31	7.76	3	High
FALSO	High	P28347	Master Protein	Guanine nucleotide-binding protein G(i) subunit alpha OS=Homo sapiens OX=9606 GN=GNAI3 PE=1 SV=3	0	9,772	8	2	2	1	426	47.9	8.15	5.45	2	High
FALSO	High	P08754	Master Protein	Thy-1 membrane glycoprotein OS=Homo sapiens OX=9606 GN=THY1 PE=1 SV=2	0	9,736	10	3	3	1	354	40.5	5.69	7.43	3	High
FALSO	High	P04216	Master Protein	WD repeat-containing protein 43 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=WDRC43 PE=1 SV=3	0	9,735	18	2	2	1	161	17.9	8.73	6.78	2	High
FALSO	High	Q15061	Master Protein	Activated RNA polymerase II transcriptional coactivator p15 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SUB1 PE=1 SV=3	0	9,724	8	3	3	1	677	74.8	5.57	7.23	3	High
FALSO	High	P53999	Master Protein	WD repeat-containing protein 76 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=WDRC76 PE=1 SV=2	0	9,716	24	2	2	1	127	14.4	9.6	7.88	2	High
FALSO	High	Q9H967	Master Protein	Cancer/testis antigen 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CTAG2 PE=1 SV=2	0	9,698	4	2	2	1	626	69.7	9.25	11.19	2	High
FALSO	High	O75638	Master Protein	Eukaryotic translation initiation factor 4E type 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EIF4E2 PE=1 SV=1	0	9,687	10	2	2	1	210	21	9.96	7.41	2	High
FALSO	High	O60573	Master Protein	Isoform 4 of MAX gene-associated protein OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MGA	0	9,681	14	2	3	1	245	28.3	8.88	9.73	2	High
FALSO	High	Q8IW9-4	Master Protein	Carnitine O-acetyltransferase OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CRAT PE=1 SV=5	0	9,686	2	4	4	1	3065	336	6.9	9.3	4	High
FALSO	High	P43155	Master Protein	Myeloid leukemia factor 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MLF2 PE=1 SV=1	0	9,682	7	3	4	1	626	70.8	8.44	9.48	3	High
FALSO	High	Q15773	Master Protein	Nuclear cap-binding protein subunit 3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NCBP3 PE=1 SV=2	0	9,676	11	2	2	1	248	28.1	6.9	6.01	2	High
FALSO	High	Q53F19	Master Protein	Carbohydrate sulfotransferase 14 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CHST14 PE=1 SV=2	0	9,672	4	2	2	1	620	70.5	5.73	5.61	2	High
FALSO	High	Q8NCH0	Master Protein	Probable 18S rRNA (guanine-N7)-methyltransferase OS=Homo sapiens OX=9606 GN=BUD23 PE=1 SV=2	0	9,665	11	4	5	4	376	43	9.48	8.97	4	High
FALSO	High	O43709	Master Protein	SAP30-binding protein OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SAP30BP PE=1 SV=1	0	9,584	19	3	3	1	281	31.9	8.73	8.65	3	High
FALSO	High	Q8LH85	Master Protein	Beta-2-syntrophin OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SNB2 PE=1 SV=1	0	9,532	13	3	3	1	308	33.9	4.84	5.89	3	High
FALSO	High	Q13425	Master Protein	Zinc finger protein 292 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ZNF292 PE=1 SV=3	0	9,494	6	3	3	1	540	57.9	8.82	8.33	3	High
FALSO	High	O60281	Master Protein	Zinc finger protein 512B OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ZNF512B PE=1 SV=1	0	9,476	1	2	2	1	2723	304.6	7.39	7.01	2	High
FALSO	High	Q98KMF6	Master Protein	Zinc finger protein 512B OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ZNF512B PE=1 SV=1	0	9,462	4	3	3	1	882	97.2	9.83	6.8	3	High

FALSO	High	Master Protein	Q72ZE3	Aprataxin OS=Homo sapiens OX=9606 GN=APTX PE=1 SV=2	0	9,461	11	3	3	1	356	40.7	9.17	3.78	3	High	
FALSO	High	Master Protein	Q9Y314	Nitric oxide synthase-interacting protein OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NOSIP PE=1 SV=1	0	9,455	15	2	2	1	301	39.2	8.82	7.18	2	High	
FALSO	High	Master Protein	Q95425	Supervillin OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SVIL PE=1 SV=2	0	9,439	1	3	3	1	2214	247.6	6.98	5.53	3	High	
FALSO	High	Master Protein	Q13492	Phosphatidylinositol-binding clathrin assembly protein OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PICALM PE=1 SV=2	0	9,439	8	2	2	1	652	70.7	7.9	7.15	2	High	
FALSO	High	Master Protein	Q14699	Raf1in OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RFTN1 PE=1 SV=4	0	9,431	7	3	3	1	578	63.1	5.67	2.36	3	High	
FALSO	High	Master Protein	Q8IXQ5	Kelch-like protein 7 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=KLHL7 PE=1 SV=2	0	9,429	8	3	4	1	586	65.9	6.48	8.96	3	High	
FALSO	High	Master Protein	P52434	DNA-directed RNA polymerases I, II, and III subunit RPABC3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=POLR2H PE=1 SV=4	0	9,406	30	3	3	1	150	17.1	4.68	7.65	3	High	
FALSO	High	Master Protein	Q9JUP6	DNA-binding protein SATB2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SATB2 PE=1 SV=2	0	9,361	6	2	2	1	793	82.5	6.9	3.48	2	High	
FALSO	High	Master Protein	Q9P2N6	KATB regulatory NLS complex subunit 3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=KANSL3 PE=1 SV=2	0	9,334	6	3	3	1	904	95.9	9.39	8.01	3	High	
FALSO	High	Master Protein	Q94913	Ple-mRNA cleavage complex 2 protein Pcf11 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PCF11 PE=1 SV=3	0	9,32	3	3	3	1	1555	172.9	8.48	5.81	3	High	
FALSO	High	Master Protein	Q9Y5Q8-3	Isoform 3 of General transcription factor 3C polypeptide 5 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=GTFC5	0	9,284	7	9	3	1	526	60.3	7.08	4.38	3	High	
FALSO	High	Master Protein	Q05D32	CTD small phosphatase-like protein 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CTDSP2 PE=1 SV=2	0	9,247	8	3	3	1	466	53	6.4	5.39	3	High	
FALSO	High	Master Protein	Q9BRZ2	E3 ubiquitin-protein ligase TRIM56 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TRIM56 PE=1 SV=3	0	9,222	6	9	3	1	755	81.4	7.74	7.71	3	High	
FALSO	High	Master Protein	Q9NZC9	SMI/SNF-related matrix-associated actin-dependent regulator of chromatin subfamily A-like protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SMARCAL1 PE=1 SV=1	0	9,204	4	3	3	1	954	105.9	9.06	7.01	3	High	
FALSO	High	Master Protein	Q9JUJ6-3	Isoform 3 of Drebrin-like protein OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DBNL	0	9,179	7	2	2	1	439	49	5.05	5.8	2	High	
FALSO	High	Master Protein	Q70UJQ-4	Isoform 4 of Inhibitor of nuclear factor kappa-B kinase-interacting protein OS=Homo sapiens OX=9606 GN=IKBIP	0	9,165	6	2	2	1	377	43.1	4.92	5.83	2	High	
FALSO	High	Master Protein	P53355-3	Isoform 3 of Death-associated protein kinase 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DAPK1	0	9,155	3	3	3	1	1440	161.1	6.87	5.04	3	High	
FALSO	High	Master Protein	P38606	V-type proton ATPase catalytic subunit A OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ATP9V1A PE=1 SV=2	0	9,147	4	2	2	1	617	68.3	5.52	5.85	2	High	
FALSO	High	Master Protein	Q9Y277-2	Isoform 2 of Voltage-dependent anion-selective channel protein 3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=VDAC3	0	9,129	7	2	2	1	284	30.8	8.66	4.83	2	High	
FALSO	High	Master Protein	Q9H571	Probable ATP-dependent RNA helicase DRX35 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DRX35 PE=1 SV=2	0	9,102	6	3	3	1	703	78.9	8.59	4.68	3	High	
FALSO	High	Master Protein	Q14739	Lamin-B receptor OS=Homo sapiens OX=9606 GN=LBR PE=1 SV=2	0	9,075	6	2	3	2	1	615	70.7	9.36	8.54	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q43148-2	Isoform 2 of mRNA cap guanine-47 methyltransferase OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RNMT	0	9,07	6	2	2	1	504	57.7	7.69	4.54	2	High	
FALSO	High	Master Protein	Q8XM2-3	Isoform 3 of Chromatin complexes subunit BAP18 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=BAP18	0	9,048	21	2	3	2	1	192	19.9	5.66	11.17	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q9JUP75	Eucyost complex component 7 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EOC7 PE=1 SV=3	0	9,042	5	3	3	1	735	83.3	6.79	5.18	3	High	
FALSO	High	Master Protein	P51948	CDK-activating kinase assembly factor MAT1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MINAT1 PE=1 SV=1	0	8,99	10	2	3	2	1	309	35.8	6.09	5.73	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q8N9M1	Uncharacterized protein C19orf47 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=C19orf47 PE=1 SV=1	0	8,966	7	2	2	1	422	44.7	10.11	5.8	2	High	
FALSO	High	Master Protein	P05412	Transcription factor AP-1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=JUN PE=1 SV=2	0	8,897	9	2	2	2	1	331	35.7	8.76	5.32	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q96N83	Zinc finger protein 830 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ZNF830 PE=1 SV=2	0	8,881	9	2	2	1	372	42	5.31	6.7	2	High	
FALSO	High	Master Protein	Q99519	Sialidase-1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NEU1 PE=1 SV=1	0	8,879	8	2	2	1	415	45.4	5.88	6.72	2	High	

FALSO	High	Master Protein	P04745	Alpha-amylase 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=AMY1A PE=1 SV=2	0	8,974	5	2	2	2	1	511	577	6,93	6,26	2	High
FALSO	High	Master Protein	P63272	Transcription elongation factor SPT4 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SUPT4H1 PE=1 SV=1	0	8,853	21	2	3	2	1	117	132	8,06	7,28	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q9UBQ5	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit K OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EIF3K PE=1 SV=1	0	8,839	13	2	3	2	1	218	25	4,93	5,99	2	High
FALSO	High	Master Protein	O12959-2	isoform 2 of Disks large homolog 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DLG1	0	8,821	5	3	3	3	1	926	103,3	5,92	2,96	3	High
FALSO	High	Master Protein	Q8NSW9	Refilin-8 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=REFLN8 PE=1 SV=1	0	8,813	12	2	2	2	1	214	22,9	5,44	5,82	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q9UBF2	Coatomer subunit gamma-2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=COPG2 PE=1 SV=1	0	8,756	4	2	2	1	1	871	97,6	5,81	7,44	2	High
FALSO	High	Master Protein	P98194-7	isoform 7 of Calcium-transporting ATPase type 2C, member 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ATP2C1	0	8,698	3	2	2	2	1	973	107,1	5,86	5,96	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q7IRC2-4	isoform 4 of La-related protein 4 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=LARP4	0	8,687	7	4	4	4	1	790	81,2	6,61	7,45	4	High
FALSO	High	Master Protein	O15291	Retinoblastoma-binding protein 5 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RBBP5 PE=1 SV=2	0	8,648	9	3	4	3	1	538	59,1	5,1	6,03	3	High
FALSO	High	Master Protein	P62910	60S ribosomal protein L32 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RPL32 PE=1 SV=2	0	8,63	13	2	3	2	1	135	15,9	11,33	5,94	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q8TDB6	E3 ubiquitin-protein ligase DTX3L OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DTX3L PE=1 SV=1	0	8,621	6	3	3	3	1	740	83,5	8,05	7,19	3	High
FALSO	High	Master Protein	Q8BSD7	Cancer-related nucleoside-triphosphatase OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NTPCR PE=1 SV=1	0	8,55	14	2	2	2	1	190	20,7	9,54	3,09	2	High
FALSO	High	Master Protein	P31948-2	isoform 2 of stress-induced-phosphoprotein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=STIP1	0	8,51	6	3	3	3	1	590	68	7,74	7,61	3	High
FALSO	High	Master Protein	O15504	Nucleoporin-like protein 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NUP12 PE=1 SV=1	0	8,506	14	3	3	3	1	423	44,8	9,19	8,26	3	High
FALSO	High	Master Protein	O15369	Elongin-C OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ELOC PE=1 SV=1	0	8,491	30	2	2	2	1	112	12,5	4,78	5,8	2	High
FALSO	High	Master Protein	P06746	DNA polymerase beta OS=Homo sapiens OX=9606 GN=POLB PE=1 SV=3	0	8,486	15	2	2	2	1	335	38,2	8,95	7,95	2	High
FALSO	High	Master Protein	O43791	Speckle-type POZ protein OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SPOP PE=1 SV=1	0	8,453	9	2	2	2	1	374	42,1	5,8	6,61	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q07157-2	isoform Short of Tight Junction protein ZO-1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TJP1	0	8,418	2	3	3	3	1	1668	186,9	6,79	7,53	3	High
FALSO	High	Master Protein	P12829	Myosin light chain 4 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MYL4 PE=1 SV=3	0	8,414	29	3	3	3	1	197	21,6	5,03	5,03	3	High
FALSO	High	Master Protein	Q9UQ13	Leucine-rich repeat protein SHOC2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SHOC2 PE=1 SV=2	0	8,412	4	2	2	2	1	582	64,8	8,46	3,31	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q9UBQ8	Brain-specific angiogenesis inhibitor 1-associated protein 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=BAIAP2 PE=1 SV=1	0	8,405	5	3	3	3	1	552	60,8	8,9	2,93	3	High
FALSO	High	Master Protein	P62854	40S ribosomal protein S26 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RP526 PE=1 SV=3	0	8,388	31	3	4	3	1	115	13	11	6,02	3	High
FALSO	High	Master Protein	P21796	Voltage-dependent anion-selective channel protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=VDAC1 PE=1 SV=2	0	8,385	12	3	3	2	1	283	30,8	8,54	4,44	3	High
FALSO	High	Master Protein	P08238	Heat shock protein HSP 90-beta OS=Homo sapiens OX=9606 GN=HSP90AB1 PE=1 SV=4	0	8,345	4	3	3	3	1	724	83,2	5,03	4,81	3	High
FALSO	High	Master Protein	P50454	Serpitin H1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SERP1H1 PE=1 SV=2	0	8,328	14	3	3	3	1	418	45,4	8,69	9,23	3	High
FALSO	High	Master Protein	Q8TCJ2	Dolichyl-diphosphooligosaccharide-protein glycosyltransferase subunit STT3B OS=Homo sapiens OX=9606 GN=STT3B PE=1 SV=1	0	8,313	5	4	4	3	1	826	93,6	8,91	3,05	4	High
FALSO	High	Master Protein	O75525	KH domain-containing, RNA-binding, signal transduction-associated protein 3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=KHDR653 PE=1 SV=1	0	8,31	9	4	4	4	2	346	38,8	7,61	3,99	4	High
FALSO	High	Master Protein	P05867	60S acidic ribosomal protein P2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RPLP2 PE=1 SV=1	0	8,285	39	2	3	2	1	115	11,7	4,54	7,97	2	High

FALSO	High	Master Protein	P18074	General transcription and DNA repair factor Ith helicase subunit XPD OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ERCC2 PE=1 SV=1	0	8,276	4	3	3	1	760	86,9	7,15	6,11	3 High
FALSO	High	Master Protein	P50750-2	Isoform 2 of Cyclin-dependent kinase 9 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CDK9	0	8,264	9	4	3	1	489	53,3	9,48	6,31	4 High
FALSO	High	Master Protein	Q9V490	Talin-1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TLN1 PE=1 SV=3 Transcription initiation factor TFIIID subunit 9 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TFIIID	0	8,243	2	3	3	1	2541	269,6	6,07	7,58	3 High
FALSO	High	Master Protein	Q16594	OX=9606 GN=TAI9 PE=1 SV=1 Monocarboxylate transporter 1 OS=Homo sapiens OX=9606	0	8,239	9	2	2	1	264	29	8,66	5,08	2 High
FALSO	High	Master Protein	P53985	GN=SLC16A1 PE=1 SV=3 Gem-associated protein 2 OS=Homo sapiens OX=9606	0	8,232	7	2	2	1	500	53,9	8,66	6,64	2 High
FALSO	High	Master Protein	O14893	GN=GEMIN2 PE=1 SV=1 Isoform 4 of Cold shock domain-containing protein E1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CSDE1	0	8,211	20	3	3	1	280	31,6	5,58	5,83	3 High
FALSO	High	Master Protein	O75534-4	sapiens OX=9606 GN=CSDE1 Histone-lysine N-methyltransferase EHMT2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EHMT2 PE=1 SV=3	0	8,21	4	3	3	1	844	93,7	6,52	4,96	3 High
FALSO	High	Master Protein	Q96K07	OX=9606 GN=EHMT2 PE=1 SV=3 Microtubule-associated protein 2 OS=Homo sapiens OX=9606	0	8,194	4	3	3	1	1210	132,3	5,45	7,35	3 High
FALSO	High	Master Protein	P11137	GN=MAP2 PE=1 SV=4 Fibronectin type III and SPRY domain-containing protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=FSD1 PE=1 SV=1	0	8,185	1	2	2	1	1827	199,4	4,91	5,36	2 High
FALSO	High	Master Protein	Q9RTV5	Transcriptional regulator ATRX OS=Homo sapiens OX=9606	0	8,175	5	2	2	1	496	55,8	6,99	5,55	2 High
FALSO	High	Master Protein	P46100	GN=ATRX PE=1 SV=5 YTH domain-containing family protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=YTHDF1 PE=1 SV=1	0	8,145	2	2	2	1	2492	287,4	6,58	8,13	2 High
FALSO	High	Master Protein	Q9BY19	OX=9606 GN=YTHDF1 PE=1 SV=1 Isoform 2 of Leucine-rich repeat and calponin homology domain-containing protein 3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=LRCB	0	8,142	7	3	4	1	559	60,8	8,79	4,78	3 High
FALSO	High	Master Protein	Q9618-2	Histone deacetylase complex subunit SAP30 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SAP30 PE=1 SV=1	0	8,121	4	2	2	1	803	89,1	6,7	3,01	2 High
FALSO	High	Master Protein	O75446	Regulation of nuclear pre-mRNA domain-containing protein 1A OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RRD1A PE=1 SV=1	0	8,071	14	2	2	1	220	23,3	9,17	5,58	2 High
FALSO	High	Master Protein	Q96P16	Aminocycli tRNA synthase complex-interacting multifunctional protein 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=AIMP2 PE=1 SV=2 DNA topoisomerase 2-binding protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TOPBP1 PE=1 SV=3	0	8,056	7	2	2	1	320	35,3	8,22	5,5	2 High
FALSO	High	Master Protein	Q93A5	Ribosome maturation protein SBDS OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SBDS PE=1 SV=4 Mediator of RNA polymerase II transcription subunit 23 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MED23 PE=1 SV=2	0	8,037	2	3	3	1	1522	170,6	6,96	7,08	3 High
FALSO	High	Master Protein	Q9ULK4	RNA-binding motif, single-stranded-interacting protein 3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RSME3 PE=1 SV=1 60S ribosomal protein L21 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RL21 PE=1 SV=2	0	8,035	11	3	3	1	250	28,7	8,75	6,07	3 High
FALSO	High	Master Protein	P46778	Tricarboxylate transport protein, mitochondrial OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SLC25A1 PE=1 SV=2	0	8,025	2	3	3	1	1368	156,4	7,4	4,28	3 High
FALSO	High	Master Protein	P53007	Isoform 2 of FERM, ARHGAP and pleckstrin domain-containing protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=FAFP1 Small nuclear ribonucleoprotein F OS=Homo sapiens OX=9606	0	8,025	7	2	2	1	437	47,8	8,03	6,5	2 High
FALSO	High	Master Protein	P62306	GN=SNRPF PE=1 SV=1 Zinc finger protein 93 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ZNF93 PE=2 SV=4	0	8,009	16	2	5	2	160	18,6	10,49	12,1	2 High
FALSO	High	Master Protein	P35789	Stress-70 protein, mitochondrial OS=Homo sapiens OX=9606 GN=HSPA9 PE=1 SV=2	0	8,006	11	3	3	1	311	34	9,89	3,3	3 High
FALSO	High	Master Protein	P38646	Structural maintenance of chromosomes protein 4 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SMC4 PE=1 SV=2 Protein SDA1 homolog OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SDA1 PE=1 SV=3	0	7,992	3	2	2	1	1076	122	8,48	5,24	2 High
FALSO	High	Master Protein	Q9MT13	GN=SNRPF PE=1 SV=1 Zinc finger protein 93 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ZNF93 PE=2 SV=4	0	7,973	24	2	2	1	86	9,7	4,67	5,72	2 High
FALSO	High	Master Protein	Q9NW17	Stress-70 protein, mitochondrial OS=Homo sapiens OX=9606 GN=HSPA9 PE=1 SV=2	0	7,962	3	2	2	1	620	70,9	9,28	5,18	2 High
FALSO	High	Master Protein	Q9MT13	Structural maintenance of chromosomes protein 4 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SMC4 PE=1 SV=2 Protein SDA1 homolog OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SDA1 PE=1 SV=3	0	7,893	6	3	3	1	679	73,6	6,16	5,07	3 High
FALSO	High	Master Protein	Q9NW17	Stress-70 protein, mitochondrial OS=Homo sapiens OX=9606 GN=HSPA9 PE=1 SV=2	0	7,859	2	3	3	1	1288	147,1	6,79	3,77	3 High
FALSO	High	Master Protein	Q9NW17	Stress-70 protein, mitochondrial OS=Homo sapiens OX=9606 GN=HSPA9 PE=1 SV=2	0	7,763	3	3	3	1	687	79,8	9,25	2,06	3 High

FALSO	High	Master Protein	Q9H0C3	Integrin-linked kinase-associated serine/threonine phosphatase 2C OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ILKAP PE=1 SV=1	0	7,736	6	2	2	1	392	42,9	7,09	2,7	2	High	
FALSO	High	Master Protein	Q9H4H8	Protein FAM83D OS=Homo sapiens OX=9606 GN=FAM83D PE=1 SV=3	0	7,703	4	2	2	1	585	64,4	5,54	5,38	2	High	
FALSO	High	Master Protein	Q9P5Z2	Serine/threonine-protein kinase M3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PKN3 PE=1 SV=1	0	7,7	3	2	2	1	889	99,4	8,46	6,37	2	High	
FALSO	High	Master Protein	P84103	Serine/arginine-rich splicing factor 3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SRSF3 PE=1 SV=1	0	7,659	29	3	3	1	164	19,3	11,65	8,62	3	High	
FALSO	High	Master Protein	Q96N06	Zinc finger protein 3 homolog OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ZFP3 PE=1 SV=1	0	7,635	6	2	2	1	502	57,6	7,34	3,3	2	High	
FALSO	High	Master Protein	Q9UJX5-3	Form 3 of Anaphase-promoting complex subunit 4 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ANAPC4	0	7,632	2	2	2	1	809	92,2	5,53	5,86	2	High	
FALSO	High	Master Protein	P30153	Serine/threonine-protein phosphatase 2A 65 kDa regulatory subunit A alpha isoform OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PPP2R1A PE=1 SV=4	0	7,617	4	2	2	1	589	65,3	5,11	2,73	2	High	
FALSO	High	Master Protein	Q9Y312	Protein AAR2 homolog OS=Homo sapiens OX=9606 GN=AAR2 PE=1 SV=2	0	7,609	8	2	2	1	384	43,4	5,96	5,92	2	High	
FALSO	High	Master Protein	Q9IAN0	Dehydrogenase/reductase SDR family member 7B OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DHR7B PE=1 SV=2	0	7,58	6	2	2	1	325	35,1	9,55	4,71	2	High	
FALSO	High	Master Protein	Q95232	Luc7-like protein 3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=LUC7L3 PE=1 SV=2	0	7,577	6	2	2	1	432	51,4	9,79	5,39	2	High	
FALSO	High	Master Protein	Q69D47	Male-specific lethal 1 homolog OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MSL1 PE=1 SV=3	0	7,559	5	2	2	1	614	67,1	8,92	6,08	2	High	
FALSO	High	Master Protein	P46779-3	Form 3 of 60S ribosomal protein L28 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RPL28	0	7,547	19	3	4	3	1,69	19,1	10,83	5,43	3	High	
FALSO	High	Master Protein	Q96P66	Leukocyte receptor cluster member 8 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=LENG8 PE=1 SV=3	0	7,536	5	2	2	1	800	86,1	9,11	5,94	2	High	
FALSO	High	Master Protein	P10588	Nuclear receptor subfamily 2 group F member 6 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NR2F6 PE=1 SV=2	0	7,492	5	2	2	1	404	43	7,78	4,99	2	High	
FALSO	High	Master Protein	P25440-2	Form 2 of bromodomain-containing protein 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=BRD2	0	7,48	5	3	3	2	836	92	9,13	7,19	3	High	
FALSO	High	Master Protein	Q9UEG4	Zinc finger protein 629 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ZNF629 PE=1 SV=2	0	7,405	4	3	3	1	869	96,6	7,95	4,56	3	High	
FALSO	High	Master Protein	Q9BWJ5	Splicing factor 3B subunit 5 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SF3B5 PE=1 SV=1	0	7,403	41	2	2	1	86	10,1	6,35	5,53	2	High	
FALSO	High	Master Protein	P5998-2	Form 2 of Actin-related protein 2/3 complex subunit 4 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ARPC4	0	7,399	3	2	2	1	625	71,7	5,88	5,25	2	High	
FALSO	High	Master Protein	Q95707	Ribonuclease P protein subunit p29 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=POP4 PE=1 SV=2	0	7,393	9	3	3	1	220	25,4	10,07	6,69	3	High	
FALSO	High	Master Protein	P49754	Vacuolar protein sorting-associated protein 41 homolog OS=Homo sapiens OX=9606 GN=VP41 PE=1 SV=3	0	7,364	3	3	3	1	854	98,5	5,85	6,43	3	High	
FALSO	High	Master Protein	Q9UPP1	Histone lysine demethylase PHF8 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PHF8 PE=1 SV=3	0	7,357	3	3	3	1	1060	117,8	8,72	6,04	3	High	
FALSO	High	Master Protein	P35227	Polycomb group RING finger protein 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PCGF2 PE=1 SV=1	0	7,323	7	3	3	1	344	37,8	7,96	2,63	3	High	
FALSO	High	Master Protein	Q15906-2	Form 2 of Vacuolar protein sorting-associated protein 72 homolog OS=Homo sapiens OX=9606 GN=VP572	0	7,307	13	3	3	1	375	41,8	6,67	4,82	3	High	
FALSO	High	Master Protein	Q9HBM6	Transcription initiation factor TFIIID subunit 9B OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TF9B PE=1 SV=1	0	7,276	18	3	3	2	251	27,6	9,55	6,04	3	High	
FALSO	High	Master Protein	Q95B19-3	Form 3 of Mitogen-activated protein kinase kinase kinase 4 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MAP4K4	0	7,265	4	3	3	2	1,320	150,9	7,42	4,96	3	High	
FALSO	High	Master Protein	P19237	Troponin I, slow skeletal muscle OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TNNT1 PE=1 SV=3	0	7,238	10	2	2	1	187	21,7	9,58	4,46	2	High	
FALSO	High	Master Protein	Q9HDA5	Transmembrane 9 superfamily member 3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TM9SF3 PE=1 SV=2	0	7,236	4	2	2	2	1	589	67,8	7,21	5	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q96E44	THAP domain-containing protein 11 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=THAP11 PE=1 SV=2	0	7,233	8	3	3	1	314	34,4	8,98	2,96	3	High	
FALSO	High	Master Protein	Q95243	Methyl-CpG-binding domain protein 4 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MBD4 PE=1 SV=1	0	7,22	6	3	3	1	580	66	8,82	6,7	3	High	

FALSO	High	Master Protein	P12931-2	Isoform 2 of Proto-oncogene tyrosine-protein kinase Src	0	7,196	7	3	3	1	1	542	60.6	7.84	5.3	3	High
FALSO	High	Master Protein	Q9H0E3-3	Isoform 3 of Histone deacetylase complex subunit SAP130	0	7,175	2	2	2	2	1	1083	113.9	9.91	2.98	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q13535	Serine/threonine-protein kinase ATR OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ATR PE=1 SV=3	0	7,159	1	3	3	3	1	2644	301.2	7.43	4.57	3	High
FALSO	High	Master Protein	P63096	Guanine nucleotide-binding protein G(i) subunit alpha-1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=GNAI1 PE=1 SV=2	0	7,149	7	2	2	2	1	354	40.3	5.97	5.13	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q9H147	Deoxynucleotidyltransferase terminal-interacting protein 1	0	7,133	9	2	2	2	1	329	37	8.97	3.12	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q8ND8-5	Isoform 5 of Non-canonical poly(A) RNA polymerase PAPD5	0	7,093	4	2	2	2	1	698	75.8	9.38	5.41	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q9NW11	p21-activated protein kinase-interacting protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PAK1P1 PE=1 SV=2	0	7,082	5	2	2	2	1	392	43.9	8.91	4.99	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q70A17	Chondroitin sulfate synthase 3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CHSY3 PE=2 SV=3	0	7,071	5	2	2	2	1	882	100.2	8.75	6.41	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q8WVK9	Cytoskeleton-associated protein 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CKAP2 PE=1 SV=1	0	7,065	7	4	4	4	1	683	76.9	9.41	6.67	4	High
FALSO	High	Master Protein	Q93050-3	Isoform 3 of V-type proton ATPase 116 kDa subunit a isoform 1	0	7,039	3	2	2	2	1	838	96.5	6.64	4.61	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q9WQ11-2	Isoform 2 of Myosin phosphatase Rho-interacting protein	0	7,002	3	2	2	2	1	1038	118	6.39	5.07	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q915X1	Sorting nexin-9 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SNX9 PE=1 SV=1	0	7,001	5	2	2	2	1	595	66.6	5.58	2.95	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q9NPS0	SIN3-HDAC complex-associated factor OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SNHCAF PE=1 SV=1	0	6,974	10	2	2	2	1	221	24.8	9.41	2.85	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q96FK6	WD repeat-containing protein 89 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=WDR89 PE=2 SV=1	0	6,954	9	2	2	2	1	387	43.2	6.13	5.88	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q96N64	PWWP domain-containing protein 2A OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PWNP2A PE=1 SV=2	0	6,887	5	2	2	2	1	755	81.9	9	5.89	2	High
FALSO	High	Master Protein	P78524	Suppression of tumorigenicity 5 protein OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ST5 PE=1 SV=3	0	6,766	2	2	2	2	1	1137	126.4	9.25	2.86	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q75251	NADH dehydrogenase [ubiquinone] iron-sulfur protein 7, mitochondrial OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NDUJF7 PE=1 SV=3	0	6,728	11	2	2	2	1	213	23.5	9.99	6	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q70218	Xin actin-binding repeat-containing protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=XIRP1 PE=1 SV=1	0	6,666	2	3	3	3	1	1843	198.4	6.15	4.56	3	High
FALSO	High	Master Protein	Q9NR50	Translation initiation factor eIF-2B subunit gamma OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EIF2B3 PE=1 SV=1	0	6,628	6	2	2	2	1	452	50.2	6.47	5.1	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q5T0B9	Zinc finger protein 362 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ZNF362 PE=1 SV=1	0	6,568	5	2	2	2	1	420	45.8	9.64	4.25	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q9UGR2	Zinc finger CCHC domain-containing protein 7B OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ZCFH7B PE=1 SV=1	0	6,555	3	2	2	2	1	993	111.5	7.17	5.09	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q97ZK7-3	Isoform 3 of ARF GTPase-activating protein GIT1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=GIT1	0	6,545	3	2	2	2	1	770	85.4	7.01	4.95	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q60934	Nibrin OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NBN PE=1 SV=1	0	6,541	2	2	2	2	1	754	84.9	9.9	4.94	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q92733	Prolin-rich protein PRCC OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PRCC PE=1 SV=1	0	6,532	6	2	3	2	1	491	52.4	5.1	3.78	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q5VT52	Regulation of nuclear pre-mRNA domain-containing protein 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RFID2 PE=1 SV=1	0	6,514	2	2	2	2	1	1461	155.9	7.42	5.81	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q6PI9	GATOR complex protein WDR59 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=WDR59 PE=1 SV=2	0	6,507	3	2	2	2	1	974	109.7	7.91	3	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q9UHK0	Nuclear fragile X mental retardation-interacting protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NUFIP1 PE=1 SV=2	0	6,473	6	3	3	3	1	495	56.3	9.13	2.08	3	High
FALSO	High	Master Protein	Q9BWU1	Cyclin-dependent kinase 19 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CDK19 PE=1 SV=1	0	6,43	4	2	2	2	1	502	56.8	8.53	5.12	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q9Y3E5	Peptidyl-L-prolyl isomerase 2, mitochondrial OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PTRH2 PE=1 SV=1	0	6,429	11	2	2	2	1	179	19.2	8.73	2.2	2	High

FALSO	High	Master Protein	QBTEWD	Partitioning defective 3 homolog OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PARDS PE=1 SV=2	0	6,426	2	2	2	1	1356	151.3	7.68	5.32	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q9YSA9	YTH domain-containing family protein 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=YTHDF2 PE=1 SV=2	0	6,419	9	2	2	1	579	62.3	8.79	6.01	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q9UL54	Serine/threonine protein kinase TA02 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TADK2 PE=1 SV=2	0	6,411	2	2	2	1	1235	138.2	7.27	4.44	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q14232	Translation initiation factor eIF-2B subunit alpha OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EIF2B1 PE=1 SV=1	0	6,4	6	2	2	1	305	33.7	7.33	2.22	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q96F86	Enhancer of mRNA-decapping protein 3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EDC3 PE=1 SV=1	0	6,356	7	2	2	1	508	56	7.11	5.51	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q14781	Chromobox protein homolog 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CBX2 PE=1 SV=2	0	6,343	8	3	3	1	532	56	10.01	6.3	3	High
FALSO	High	Master Protein	Q9P2W1	Homologous-pairing protein 2 homolog OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PSM(C3)P PE=1 SV=1	0	6,332	16	2	2	1	217	24.9	7.81	5.74	2	High
FALSO	High	Master Protein	P57737-3	Isoform 3 of Coronin-7 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CORO7	0	6,314	2	2	2	1	1048	114.1	6.33	3.15	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q9H9F9	Actin-related protein 3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ACTR3 PE=1 SV=2	0	6,313	5	2	2	1	607	68.3	5.27	5.75	2	High
FALSO	High	Master Protein	O60563	Cyclin-T1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CCNT1 PE=1 SV=1	0	6,294	4	2	2	1	726	80.6	8.78	5.41	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q96CU9	FAD-dependent oxidoreductase domain-containing protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=FOXRED1 PE=1 SV=2	0	6,294	4	2	2	1	486	53.8	7.78	4.59	2	High
FALSO	High	Master Protein	P55036	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 4 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PSMD4 PE=1 SV=1	0	6,276	9	2	2	1	377	40.7	4.79	5.24	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q9NUJ1	Peroxisomal 2,4-dienoyl-CoA reductase OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DEC2 PE=1 SV=1	0	6,258	12	3	3	1	292	30.8	9.22	4.11	3	High
FALSO	High	Master Protein	Q9NY18	FAST kinase domain-containing protein 2, mitochondrial OS=Homo sapiens OX=9606 GN=FASTK02 PE=1 SV=1	0	6,23	4	2	2	1	710	84.4	8.05	5.4	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q9BQZ5	Protein CMSS1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CMSS1 PE=1 SV=2	0	6,228	8	2	3	2	279	31.9	9.19	4.98	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q9ND90	Paraneoplastic antigen Msa1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PNMA1 PE=1 SV=2	0	6,226	10	3	3	2	353	39.7	4.83	4.21	3	High
FALSO	High	Master Protein	Q9BVG4	Protein PBDC1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PBDC1 PE=1 SV=1	0	6,19	11	2	2	1	233	26	4.79	5.86	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q85VQ8	Caprine-8 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CPNES PE=1 SV=2	0	6,174	6	2	2	1	564	63.1	5.96	4.96	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q9BWA9-1	Isoform 1 of Fancconi anemia group D2 protein OS=Homo sapiens OX=9606 GN=FANCD2	0	6,146	2	2	2	1	1471	166.4	6.24	5.64	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q9HG73	RNA polymerase II-associated protein 3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RPAP3 PE=1 SV=2	0	6,137	5	2	2	1	665	75.7	6.84	6.47	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q9NQ57	Inner centromere protein OS=Homo sapiens OX=9606 GN=INCENP PE=1 SV=3	0	6,127	5	3	3	1	918	105.4	9.44	4.84	3	High
FALSO	High	Master Protein	Q8WY26	HMG box transcription factor BBX OS=Homo sapiens OX=9606 GN=BBX PE=1 SV=1	0	6,113	3	2	2	1	941	105.1	8.79	2.98	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q9NUU7	ATP-dependent RNA helicase DDX19A OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DDX19A PE=1 SV=1	0	6,1	10	2	2	1	478	33.9	6.58	5.25	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q13523	Serine/threonine-protein kinase PRP4 homolog OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PRPF4B PE=1 SV=3	0	6,099	3	3	3	1	1007	116.9	10.26	2.31	3	High
FALSO	High	Master Protein	P62899-2	Isoform 2 of 60S ribosomal protein L31 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RPL31	0	6,022	14	2	2	1	128	14.6	10.8	2.22	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q72333-4	Isoform 4 of Probable helicase senataxin OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SETX	0	6,01	1	3	3	1	2706	306.1	7.24	6.24	3	High
FALSO	High	Master Protein	Q2M1K9	Zinc finger protein 423 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ZNF423 PE=1 SV=1	0	5,984	2	2	2	1	1284	144.5	6.89	0	2	High
FALSO	High	Master Protein	O56N19	N-acetyltransferase ESCO2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ESCO2 PE=1 SV=1	0	5,96	6	3	3	1	601	68.3	9.39	5.1	3	High
FALSO	High	Master Protein	Q8NEV8	Periplakin-1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PPHLN1 PE=1 SV=2	0	5,941	6	2	2	1	458	52.7	9.11	4.92	2	High

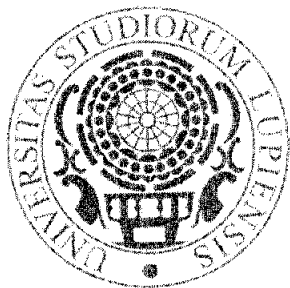
FALSO	High	Master Protein	Q06830	Peroxiredoxin-1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PRDX1 PE=1 SV=1	0	5,923	15	3	3	3	1	199	22,1	8,13	3,95	3	High
FALSO	High	Master Protein	Q5T853	PHD finger protein 19 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PHF19 PE=1 SV=1	0	5,902	4	2	2	2	1	580	65,5	8,84	3,21	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q71590	Protein MCM10 homolog OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MCM10 PE=1 SV=2	0	5,9	5	2	2	2	1	875	98,1	8,75	5,65	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q9P253	Vacuolar protein sorting-associated protein 13 homolog OS=Homo sapiens OX=9606 GN=VPS18 PE=1 SV=2	0	5,892	2	2	2	2	1	973	110,1	6,07	5,6	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q9MAU4	E3 ubiquitin-protein ligase SMURF2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SMURF2 PE=1 SV=1	0	5,878	3	2	2	2	1	748	86,1	7,96	4,45	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q9JBO6	Exostosin-like 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EXTL2 PE=1 SV=1	0	5,816	5	2	2	2	1	330	37,4	8,95	4,46	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q92615	La-related protein 4B OS=Homo sapiens OX=9606 GN=LARP4B PE=1 SV=3	0	5,792	3	2	2	2	1	738	80,5	6,92	3,04	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q51TV8-3	Isoform 3 of Torsin-1A-interacting protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TOR1AIP1	0	5,772	4	2	2	2	1	584	66,3	8,18	4,62	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q7L2H7	Eukaryote translation initiation factor 3 subunit M OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EIF3M PE=1 SV=1	0	5,765	9	2	2	2	1	374	42,5	5,63	5,9	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q9HDC5	Junctophilin-1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=JPH1 PE=1 SV=2	0	5,752	4	2	2	2	1	661	71,6	9,32	5,42	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q8X11	Mitochondrial Rho GTPase 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RHO2 PE=1 SV=2	0	5,742	4	2	2	2	1	618	68,1	5,86	2,93	2	High
FALSO	High	Master Protein	P43034	Platelet-activating factor acetylhydrolase 1B subunit alpha OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PAFAH1B1 PE=1 SV=2	0	5,729	9	2	2	2	1	410	46,6	7,37	5,71	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q8UNY4	Transcription termination factor 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TTF2 PE=1 SV=2	0	5,704	2	2	2	2	1	1162	129,5	8,37	2,46	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q9UB85	Methyl-CpG-binding domain protein 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MBD2 PE=1 SV=1	0	5,682	6	2	2	2	1	411	43,2	10,04	5,92	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q8N531	F-box/LRR-repeat protein 6 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=FBXL6 PE=2 SV=1	0	5,661	5	2	2	2	1	539	58,6	9,29	2,86	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q86PU4	E3 ubiquitin-protein ligase UHRF2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=UHRF2 PE=1 SV=1	0	5,654	4	3	5	1	1	802	89,9	8,21	6,8	3	High
FALSO	High	Master Protein	P00749	Urokinase-type plasminogen activator OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PLAU PE=1 SV=2	0	5,623	4	2	2	2	1	431	48,5	8,41	1,99	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q9JLD4	Bromodomain and PHD finger-containing protein 3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=BRPF3 PE=1 SV=2	0	5,621	2	2	2	2	1	1205	135,7	6,58	5,04	2	High
FALSO	High	Master Protein	P12107-2	Isoform B of Collagen alpha-1(X) chain OS=Homo sapiens OX=9606 GN=COL1A1	0	5,621	2	2	2	2	1	1818	182,3	6,06	6,58	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q9BXF3	Cat eye syndrome critical region protein 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CSCR2 PE=1 SV=2	0	5,616	1	2	2	2	1	1484	164,1	6,98	4,21	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q15361	Transcription termination factor 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TTF1 PE=1 SV=3	0	5,558	2	2	2	2	1	905	103	9,38	3,7	2	High
FALSO	High	Master Protein	P46940	Ras GTPase-activating-like protein IQGAP1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=IQGAP1 PE=1 SV=1	0	5,548	1	2	2	2	1	1857	185,1	6,48	2,38	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q9JLH0	Kinase D-interacting substrate of 220 kDa OS=Homo sapiens OX=9606 GN=KIDINS220 PE=1 SV=3	0	5,492	1	2	2	2	1	1771	196,4	6,62	4,84	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q12907	Vesicular integral-membrane protein VIP36 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=IMAN2 PE=1 SV=1	0	5,468	11	2	2	2	1	356	40,2	6,95	4,67	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q99873	Protein arginine N-methyltransferase 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PRMT1 PE=1 SV=3	0	5,467	8	2	2	2	1	371	42,4	5,35	4,35	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q8IWR0	Zinc finger CCHC domain-containing protein 7A OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ZC3H7A PE=1 SV=1	0	5,463	2	2	2	2	1	971	110,5	7,3	4,37	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q15155	Nodal modulator 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NOMO1 PE=1 SV=5	0,002	5,379	2	2	2	2	1	1222	134,2	5,81	5,06	2	High
FALSO	High	Master Protein	P29375	Lysine-specific demethylase 5A OS=Homo sapiens OX=9606 GN=KDM5A PE=1 SV=3	0,002	5,365	2	2	2	2	1	1890	192	6,49	6	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q01484	Ankyrin-2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ANK2 PE=1 SV=4	0,002	5,362	1	3	3	2	1	3857	433,4	5,14	1,67	3	High

FALSO	High	Master Protein	Q9UJH6	Probable ATP-dependent RNA helicase DDX20 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DDX20 PE=1 SV=2	0,002	5,312	2	2	2	1	824	92,2	6,95	2,07	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q43293	Death-associated protein kinase 3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DAPK3 PE=1 SV=1	0,002	5,307	7	2	2	1	454	52,5	6,89	2,96	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q96DF8	Splicing factor ESS-2 homolog OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ESS2 PE=1 SV=1	0,002	5,273	5	2	2	1	476	52,5	7,56	2,49	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q3A8V3-3	Isoform 3 of Protein ECT2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ECT2	0,002	5,263	4	3	3	1	958	108,5	8,07	4,91	3	High
FALSO	High	Master Protein	Q14592	Zinc finger protein 460 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ZNF460 PE=1 SV=2	0,002	5,254	5	2	2	1	562	63,6	7,01	2,12	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q4G0J3-3	Isoform 3 of Le-related protein 7 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=LARP7	0,002	5,252	4	2	2	1	589	67,6	9,54	2,57	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q13616	Cullin-1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CUL1 PE=1 SV=2	0,002	5,22	4	2	2	1	776	89,6	8	5,23	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q60476	Mannosyl-oligosaccharide 1,2-alpha-mannosidase IB OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MAN1A2 PE=1 SV=1	0,002	5,202	6	2	2	1	641	73	7,61	3,28	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q9NS73	MAP3K12-binding inhibitory protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MBIP PE=1 SV=2	0,002	5,192	6	2	2	1	344	39,3	7,24	4,29	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q9UMY1	Nucleolar protein 7 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NOL7 PE=1 SV=2	0,002	5,191	11	2	2	1	257	29,4	9,67	5,18	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q14936	Peripheral plasma membrane protein CASK OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CASK PE=1 SV=3	0,002	5,134	2	3	3	1	926	105,1	6,43	4,19	3	High
FALSO	High	Master Protein	Q01167	Forhead box protein K2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=FOXK2 PE=1 SV=3	0,002	5,134	2	2	3	1	660	69	9,54	2,07	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q14147	Probable ATP-dependent RNA helicase DHX34 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DHX34 PE=1 SV=2	0,002	5,117	2	2	3	2	1143	128	7,56	4,69	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q5SVZ6	Zinc finger MYM-type protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ZMYM1 PE=1 SV=1	0,003	5,107	1	2	2	1	1142	128,6	7,44	2,41	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q8N442	Translation factor GUF1, mitochondrial OS=Homo sapiens OX=9606 GN=GUF1 PE=1 SV=1	0,003	5,094	5	2	2	1	669	74,3	8,59	3,57	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q9Y6I9	TAF6-like RNA polymerase II p300/CBP-associated factor-associated factor 65 kDa subunit 6L OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TAF6L PE=1 SV=1	0,003	5,09	6	2	2	1	622	67,8	8,97	5,79	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q96ZB-2	Isoform 2 of Mikrosphlerin protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MKRS1	0,003	5,075	5	2	2	1	475	53	9,55	5,02	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q9NY12	N/ACA ribonucleoprotein complex subunit 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=GAR1 PE=1 SV=1	0,003	5,043	9	2	2	1	217	22,3	10,92	2,63	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q05455	Lupus La protein OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SSB PE=1 SV=2	0,003	5,027	5	2	2	1	408	46,8	7,12	3,53	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q95714	E3 ubiquitin-protein ligase HERC2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=HERC2 PE=1 SV=2	0,003	5,014	1	3	3	1	4834	526,9	6,28	4,53	3	High
FALSO	High	Master Protein	Q1D469	Alpha-1,6-mannosylglycoprotein 2-beta-N-acetylglucosaminyltransferase OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MGAT2 PE=1 SV=1	0,003	5,012	3	2	2	1	447	51,5	8,76	2,01	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q95391	Pre-mRNA-splicing factor SLU7 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SLU7 PE=1 SV=2	0,003	4,984	6	2	2	1	586	69,3	7,14	5,28	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q99081-3	Isoform 3 of Transcription factor 12 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TCF12	0,003	4,975	4	2	2	1	706	75,8	6,9	2,84	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q92674	Centromere protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CENPI PE=1 SV=2	0,003	4,939	2	2	2	1	756	86,7	8,76	2,09	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q06330	Recombining binding protein suppressor of hairless OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RBPI PE=1 SV=3	0,003	4,928	5	3	3	1	500	55,6	7,18	5,95	3	High
FALSO	High	Master Protein	Q14993	Collagen alpha-1(MX) chain OS=Homo sapiens OX=9606 GN=COL19A1 PE=1 SV=3	0,003	4,913	2	2	2	1	1142	115,1	8,32	4,12	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q60524	Nuclear export mediator factor NEMF OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NEMF PE=1 SV=4	0,003	4,898	2	2	2	1	1076	122,9	6,35	2,5	2	High
FALSO	High	Master Protein	P35222	Catenin beta-1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CTNBN1 PE=1 SV=1	0,003	4,88	3	2	2	1	781	85,4	5,86	4,12	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q5YK3	Proteasome adapter and scaffold protein ECM29 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EC29 PE=1 SV=2	0,005	4,869	1	2	2	1	1845	204,2	7,12	2,71	2	High

FALSO	High	Master Protein	O15921	Transmembrane 9 superfamily member 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TM9SF1 PE=2 SV=2	6	2	2	1	606	69.8	7.17	5.23	2	High
FALSO	High	Master Protein	O75529	TAF5-like RNA polymerase II p300/CBP-associated factor-associated factor 65 kDa subunit 5L OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TA5L1 PE=1 SV=1	4	2	2	1	589	66.1	5.88	5.04	2	High
FALSO	High	Master Protein	O96HW7	Integrator complex subunit 4 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=INTS4 PE=1 SV=2	4	2	2	1	963	108.1	6.44	5.18	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q12926	ELAV-like protein 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ELAVL2 PE=1 SV=2	6	2	3	1	359	39.5	9.13	6.37	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q96D77	Zinc finger and BTB domain-containing protein 10 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ZBTB10 PE=1 SV=2	2	2	2	1	871	94.8	5.16	4.04	2	High
FALSO	High	Master Protein	P53992	Protein transport protein Sec24C OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SEC24C PE=1 SV=3	2	2	2	1	1094	118.2	7.05	4.03	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q15370-2	Isoform 2 of Elongin-B OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ELB	29	2	2	1	161	17.9	6.1	6.41	2	High
FALSO	High	Master Protein	O8ND04-2	Isoform 2 of Protein SMG8 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SMG8	2	2	2	1	1023	113.3	7.68	1.96	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q9BYD6	39S ribosomal protein L1, mitochondrial OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MRP11 PE=1 SV=2	5	2	2	1	325	36.9	8.78	1.99	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q9BWT3	Poly(A) polymerase gamma OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PAPOLG PE=1 SV=2	5	3	3	1	735	82.8	9.14	5.68	3	High
FALSO	High	Master Protein	Q9UM56-2	Isoform 2 of Synaptopodin-2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SYNPO2	3	2	2	1	1261	136.3	8.79	5.06	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q15113	Procollagen C-endopeptidase enhancer 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PCOLCE PE=1 SV=2	6	2	2	1	449	47.9	7.43	1.91	2	High
FALSO	High	Master Protein	P31146	Coronin-1A OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CORO1A PE=1 SV=4	5	2	2	1	461	51	6.68	4.94	2	High
FALSO	High	Master Protein	P24941	Cyclin-dependent kinase 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CDK2 PE=1 SV=2	8	2	2	1	298	33.9	8.68	3.93	2	High
FALSO	High	Master Protein	P63165	Small ubiquitin-related modifier 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SUMO1 PE=1 SV=1	19	2	2	1	101	11.6	5.52	4.03	2	High
FALSO	High	Master Protein	P82930	28S ribosomal protein S34, mitochondrial OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MRP534 PE=1 SV=2	7	2	2	1	218	25.6	9.98	1.84	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q9UKES	TRAF2 and NCK-interacting protein kinase OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TNFRK PE=1 SV=1	1	2	2	1	1360	154.8	7.17	0	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q9UHL9-3	Isoform 3 of General transcription factor II-1 repeat domain-containing protein 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=GT2IRD1 Nodal modulator 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NOMO2 PE=1 SV=1	2	2	2	1	976	107.9	7.21	1.65	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q5IPE7	Isoform 2 of GRB10-interacting GYF protein 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=IGYF2	2	2	2	1	1096	120.7	9.17	6.11	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q6Y7W6-3	Lysine-specific demethylase PHF2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PHF2 PE=1 SV=4	5	2	2	1	521	57.9	4.96	4.76	2	High
FALSO	High	Master Protein	O75151	Importin subunit alpha-3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=KPNA4 PE=1 SV=1	5	2	2	1	521	57.9	4.96	4.76	2	High
FALSO	High	Master Protein	O00629	Importin subunit alpha-4 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=KPNA3 PE=1 SV=2	5	2	2	1	521	57.8	4.94	2.68	2	High
FALSO	High	Master Protein	O00505	Dishevelled-associated activator of morphogenesis 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DAA1 PE=1 SV=2	2	2	2	1	1078	123.4	7.23	4.88	2	High
FALSO	High	Master Protein	O9V4D1	Exocyst complex component 8 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=EXO3 PE=1 SV=2	3	2	2	1	725	81.7	5.49	3.78	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q8YH16	Probable ATP-dependent RNA helicase DDX23 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DDX23 PE=1 SV=3	2	2	2	1	820	95.5	9.55	2.02	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q9BUQ8	Isoform 2 of Chromatin target of PRMT1 protein OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CHTOP	12	2	2	1	249	26.5	12.23	4.58	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q9V3V2-3	Mediator of RNA polymerase II transcription subunit 4 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ME4 PE=1 SV=1	12	2	2	1	270	29.7	5.1	5.02	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q9NPJ6	Isoform 2 of Cullin-2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CUL2	2	2	2	1	764	89.4	7.11	1.61	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q13617-2		2	2	2	1	403	4.03				

FALSO	High	Master Protein	Q9BZF1	Oxysterol-binding protein-related protein 8 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=OSRPL8 PE=1 SV=3	0,008	3,978	2	2	2	1	889	101,1	6,96	2,26	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q75382	Tripartite motif-containing protein 3 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TRIM3 PE=1 SV=2	0,008	3,939	3	2	2	1	744	80,8	7,83	4,05	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q9H365	Probable serine carboxypeptidase CPVL OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CPVL PE=1 SV=2	0,008	3,897	4	2	2	1	476	54,1	5,62	3,77	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q9BNVUO	Kanadaplin OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SLCA1AP PE=1 SV=1	0,008	3,878	3	2	2	1	796	88,8	5,19	1,9	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q00403	Transcription initiation factor IIB OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ITF2B PE=1 SV=1	0,008	3,869	5	2	2	1	316	34,8	8,35	2	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q85T03-2	Isoform 2 of Type 1 phosphatidylinositol 4,5-bisphosphate 4- phosphatase OS=Homo sapiens OX=9606 GN=PIP4P1	0,008	3,815	7	2	2	1	284	30,2	8,98	3,74	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q9H6W3	Ribosomal oxigenase 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RIOX1 PE=1 SV=2	0,008	3,778	4	2	2	1	641	71	6,46	5,05	2	High
FALSO	High	Master Protein	P13987	CD59 glycoprotein OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CD59 PE=1 SV=1	0,008	3,731	19	2	2	1	128	14,2	6,48	2,51	2	High
FALSO	High	Master Protein	P11474	Steroid hormone receptor ER1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ESRRA PE=1 SV=3	0,008	3,674	4	2	2	1	423	45,5	6,38	3,51	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q76FK4	Nucleolar protein 8 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=NOL8 PE=1 SV=1	0,008	3,622	2	3	3	1	1167	131,5	7,09	0	3	High
FALSO	High	Master Protein	Q969RS	Lethal(3)malignant brain tumor-like protein 2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=L3MBTL2 PE=1 SV=1	0,008	3,576	3	2	2	1	705	79,1	6,84	2,04	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q001831	DNA repair protein complementing XP-C cells OS=Homo sapiens OX=9606 GN=XPC PE=1 SV=4	0,008	3,562	3	2	2	1	940	105,9	8,9	5,05	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q94923	D-gluconyl(C5-epimerase OS=Homo sapiens OX=9606 GN=GLCE PE=1 SV=3	0,008	3,547	3	2	2	1	617	70,1	8,97	0	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q14643	Inositol 1,4,5-trisphosphate receptor type 1 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ITPR1 PE=1 SV=3	0,008	3,418	1	2	2	1	2758	313,7	6,04	5,07	2	High
FALSO	High	Master Protein	P52294	Importin subunit alpha-5 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=IPNA1 PE=1 SV=3	0,009	3,364	3	2	2	1	538	60,2	5,01	3,68	2	High
FALSO	High	Master Protein	P46977	Dolichyl-diphosphooligosaccharide-protein glycosyltransferase subunit STT3A OS=Homo sapiens OX=9606 GN=STT3A PE=1 SV=2	0,009	3,283	2	2	2	1	705	80,5	8,07	0	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q00311	Cell division cycle 7-related protein kinase OS=Homo sapiens OX=9606 GN=CDC7 PE=1 SV=1	0,009	3,229	5	2	2	1	574	63,8	8,73	2,17	2	High
FALSO	High	Master Protein	P49458	Signal recognition particle 9 kDa protein OS=Homo sapiens OX=9606 GN=SRP9 PE=1 SV=2	0,009	3,172	12	2	2	1	86	10,1	7,97	1,93	2	High
FALSO	High	Master Protein	Q01664	Transcription factor AP-4 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=TFAP4 PE=1 SV=2	0,009	3,166	7	2	2	1	338	38,7	5,87	2,31	2	High
FALSO	Medium	Master Protein	Q02218	2-oxoglutarate dehydrogenase, mitochondrial OS=Homo sapiens OX=9606 GN=OGDH PE=1 SV=3	0,012	3,095	1	2	2	1	1023	115,9	6,85	1,71	2	High
FALSO	Medium	Master Protein	Q9UVV4	MICOS complex subunit MIC27 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=APOOL PE=1 SV=1	0,012	3,053	12	2	2	1	268	29,1	9,52	4,68	2	High
FALSO	Medium	Master Protein	Q98W7S	Mitotic nuclear division protein 1 homolog OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MND1 PE=1 SV=1	0,012	3,04	11	2	2	1	205	23,7	8,19	1,86	2	High
FALSO	Medium	Master Protein	Q63H8-4	Isoform 2 of E3 ubiquitin-protein ligase RNZF13 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=RNZF13	0,012	2,98	1	2	2	1	5256	596,1	6,43	2,35	2	High
FALSO	Medium	Master Protein	P16278	Beta-galactosidase OS=Homo sapiens OX=9606 GN=GLB1 PE=1 SV=2	0,012	2,915	3	2	2	1	677	76	6,57	1,96	2	High
FALSO	Medium	Master Protein	Q9ULE3	DENN domain-containing protein 2A OS=Homo sapiens OX=9606 GN=DENND2A PE=2 SV=4	0,012	2,848	1	2	2	1	1009	113,8	8,95	2,12	2	High
FALSO	Medium	Master Protein	Q9BPX5	Actin-related protein 2/3 complex subunit 5-like protein OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ARPC5 PE=1 SV=1	0,012	2,812	13	2	2	1	153	16,9	5,6	2,07	2	High
FALSO	Medium	Master Protein	PODP86	DNA-directed RNA polymerases I and III subunit RPAC2 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=POLR2B PE=1 SV=1	0,013	2,765	22	2	2	1	133	15,2	5,8	4,29	2	High
FALSO	Medium	Master Protein	Q9U10	ATPase family AAA domain-containing protein 2B OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ATAD2B PE=1 SV=3	0,014	2,468	1	2	2	1	1458	164,8	6,8	2,32	2	High
FALSO	Medium	Master Protein	P56270-2	Isoform 2 of Myc-associated zinc finger protein OS=Homo sapiens OX=9606 GN=MAZ	0,014	2,393	6	2	2	1	493	51	9,1	0	2	High

FALSO	Medium	Master Protein	P61129	Zinc finger CCH domain-containing protein 6 OS=Homo sapiens OX=9606 GN=ZC3HG PE=1 SV=2	0,014	23	2	2	2	1	1	1189	131,6	7,64	2,66	2	High
-------	--------	----------------	--------	---	-------	----	---	---	---	---	---	------	-------	------	------	---	------



**UNIVERSITÀ
DEL SALENTO**

Conference hall of the Rectorate
Via Tancredi, 7 - Lecce

**New frontiers in systems biology:
technological, computational
and biological aspects**

Lecce, June 11th 2018

Workshop organizer

Daniele Vergara

ORGANIZING COMMITTEE

Capobianco Loredana

Danieli Antonio

De Riccardis Lidia

Ferramosca Alessandra

Fournier Isabelle

Franck Julien

Giudetti Anna

Lunetti Paola

Maffia Michele

Ragusa Andrea

Salzet Michel

Verri Tiziano

Program at Glance

MONDAY 11 JUNE

Conference hall of the Rectorate

08:30 – 9:00 **Opening**

SESSION I: SYSTEMS BIOLOGY - biological aspects

9:00 – 9:30 **Exosome-based immunomodulation during aging: a nano-perspective on inflamm-aging**
Massimiliano Bonafè

9:30 – 10:00 **Inflamm-ageing and the RNA:DNA hybrid degrading enzyme RNaseH2 expression in people of different ages**
Gianluca Storci

10:00 – 10:30 **Proteomics characterization of sorted extracellular microvesicles from cerebrospinal fluid and tears of Multiple Sclerosis patients**
Damiana Pieragostino

10:30 – 11:00 **Trop-2 in cancer progression: from membrane signaling to exosome functions**
Marco Trerotola

11:00 – 11:30 **Coffee break**

SESSION II: SYSTEMS BIOLOGY – technological and computational aspects

11:30 – 12:00 **Spatially-resolved top down proteomics bridged to MALDI MS Imaging reveals evidence of a ghost proteome**
Julien Franck

12:00 – 12:30 **MALDI-MSI combined to spatially-resolved microproteomics for clinical applications**
Maxence Wisztorski

12:30 – 13:00 **A structural approach to the development of ERQC inhibitors with therapeutic potentials**
Pietro Roversi

13:00 – 13:30 **Multifaceted physical chemical approaches in sensing of targeted analytes**
Simona Bettini

13:30 – 14:00 **NMR-based metabolomics for the analysis of clinical samples**
Andrea Ragusa

14:00 **Closing of the Workshop**
Lunch

**New frontiers in system biology: technological,
computational and biological aspects**

Conference hall of the Rectorate of the University of Salento

Monday June 11th 2018

08:30 – 9:00 **Opening**
Luigi de Bellis, University of Salento

Daniele Vergara, University of Salento

SESSION I: SYSTEMS BIOLOGY - biological aspects

Session chairs: Michele Maffia, Alessandra Ferramosca

09:00 – 9:30 **Exosome-based immunomodulation during aging: A nano-
perspective on inflamm-aging**
Massimiliano Bonafè
Istituto Scientifico Romagnolo per lo Studio e la Cura dei Tumori
IRCCS, Meldola, Italy

9:30 – 10:00 **Inflamm-ageing and the RNA:DNA hybrid degrading enzyme
RNaseH2 expression in people of different ages**
Gianluca Storci
University of Bologna, Italy

10:00 – 10:30 **Proteomics characterization of sorted extracellular microvesicles
from cerebrospinal fluid and tears of Multiple Sclerosis patients**
Damiana Pieragostino
University "G. d'Annunzio" of Chieti-Pescara, Chieti, Italy

10:30 – 11:00 **Trop-2 in cancer progression: from membrane signaling to exosome
functions**
Marco Trerotola
University "G. d'Annunzio" of Chieti-Pescara, Chieti, Italy

11:00 – 11:30 **Coffe break**

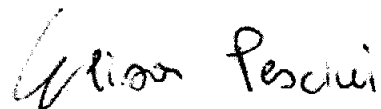
SESSION II: SYSTEMS BIOLOGY – technological and computational aspects

- Session Chairs** **Angelo Santino, Anna Maria Giudetti**
- 11:30 – 12:00 **Spatially-resolved top down proteomics bridged to MALDI MS Imaging reveals evidence of a ghost proteome**
Julien Franck
Laboratoire de Protéomique, Réponse Inflammatoire, Spectrométrie de Masse (PRISM), Université Lille, Villeneuve d'Ascq, France
- 12:00 – 12:30 **MALDI-MSI combined to spatially-resolved microproteomics for clinical applications**
Maxence Wisztorski
Laboratoire de Protéomique, Réponse Inflammatoire, Spectrométrie de Masse (PRISM), Université Lille, Villeneuve d'Ascq, France
- 12:30 – 13:00 **A structural approach to the development of ERQC inhibitors with therapeutic potentials**
Pietro Roversi
University of Oxford, UK
- 13:00 – 13:30 **Multifaceted physical chemical approaches in sensing of targeted analytes**
Simona Bettini
University of Salento, Italy
- 13:30 – 14:00 **NMR-based metabolomics for the analysis of clinical samples**
Andrea Ragusa
University of Salento, Italy
- 14:00 **Closing of the Workshop**
- 14:00 **Lunch**

Università del Salento
5 per mille per la ricerca
Bando 2017

Relazione scientifica finale

**Stabilizzazione di fiamme ultra-magre a basso impatto ambientale
con nanoparticelle e microtecnologie**



Firma del Responsabile del Progetto

SOMMARIO

1	INTRODUZIONE	4
2	MODALITÀ DI SVOLGIMENTO DELLE ATTIVITÀ DI RICERCA	5
3	ATTIVITÀ 1: RICERCA BIBLIOGRAFICA E BRAINSTORMING	6
4	ATTIVITÀ 2: ALLESTIMENTO E CARATTERIZZAZIONE DEL SETUP COMBUSTIONE CON NANOPARTICELLE	7
4.1	Allestimento setup sperimentale di combustione	7
4.2	Preparazione della miscela diesel-nanoparticelle	9
4.3	Modalità di esecuzione delle prove in combustione e post processing	12
4.4	Risultati e discussione sulle prove in combustione	12
4.5	Disseminazione dei risultati, trasferimento di conoscenze e scambi scientifici	21
5	ATTIVITÀ 3: APPLICAZIONE DEL CONTROLLO ATTIVO AL SISTEMA DI INIEZIONE	22
5.1	Allestimento del setup sperimentale per la generazione e controllo dello spray	22
5.2	Modalità di esecuzione delle prove con e senza controllo e post-processing	24
5.3	Risultati e discussione sulle prove sul controllo dello spray	25
5.4	Disseminazione dei risultati, trasferimento di conoscenze e scambi scientifici	28
6	Conclusioni, criticità e sviluppi futuri	29
7	ELENCAZIONE CONTABILE ANALITICA DELLE SPESE SOSTENUTE, ARTICOLATA PER VOCI DI SPESA SECONDO L'ART. 5 DEL BANDO	30
8	BIBLIOGRAFIA	32

INDICE DELLE FIGURE

Figura 1: Diagramma di Gantt delle attività	5
Figura 2: (a) Combustore Green Engine; (b) Schizzo della camera del bruciatore e della linea di iniezione con l'indicazione dei percorsi dell'aria e del combustibile in modalità di combustione non premiscelata.....	7
Figura 3: Sistema di iniezione.....	8
Figura 4: Setup sperimentale per le prove in combustione.....	9
Figura 5: Evoluzione della dimensione nel tempo, misurata con tecnica Dynamic Laser Scattering (DLS), mediante lo strumento di misura Zetasizer per la soluzione all'1% in peso.....	10
Figura 6: Verifica di stabilità tramite acquisizione del segnale di backscattering mediante lo strumento di misura Turbiscan Lab Expert per la soluzione all'1% in peso.....	10
Figura 7: Evoluzione della dimensione nel tempo, misurata con tecnica DLS, mediante lo strumento di misura Zetasizer per la soluzione al 2% in peso.....	11
Figura 8: Verifica di stabilità tramite acquisizione del segnale di backscattering mediante lo strumento di misura Turbiscan Lab Expert per la soluzione al 2% in peso. Scansione effettuata ad intervalli di 10 minuti.....	11
Figura 9: Verifica di stabilità tramite acquisizione del segnale di backscattering mediante lo strumento di misura Turbiscan Lab Expert per la soluzione al 2% in peso. Scansione effettuata ad intervalli di 1 ora.....	11
Figura 10: Contours dell'intensità media e della varianza delle immagini nel visibile per il test case 1 ($\Phi=0.27\pm 0.02$) con solo gasolio (prima riga) e con gasolio additivato con allumina (seconda riga).....	13
Figura 11: Contours dell'intensità media e della varianza delle immagini nel visibile per il test case 2 ($\Phi=0.125\pm 0.005$) con solo gasolio (prima riga) e con gasolio additivato con allumina (seconda riga).....	13
Figura 12: Contours dell'intensità media e della varianza delle immagini nel visibile per il test case 3 ($\Phi=0.076\pm 0.004$) con solo gasolio (prima riga) e con gasolio additivato con allumina (seconda riga).....	14
Figura 13: Temperatura nella camera di combustione (zona di combustione).....	14
Figura 14: Temperatura nella camera di combustione (zona di diluizione).....	15
Figura 15: Temperatura nella camera di combustione per i vari test eseguiti al variare di Φ	15
Figura 16: Contours dell'intensità media e della varianza dei radicali OH per il test case 1 ($\Phi=0.27\pm 0.02$) con solo gasolio (prima riga) e con gasolio additivato con allumina (seconda riga).....	16
Figura 17: Contours dell'intensità media e della varianza dei radicali CH per il test case 1 ($\Phi=0.27\pm 0.02$) con solo gasolio (prima riga) e con gasolio additivato con allumina (seconda riga).....	16
Figura 18: Contours dell'intensità media e della varianza dei radicali OH per il test case 2 ($\Phi=0.125\pm 0.005$) con solo gasolio (prima riga) e con gasolio additivato con allumina (seconda riga).....	17
Figura 19: Contours dell'intensità media e della varianza dei radicali CH per il test case 2 ($\Phi=0.125\pm 0.005$) con solo gasolio (prima riga) e con gasolio additivato con allumina (seconda riga).....	17
Figura 20: Contours dell'intensità media e della varianza dei radicali OH per il test case 3 ($\Phi=0.076\pm 0.004$) con solo gasolio (prima riga) e con gasolio additivato con allumina (seconda riga).....	18
Figura 21: Contours dell'intensità media e della varianza dei radicali CH per il test case 3 ($\Phi=0.076\pm 0.004$) con solo gasolio (prima riga) e con gasolio additivato con allumina (seconda riga).....	18
Figura 22: Emissioni di NO_x lungo la durata della prova.....	19
Figura 23: Emissioni di CO_2 lungo la durata della prova.....	19
Figura 24: Emissioni di CO lungo la durata della prova.....	20
Figura 25: Emissioni di O_2 lungo la durata della prova.....	20
Figura 26: Andamento delle emissioni inquinanti NO_x (a), CO_2 (b) CO (c) e O_2 (d) dei test eseguiti al variare di Φ	20
Figura 27: Setup sperimentale per la caratterizzazione dello spray: diffused-back illumination imaging technique (sinistra) e laser doppler velocimetry (destra).....	22
Figura 28: Gabbia di Faraday	23
Figura 29: Setup generazione spray e attuazione.....	23
Figura 30: Connessioni elettriche	24
Figura 31: Esempio delle curve caratteristiche di tensione e corrente utilizzate per determinare la potenza dissipata.....	24
Figura 32: Immagini acquisite mediante DBIT, al variare della distanza della telecamera dallo spray: lontano (sinistra), vicino (centro) e molto vicino (destra)	24

Figura 33: Procedura per la determinazione dall'angolo di diffusione del getto (a) e della distribuzione spaziale e area media delle gocce (b).....	25
Figura 34: Pressione 1.2 Bar: risultati in pixels ² (a) e in mm ² (b) in assenza di attuazione.	26
Figura 35: Pressione 1.2 Bar: risultati in pixels ² (a) e in mm ² (b) in presenza di attuazione ($P = 5.5 \pm 0.3 W$).	26
Figura 36: Pressione 1.6 Bar: risultati in pixels ² in assenza (a) e in presenza(b) di attuazione ($P = 5.3 \pm 0.3 W$).	26
Figura 37: Profili di velocità a 1.6 Bar: risultati in assenza e in presenza ($P = 3.4 \pm 0.2 W$) di attuazione.	27
Figura 38: Profili dell' <i>rms</i> della velocità a 1.6 Bar: risultati in assenza e in presenza ($P = 3.4 \pm 0.2 W$) di attuazione.	27
Figura 39: Profili di velocità a 1.2 Bar: risultati in assenza e in presenza ($P = 2.3 \pm 0.2 W$) di attuazione.	27
Figura 40: Profili dell' <i>rms</i> della velocità a 1.2 Bar: risultati in assenza e in presenza ($P = 2.3 \pm 0.2 W$) di attuazione.	28

1 INTRODUZIONE

La presente proposta progettuale si inserisce nell'ambito dello studio di problematiche di instabilità di combustione in combustori magri, quindi a basso impatto ambientale. Tali combustori permettono di raggiungere basse emissioni ed alte efficienze, ma sono particolarmente esposti ad instabilità, che si presentano sotto forma di fluttuazioni della pressione e del rilascio termico. Tali condizioni di funzionamento possono essere alquanto rischiose in quanto inducono: vibrazioni meccaniche e rumore, formazione di punti caldi sulle pareti della camera di combustione, ritorno o distacco di fiamma e conseguente incremento delle emissioni inquinanti.

Il processo di combustione del combustibile liquido, quale il gasolio, emette inquinanti pericolosi. I combustibili fossili convenzionali, stanno diminuendo giorno dopo giorno, a causa della crescita della popolazione e della successiva richiesta di energia; e le stringenti norme sulle emissioni inquinanti hanno spinto i ricercatori a identificare fonti di energia rinnovabili adeguati per supportare il processo di combustione, per migliorare le prestazioni e per un buon controllo delle emissioni. L'ACARE (Advisory Council of Aviation Research and Innovation in Europe) ha stabilito che entro il 2020 gli aerei dovranno consumare il 50 per cento in meno di carburante e dovranno ridurre del 50 per cento le emissioni di anidride carbonica (CO_2) e dell'80 per cento quelle di ossidi di azoto (NO_x).

La maggior parte dei ricercatori concentrano i propri sforzi per ridurre le emissioni inquinanti in diversi modi:

- Nuova progettazione della camera di combustione;
- Modifica del combustibile;
- Modifica dell'iniezione;
- Trattamento del gas di scarico.

La possibilità di monitorare l'insorgere di instabilità nella fiamma e di attuarne un controllo (per ampliarne quindi la regione di funzionamento stabile) è una delle principali sfide tecnologiche.

Il metodo di modifica del combustibile è ampiamente accettato da molti ricercatori per ottenere le proprietà specifiche del combustibile, per migliorare le prestazioni dei combustori e controllarne il livello di emissioni. È stato infatti osservato nella letteratura che i combustibili, quali il gasolio, nano-additivati presentano potenziali vantaggi sul miglioramento delle prestazioni e sulla riduzione delle emissioni dal motore diesel. Allo stesso tempo, anche la modifica diretta delle caratteristiche dello spray in camera può essere utilizzata per il controllo dell'instabilità di combustione e delle emissioni.

Il fine del presente progetto è quindi il controllo delle instabilità di fiamma e delle immissioni inquinanti. In tale contesto, ci si propone di investigare le potenzialità di due tecniche di controllo quali:

- Impiego di attuatori al plasma a scarica di barriera (DBD-PAs) al fine di verificarne l'effetto che la loro attuazione ha quando agisce su uno spray;
- Studio della combustione con combustibile nano additivato.

2 MODALITÀ DI SVOLGIMENTO DELLE ATTIVITÀ DI RICERCA

Come accennato nell' Introduzione, a presente proposta progettuale ha riguardato lo studio e controllo di problematiche di combustione in combustori a basso impatto ambientale. Di seguito il Diagramma di Gantt delle attività effettivamente svolte nella durata nel progetto (5 Febbraio 2018-27 Giugno 2018).

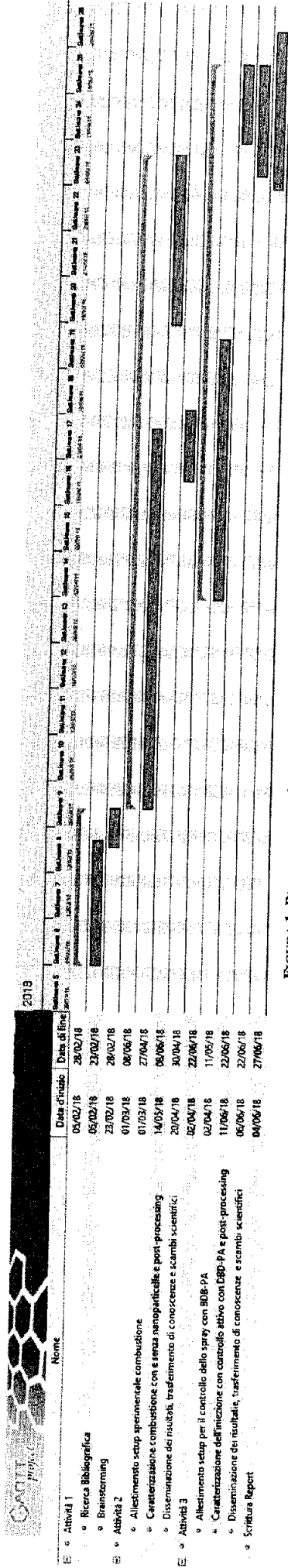


FIGURA 1: DIAGRAMMA DI GANTT DELLE ATTIVITÀ

In particolare, va fatto presente che la comunicazione di scorrimento graduatoria e finanziamento del progetto in oggetto è stata comunicata in data 24/01/2018 (D.R. n. 33). Le attività di progetto hanno avuto quindi inizio il giorno 5 Febbraio, invece che nel giorno 6 Novembre, come previsto nel Diagramma di Gantt delle attività presentato in seno alla proposta progettuale. Inoltre, i fondi sono stati disponibili a partire dal 12/03/2018, con conseguente penalizzazione nello svolgimento delle attività tenuto conto delle modalità e delle tempistiche necessarie per avviare procedure d'acquisto. In particolare, L'ATTIVITÀ 3 è stata penalizzata e, rispetto a quanto previsto in seno alla proposta progettuale, non si è potuto procedere all'integrazione e all'applicazione diretta del sistema di controllo attivo con BDB-PA nel combustore. Inoltre, l' avere a disposizione più tempo avrebbe anche permesso di ampliare e completare ulteriormente il post-processing dei dati acquisiti nell' ATTIVITÀ 2.

Nelle sezioni successive sono riportate in dettaglio le varie attività svolte.

3 ATTIVITÀ 1: RICERCA BIBLIOGRAFICA E BRAINSTORMING

Durante tale fase si è effettuata una ricerca bibliografica sulle possibilità di controllo della combustione mediante l'utilizzo di combustibile nanoadditivato e di attuatori al plasma. Di seguito le conclusioni principali raccolti durante tale attività.

In recenti studi scientifici è stato trovato che l'utilizzo di nanoparticelle nel diesel, una volta disperse nel liquido base disperse nel liquido base, migliorano le proprietà termofisiche, tra cui, il rapporto superficie/volume, la conduttività termica e la diffusività di materia [1]. In [2] è stata effettuata una caratterizzazione della combustione in un motore a combustione interna, alimentato con biodiesel additivato con ossido di alluminio (Al_2O_3) e Nanotubi di Carbonio (CNT). I risultati hanno evidenziato che l'utilizzo dei nanoadditivi permette un miglioramento dell'efficienza e una riduzione sia del tempo di ignizione che delle emissioni quali NO_x , HC e CO. A simili conclusioni si è giunti in [3], dove solo Al_2O_3 è stata impiegata come nanoadditivo ma, invece di puro biosiesel, è stata investigata una emulsione di biodiesel, acqua e tensioattivo. Una riduzione del tempo di evaporazione e delle emissioni grazie all'utilizzo di Al_2O_3 è stata anche trovata in [4], dove invece è stata testata una emulsione di diesel e acqua. In [5] è stato invece investigato l'effetto che l'allumina ha sulle caratteristiche sia del combustibile che dello spray di iniezione, se sospeso in combustibile Jet A-1. I risultati hanno evidenziato che all'aumentare della concentrazione delle nanoparticelle nel combustibile base, la viscosità e la densità del combustibile aumenta, mentre la tensione superficiale diminuisce. Riguardo invece lo spray, la "breakup length" diminuisce all'aumentare della concentrazione di nanoparticelle, inoltre i diametri medi delle gocce di nanoadditivato sono più piccoli di quelli di combustibile non additivato. Tale ricerca bibliografica ha spinto quindi il gruppo di ricerca di tale progetto alla scelta dell'allumina come nanoadditivo, al fine di verificare l'effetto che essa ha invece sulla stabilizzazione della fiamma.

Parallelamente a tale ricerca bibliografica, è stato anche investigato quanto esistente in letteratura riguardo invece l'utilizzo di controllo attivo dello spray di iniezione mediante attuatori al plasma.

Dallo studio di letteratura si è evinto che, quando un DBD-PA agisce su uno spray di aria/combustibile, l'effetto finale può essere molteplice: leggero riscaldamento, trasferimento di momento, ionizzazione e dissociazione sia dell'aria che del combustibile e frammentazione delle gocce di combustibile [6]. Quando invece agisce sulla fiamma, si ha una modifica della sua lunghezza e della velocità di propagazione [6]. In [7] è stato anche preannunciata la possibilità di controllare uno spray di combustibile (in particolare il suo angolo di apertura e lunghezza di penetrazione) mediante un campo elettrico. D'altronde, sebbene l'idea di applicare il DBD-PA su combustibile liquido esista in letteratura [6], e sia stata avanzato un brevetto su ciò [8], non esistono però risultati sperimentali. Tale studio bibliografico ha quindi avvalorato e sostenuto il lavoro di ricerca avanzato nell'ATTIVITÀ 3 di tale progetto.

In seguito alla ricerca bibliografica, è stato effettuato un brainstorming fra i vari membri del gruppo di ricerca e si è dato avvio alle attività sperimentali di seguito riportate.

4 ATTIVITÀ 2: ALLESTIMENTO E CARATTERIZZAZIONE DEL SETUP COMBUSTIONE CON NANOPARTICELLE

Durante tale fase si verificato dettagliatamente l'effetto che l'iniezione di combustibile nanoadditivato con Al_2O_3 ha sulla stabilizzazione della combustione e sulle emissioni. È stata quindi realizzata una miscela di combustibile standard (gasolio) additivato con nanoparticelle di Al_2O_3 e la sua combustione è stata confrontata con quella di combustibile standard (gasolio).

Tale fase ha avuto inizio con l'allestimento del setup sperimentale per le prove in combustione con e senza nanoadditivi.

4.1 Allestimento setup sperimentale di combustione

Tutti gli esperimenti sono stati effettuati in una camera ad ambiente controllato (pressione e temperatura) dotata di ausiliari per il riempimento con aria in pressione e per l'iniezione del combustibile, disponibile presso il LABORATORIO GREEN ENGINE COMBUSTIONE del Dipartimento di Ingegneria dell'Innovazione. Il combustore utilizzato è alimentabile con combustibile liquido ed è dotato di un sistema di alimentazione dell'aria comburente swirlante. Figura 2 mostra la geometria della camera del bruciatore e del sistema di alimentazione. Il diametro interno della camera di combustione è di 14 cm e la sua lunghezza è di 29 cm. Il passaggio dell'aria è costituito da due canali dell'aria anulari concentrici. Quello interno è dotato di swirler ad otto-setti a 45° . All'uscita, la camera di combustione si contrae in un ugello cilindrico di scarico. Il bruciatore può funzionare in modalità premiscelata o non premiscelata, permettendo quindi lo studio di un'ampia gamma di regimi di fiamma. Nel presente studio è stata studiata la modalità di combustione non premiscelata e il percorso del flusso d'aria è riportato in Figura 2 (b). Il combustibile liquido, standard e nano-additivato, viene pescato dal rispettivo serbatoio dalla pompa. Il combustibile entra nell'iniettore equipaggiato con un ugello monoforo Ugello Monarch 1.20 45° R, caratterizzato da un angolo di iniezione di 45° . In ogni condizione operativa, una piccola parte del flusso d'aria totale segue la direzione blu in Figura 2 (b) (aria primaria) mentre il resto dell'aria entra nello swirler seguendo il percorso rosso in Figura 2 (b) (aria secondaria).

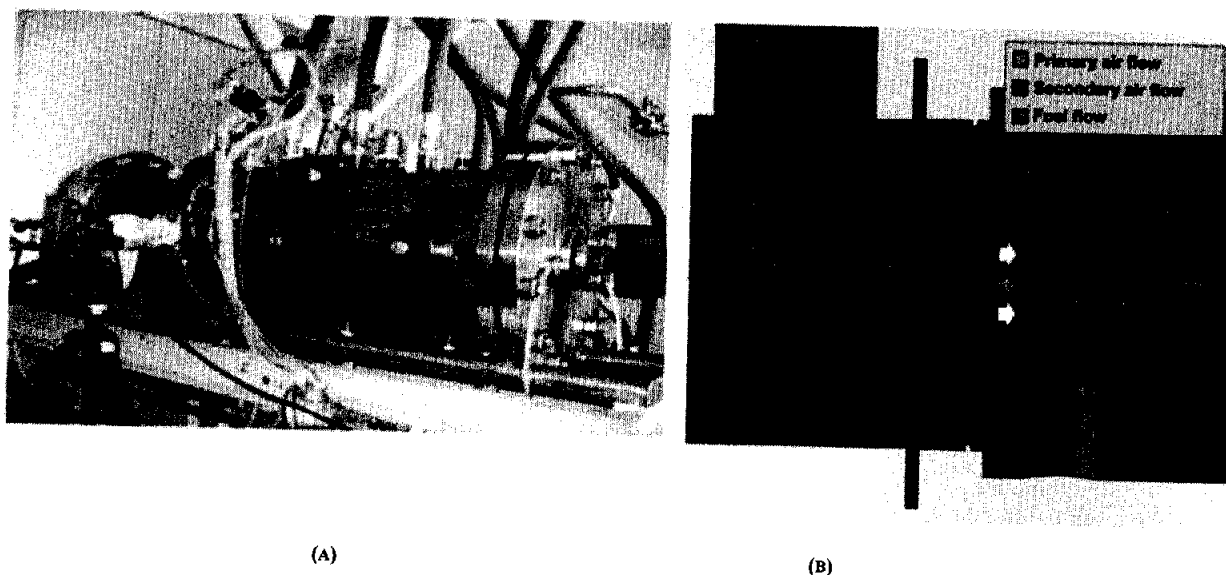


FIGURA 2: (A) COMBUSTORE GREEN ENGINE; (B) SCHIZZO DELLA CAMERA DEL BRUCIATORE E DELLA LINEA DI INIEZIONE CON L'INDICAZIONE DEI PERCORSI DELL'ARIA E DEL COMBUSTIBILE IN MODALITÀ DI COMBUSTIONE NON PREMISCELATA.

Al fine di eseguire la campagna sperimentale prevista in tale progetto, è stato necessario effettuare una modifica alla linea di adduzione del combustibile liquido al combustore. Tale fase ha quindi previsto la progettazione e realizzazione di un sistema di iniezione ad hoc (riportato in Figura 3) provvisto di pompa (che può pressurizzare il combustibile fino a una pressione assoluta di 10×10^5 Pa), valvole di regolazione, pressostati e due serbatoi intercambiabili, uno con diesel e uno con diesel additivato, utilizzati rispettivamente per le prove in assenza e in presenza di nanoparticelle.

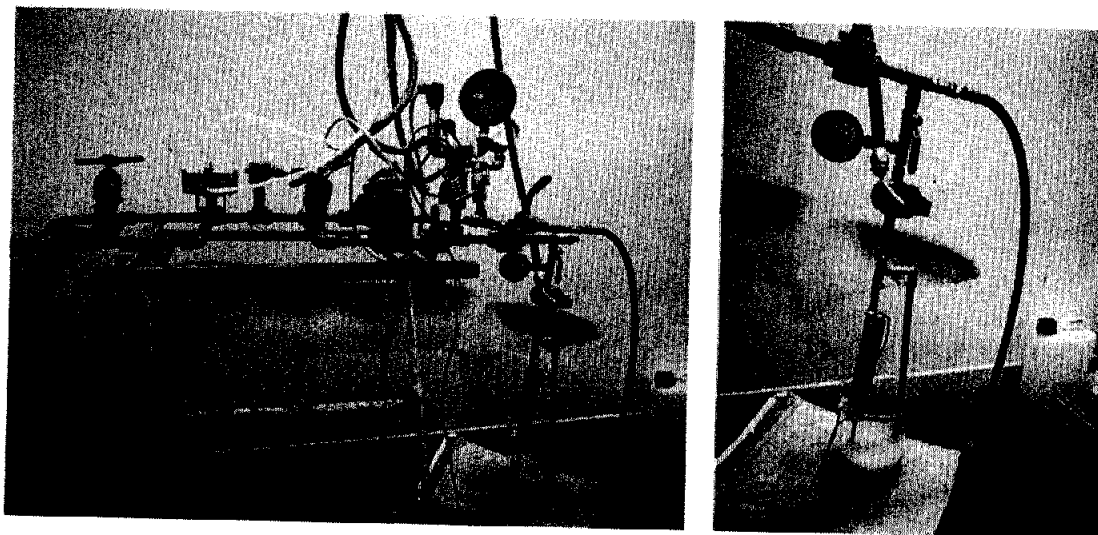


FIGURA 3: SISTEMA DI INIEZIONE

La piattaforma integrata di National Instruments LabVIEW® è stata utilizzata per il controllo del combustore e l'analisi dei principali dati operativi (i quali sono stati acquisiti con una frequenza pari a 4 Hz). La portata massica del combustibile è stata misurata utilizzando il flussimetro VSE EF 0.04 ARO 14 V PNP/2. Sono state anche effettuate delle misure con sensori di pressione e temperatura, disponibili a corredo del bruciatore. Il flusso di massa d'aria è stato quindi calcolato mediante le misure di pressione (ottenute utilizzando i trasmettitori di pressione Nuova Fima ST18) e le misure di temperatura all'ingresso dell'aria. Il rapporto combustibile/aria Φ è stato calcolato in riferimento alle condizioni stechiometriche ed è stato stimato dalla portata massica del combustibile e dell'aria.

Il combustore è dotato di accessi ottici: tre vetri ottici circonferenziali e uno frontale opportunamente raffreddati. Grazie a tali finestre ottiche, la caratterizzazione della fiamma è stata effettuata attraverso l'implementazione di tecniche diagnostiche di "imaging" nel visibile e nell' ultravioletto (UV). L'acquisizione delle immagini sia per il monitoraggio e caratterizzazione della fiamma è stata condotta con telecamere veloci, quali:

- High speed camera Memrecam GX-1F, per le acquisizioni nel visibile;
- High speed camera Phantom M320S, equipaggiata di intensificatore Lambert e filtri (ICCD), per le acquisizioni nell' UV.

In particolare, sono state effettuate misure in contemporanea con la telecamera intensificata (con filtro narrowband a 307.1 nm per i radicali OH e un filtro narrowband a 436 nm per i radicali CH, posti immediatamente davanti all'obiettivo) e quella non intensificata, la prima per l'acquisizione di immagini di chemiluminescenza e la seconda per l'acquisizione di immagini globali della fiamma nel visibile.

In contemporanea, le emissioni (NO_x , CO, CO_2 e O_2) sono state misurate utilizzando un sistema di analisi completo (Portable Gas Analyzer PG-350E Horiba, disponibile sempre presso il laboratorio GREEN ENGINE DIAGNOSTICA COMBUSTIONE del Dipartimento di Ingegneria dell'Innovazione), dotato di campionamento di gas, condizionamento del campione, analizzatore e unità di controllo del sistema. Il NO_x detector utilizza il sistema di rilevamento della chemiluminescenza a modulazione incrociata; il rivelatore di CO funziona con una modulazione a flusso incrociato, metodo di assorbimento non dispersivo in negativo (NDIR); l'unità CO_2 utilizza il metodo di assorbimento standard non dispersivo nell'infrarosso (NDIR) e l'unità O_2 utilizza il metodo paramagnetico. Le incertezze di misura di NO_x , CO, O_2 e CO_2 sono inferiori a $\pm 1\%$. Le sensibilità degli strumenti di misura sono pari a 1 ppm per NO_x , emissioni di CO e O_2 e 0,01% per emissioni di CO_2 . Le misure sono state campionate con una frequenza di 1 Hz.

Il setup sperimentale completo è riportato in Figura 4.

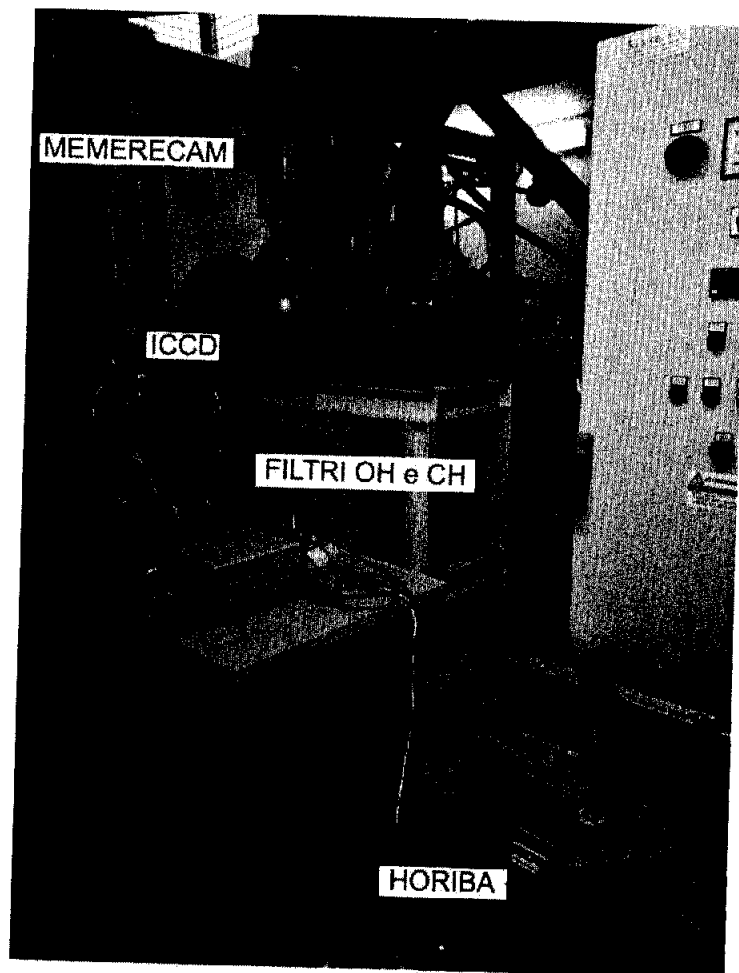


FIGURA 4: SETUP SPERIMENTALE PER LE PROVE IN COMBUSTIONE

4.2 Preparazione della miscela diesel-nanoparticelle

La miscela di combustibile nano additivato è stata preparata grazie alla collaborazione con l'Ing. Iacobazzi Fabrizio, afferente al Laboratorio di Fisica Tecnica del Dipartimento di Ingegneria dell'Innovazione. In particolare, nanoparticelle di Al_2O_3 (99,5 nanoarc AL-405 100 gr) sono state messe in sospensione in 2,5 litri di combustibile diesel, con percentuale sia pari all' 1% in peso che al 2% in peso.

La preparazione del nano-combustibile è un passo fondamentale in questa attività. Al fine di utilizzare il combustibile additivato e confrontarlo con il combustibile standard (gasolio) è necessario creare una miscela in cui le nanoparticelle siano omogeneamente e stabilmente (assenza di sedimentazione) distribuite nel combustibile liquido. Una serie di prove sono state quindi eseguite per determinare la dimensione minima raggiungibile dagli agglomerati di nanoparticelle, una volta sospese nel diesel, al fine di ottenere un nano-combustibile stabile. Il processo di sonicazione è stato utilizzato a tale scopo e la stabilità della sospensione è stata successivamente verificata.

La caratterizzazione sperimentale della miscela (Al_2O_3 + Diesel) all' 1% in peso sono riportati in Figura 5 e Figura 6.

La sospensione è stata sonicata per 100 min, a step di 10 min e con una potenza di 40W/l (i primi 10 min sono serviti per omogeneizzare le dimensioni delle particelle), ottenendo una dimensione media dei cluster di Al_2O_3 pari a 195 nm, la quale è rimasta invariata fino a circa 3500 ore (Figura 5). Inoltre si è osservato che, una volta raggiunta la dimensione minima, non era possibile diminuire ulteriormente il diametro delle nanoparticelle disperse pur aumentandone il tempo di sonicazione.

Ogni tipo di sospensione è soggetta a sedimentazione, cioè alla precipitazione delle particelle nel tempo. Al fine di studiare tale fenomeno ed evitare quindi l'accadimento, è stato prelevato un campione di sospensione ed è stata effettuata una prova di stabilità (riportata in Figura 6) per l'arco temporale di 5 h, durata delle prove giornaliere. In particolare, occorre sottolineare che la soluzione è stata miscelata (grazie ad un agitatore magnetico) all'inizio di ogni prova giornaliera per ripristinarne lo stato iniziale.

L'analisi dell'evoluzione della dimensione dei cluster nel tempo (effettuata in parallelo su un altro campione prelevato di sospensione), insieme con della stabilità della soluzione (riportata in Figura 5), hanno permesso l'utilizzo della sospensione fino a tre giorni lavorativi, dopo i quali è stata preparata una nuova miscela (sempre seguendo la stessa procedura sopra descritta).

L'incremento di conducibilità termica rispetto al gasolio è stata anche misurata con la tecnica Hot Wire mediante lo strumento di misura Lambda System, ed è risultata pari all' 1%.

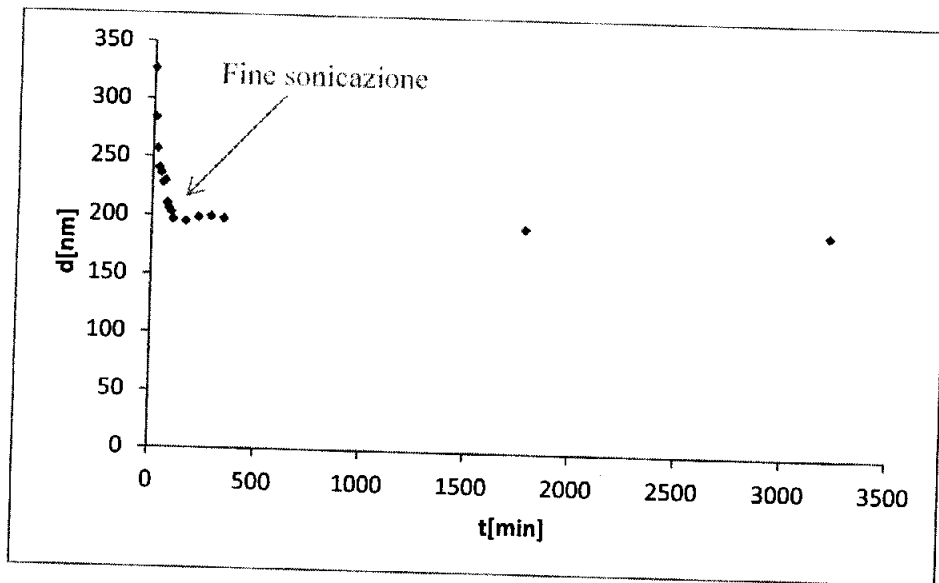


FIGURA 5: EVOLUZIONE DELLA DIMENSIONE NEL TEMPO, MISURATA CON TECNICA DYNAMIC LASER SCATTERING (DLS), MEDIANTE LO STRUMENTO DI MISURA ZETASIZER PER LA SOLUZIONE ALL'1% IN PESO.

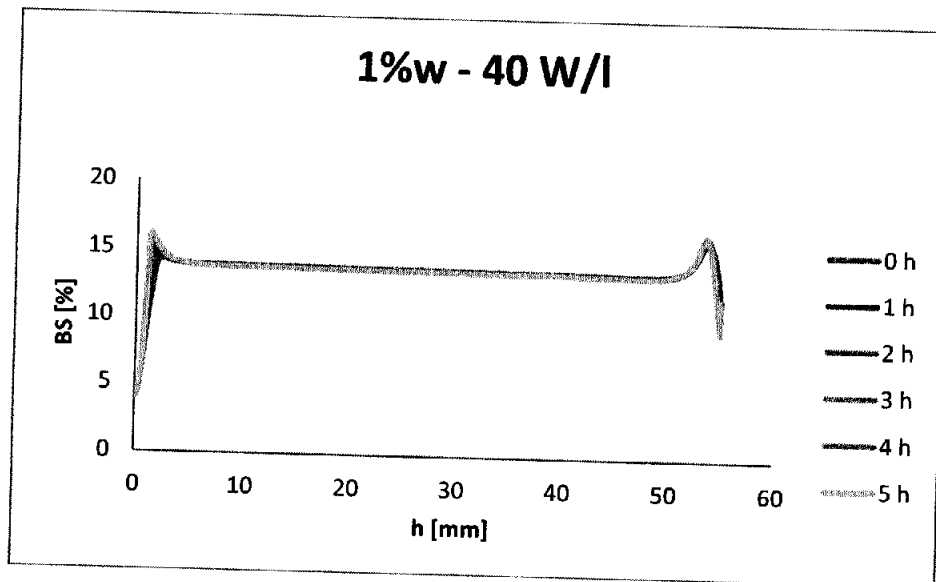


FIGURA 6: VERIFICA DI STABILITÀ TRAMITE ACQUISIZIONE DEL SEGNALE DI BACKSCATTERING MEDIANTE LO STRUMENTO DI MISURA TURBISCAN LAB EXPERT PER LA SOLUZIONE ALL'1% IN PESO.

La caratterizzazione sperimentale della miscela (Al_2O_3 + Diesel) al 2% in peso sono invece riportati in Figura 7, Figura 9 e Figura 8.

La sospensione è stata sonicata per 160 min a step di 20 min con una potenza di 40W/l (i primi 40 min sono serviti per omogeneizzare le dimensioni delle particelle), ottenendo una dimensione degli agglomerati pari a 305.8 nm.

È possibile notare che la dimensione delle particelle non è costante nel tempo (Figura 7) e che la sospensione è stabile per 10 minuti (Figura 8), circa il doppio del tempo di durata di ogni prova in combustione, dopo i quali va rimescolata per ripristinarne le condizioni iniziali, altrimenti le particelle cominciano a sedimentare (Figura 9).

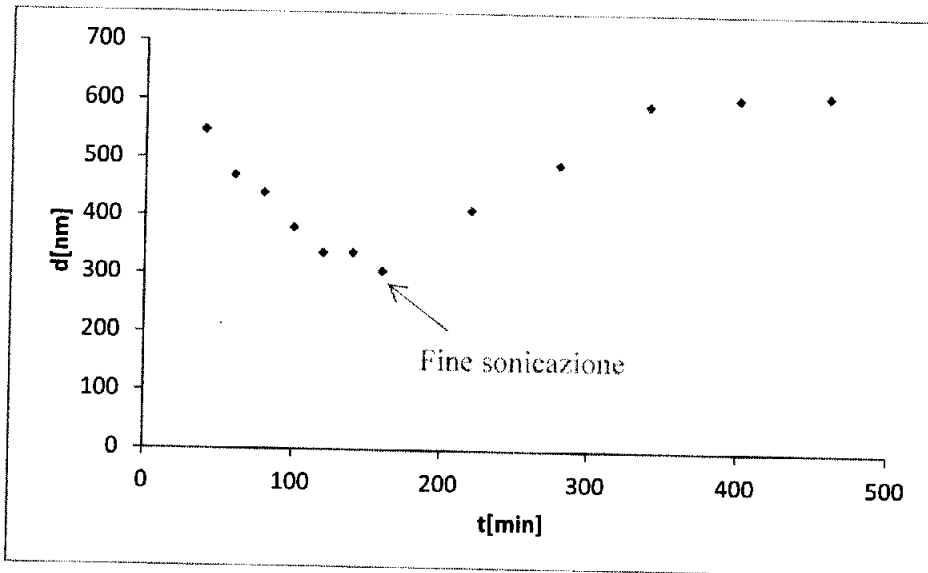


FIGURA 7: EVOLUZIONE DELLA DIMENSIONE NEL TEMPO, MISURATA CON TECNICA DLS, MEDIANTE LO STRUMENTO DI MISURA ZETASIZER PER LA SOLUZIONE AL 2% IN PESO.

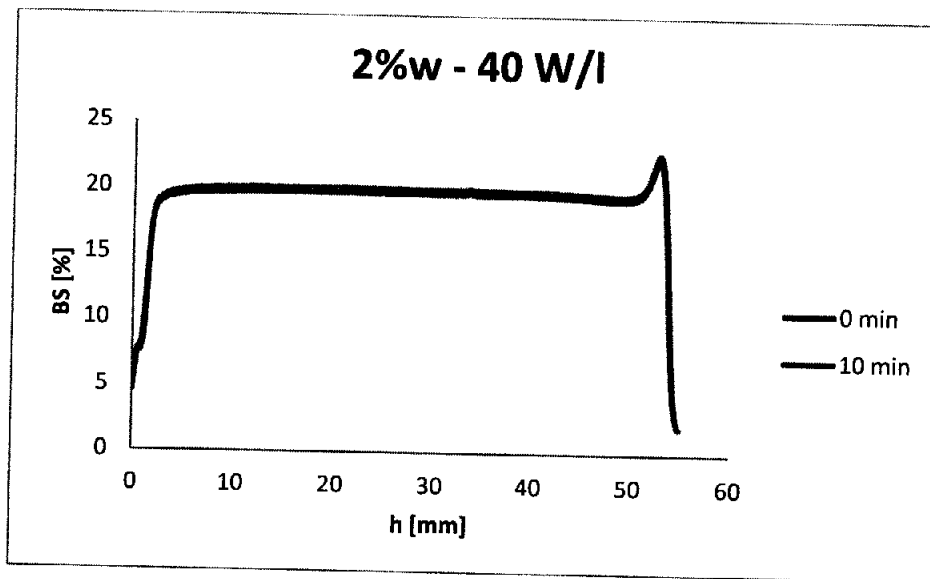


FIGURA 8: VERIFICA DI STABILITÀ TRAMITE ACQUISIZIONE DEL SEGNALE DI BACKSCATTERING MEDIANTE LO STRUMENTO DI MISURA TURBISCAN LAB EXPERT PER LA SOLUZIONE AL 2% IN PESO. SCANSIONE EFFETTUATA AD INTERVALLI DI 10 MINUTI.

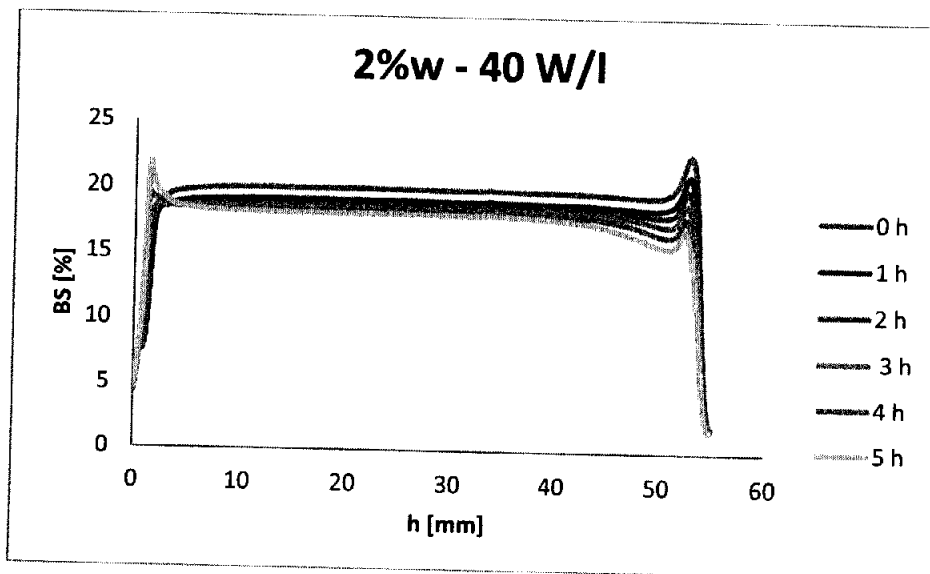


FIGURA 9: VERIFICA DI STABILITÀ TRAMITE ACQUISIZIONE DEL SEGNALE DI BACKSCATTERING MEDIANTE LO STRUMENTO DI MISURA TURBISCAN LAB EXPERT PER LA SOLUZIONE AL 2% IN PESO. SCANSIONE EFFETTUATA AD INTERVALLI DI 1 ORA.

4.3 Modalità di esecuzione delle prove in combustione e post processing

Durante tale fase sono state effettuate prove sperimentali con combustione in assenza e in presenza di nanoparticelle. Visto che nella miscela di nanoparticelle al 2% in peso le dimensioni dei cluster cambiavano nel tempo (come mostrato in Figura 7), sono state considerate scientificamente valide solo le prove con percentuale in peso pari all' 1% e solo i test effettuati in tali condizioni sono qui di seguito riportati.

Al fine di raggiungere le condizioni desiderate, e cioè di condizioni magre (per riprodurre quindi una fiamma instabile), è stata tenuta fissa la portata di combustibile e variata la portata d'aria, ottenendo così diversi Φ operativi. La stessa condizione operativa (ad un determinato Φ) è stata riprodotta sia con gasolio puro che con gasolio nano-additivato.

I casi testati sono riportati in Tabella 1. Da qui in poi denoteremo con solo il numero del test i casi nei quali è stato utilizzato combustibile standard (gasolio) e con il numero del test e la specificazione "with alumina" i casi nei quali è stato utilizzato gasolio additivato con 1% in peso di Al_2O_3 .

TEST	Portata gasolio (g/s)	Pressione iniezione gasolio (bar)	Portata di aria comburent e(g/s)	Temperatura aria comburente (°C)	Pressione aria comburent e (bar)	Φ
1	0.69±0.03	8±0.2	38.27±0.03	102±8	1.03±0.02	0.27±0.02
1 with alumina						
2			80.0±0.2			0.125±0.005
2 with alumina						
3			128±2			0.076±0.004
3 with alumina						

TABELLA 1: CONDIZIONI OPERATIVE DEI CASI TESTATI

Utilizzando le strumentazioni precedentemente descritte, è stata quindi eseguita una caratterizzazione della combustione mediante tecniche di flame imaging nel visibile e chemiluminescenza (OH e CH) e sono state implementate analisi statistiche di monitoraggio e prognostica dell'instabilità di fiamma.

Analisi statistiche sono state quindi applicate alle serie temporali dei pixel delle immagini acquisite dalle telecamere (1000 immagini). Esse hanno permesso di individuare valori medi e mappe della varianza delle immagini, e correlare tali parametri all'insorgere delle instabilità locali nella fiamma. La caratterizzazione è stata completata con l'acquisizione della temperatura in camera, al fine di estrarre ulteriori informazioni utili a rilevare l'insorgenza delle instabilità, e la misura di alcune specie presenti nei gas di scarico per lo studio dell'impatto ambientale.

4.4 Risultati e discussione sulle prove in combustione

In Figura 10-Figura 12 sono riportati i contours dell'intensità media e della varianza delle immagini acquisite nel visibile.

Come si può notare per tutti e 3 i Φ testati (a partire dalla condizione più ricca, test 1, alla condizione più magra, test 3) si ha una distribuzione spaziale dell'intensità luminosa della fiamma simile sia nel caso con gasolio standard che con gasolio additivato. Inoltre, si può notare come l'intensità luminosa sia più accentuata per il caso con il gasolio standard. Questo potrebbe essere dovuto al fatto che con la presenza di nanoparticelle di allumina nel combustibile, a parità di potenza termica introdotta (determinata dalla portata di combustibile liquido iniettato nel combustore) la temperatura della fiamma, sia più bassa rispetto a quella del combustibile standard. Ciò è infatti confermato dalla misura della temperatura nel combustore, effettuata con delle termocoppie posizionate in diverse posizioni all'interno del combustore stesso, e rappresentata in Figura 13-Figura 15. Le termocoppie con identificativo TC403 e TC401 rappresentano, rispettivamente, quella posizionata nella zona di combustione e quella allocata nella zona di diluizione. Come si può vedere, la temperatura all'interno del combustore, è tendenzialmente più bassa per i test eseguiti con il gasolio nanoadditivato.

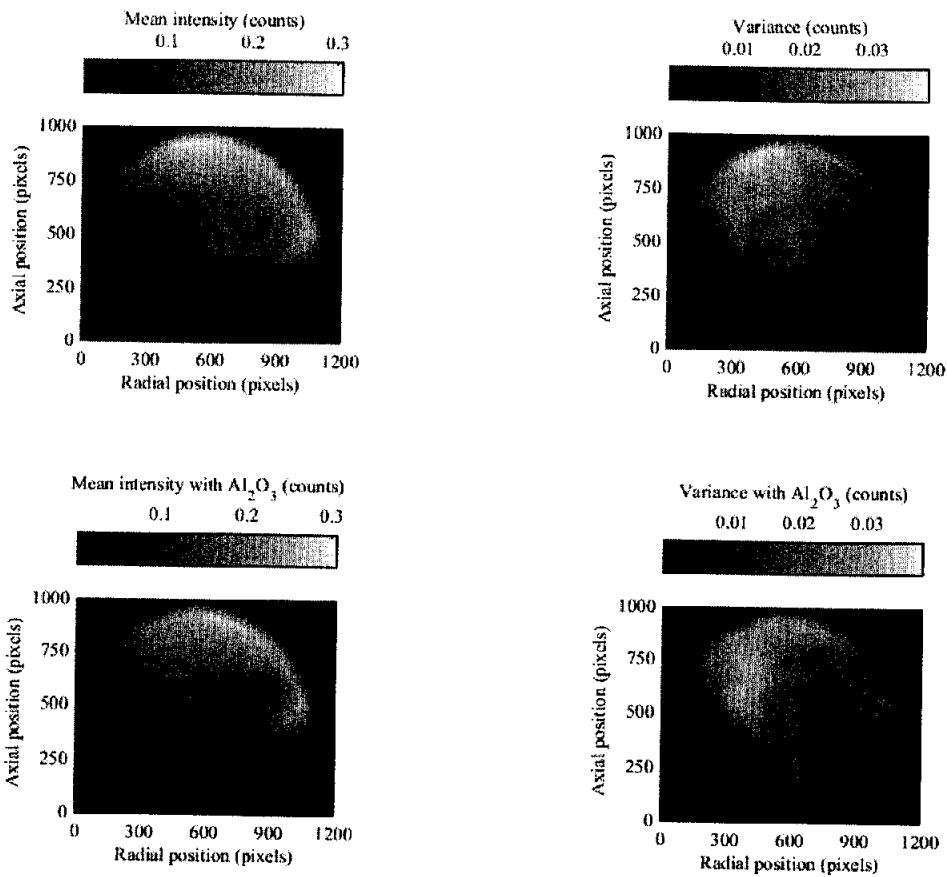


FIGURA 10: CONTOURS DELL'INTENSITÀ MEDIA E DELLA VARIANZA DELLE IMMAGINI NEL VISIBILE PER IL TEST CASE 1 ($\Phi=0.27\pm 0.02$) CON SOLO GASOLIO (PRIMA RIGA) E CON GASOLIO ADDITIVATO CON ALLUMINA (SECONDA RIGA).

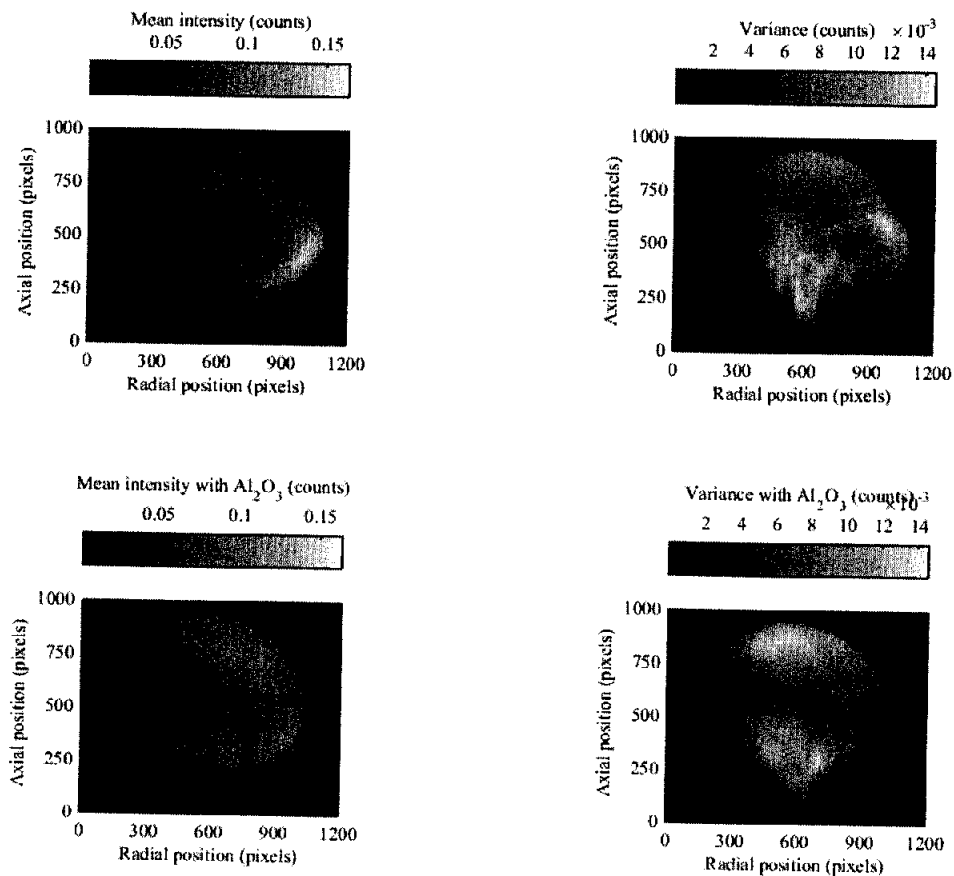


FIGURA 11: CONTOURS DELL'INTENSITÀ MEDIA E DELLA VARIANZA DELLE IMMAGINI NEL VISIBILE PER IL TEST CASE 2 ($\Phi=0.125\pm 0.005$) CON SOLO GASOLIO (PRIMA RIGA) E CON GASOLIO ADDITIVATO CON ALLUMINA (SECONDA RIGA).

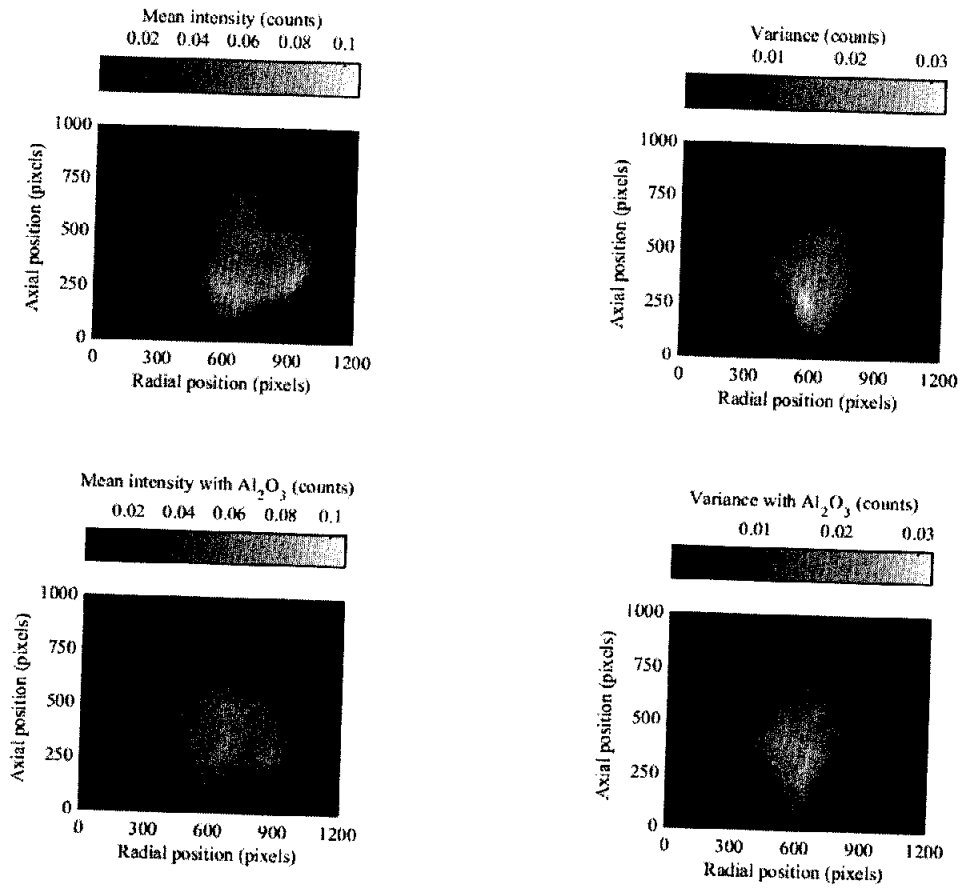


FIGURA 12: CONTOURS DELL'INTENSITÀ MEDIA E DELLA VARIANZA DELLE IMMAGINI NEL VISIBILE PER IL TEST CASE 3 ($\Phi=0.076\pm 0.004$) CON SOLO GASOLIO (PRIMA RIGA) E CON GASOLIO ADDITIVATO CON ALLUMINA (SECONDA RIGA).

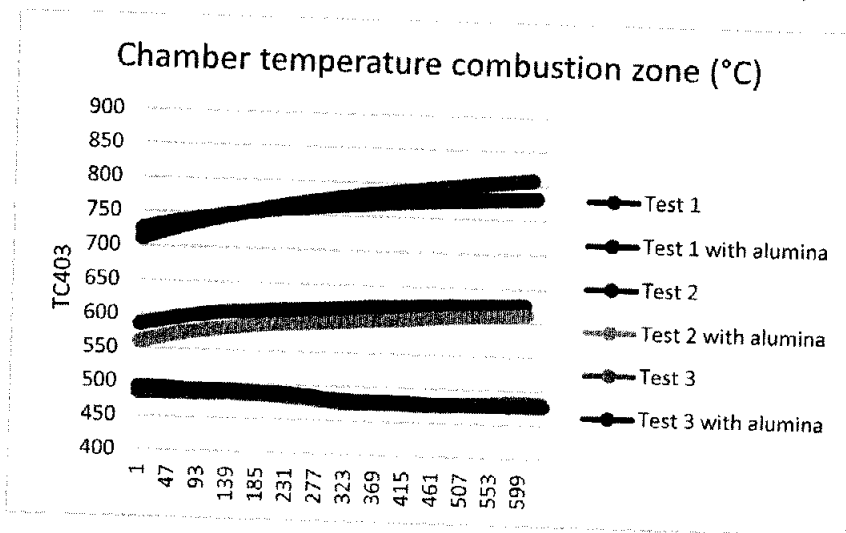


FIGURA 13: TEMPERATURA NELLA CAMERA DI COMBUSTIONE (ZONA DI COMBUSTIONE).

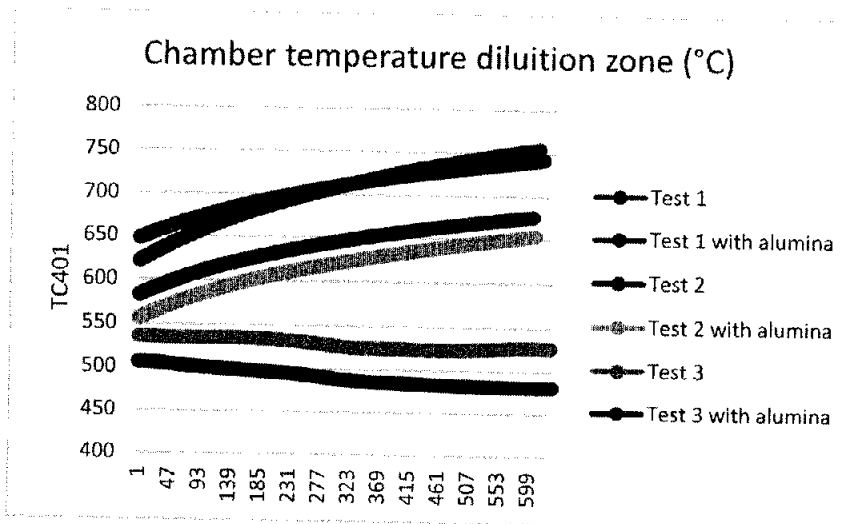


FIGURA 14: TEMPERATURA NELLA CAMERA DI COMBUSTIONE (ZONA DI DILUIZIONE).

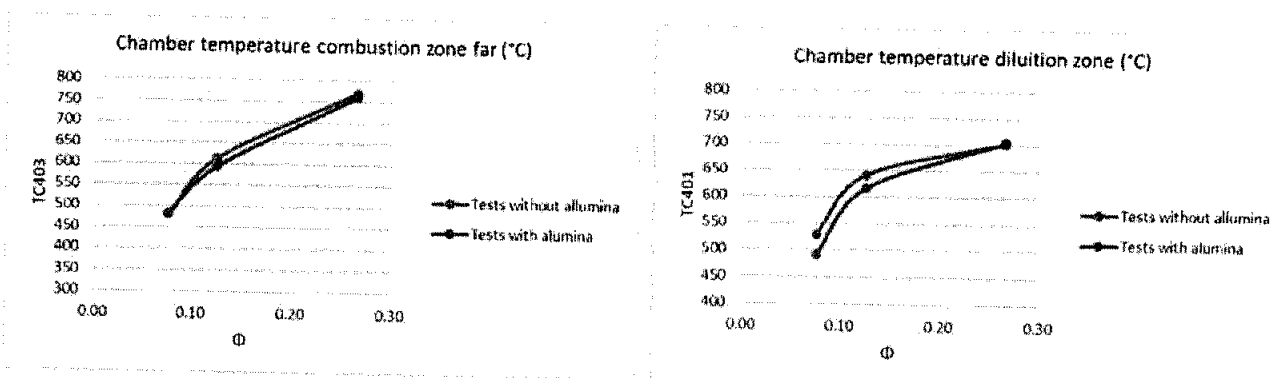


FIGURA 15: TEMPERATURA NELLA CAMERA DI COMBUSTIONE PER I VARI TEST ESEGUITI AL VARIARE DI Φ .

Oltre alle immagini acquisite nel visibile, è interessante anche analizzare la radiazione emessa dalla fiamma causata da specie intermedie eccitate elettronicamente come OH, CH o C₂, formate durante le reazioni chimiche, chiamata chemiluminescenza. È quindi interessante indagare se le intensità o le forme spettrali di tali radiazioni possano fornire informazioni qualitative (nel nostro caso) o quantitative su, ad esempio, sui rapporti locali combustibile/aria, velocità di rilascio di calore (HRR) o sui processi chimici del sistema di combustione investigato. Le analisi ad alta velocità della chemiluminescenza di OH e CH permette di identificare l'ampiezza della zona di reazione e quindi dove il processo di combustione ha inizio e con quale intensità.

Come si può notare dalle figure sottostanti (Figura 16-Figura 21), nelle quali vengono rappresentate la chemiluminescenza di OH e CH e per i test 1 ($\Phi=0.27\pm 0.02$ - meno magra), 2 ($\Phi=0.125\pm 0.005$) e 3 ($\Phi=0.076\pm 0.004$ - più magra), si ha tendenzialmente una mappa di distribuzione simile fra i diversi test, questo perché le proprietà del combustibile additivato, non variano di molto le proprietà quello tradizionale. Ma è importante notare come nel test 3 (il test con una miscela tra combustibile/aria la più magra realizzata) la zona di reazione delle specie investigata sia più ampia rispetto a quella del gasolio tradizionale. Si potrebbe pensare che in condizioni ultra-lean, con il gasolio nanoadditivato ci sia una distribuzione spaziale delle zone di reazione maggiore e più intensa rispetto al gasolio tradizionale, distribuzione dovuta alla presenza di nanoparticelle, le quali permettono di distribuire queste zone di reazione e quindi di accensione, consentendo alla fiamma di essere in qualche modo attiva.

Nel prossimo futuro si amplierà ulteriormente il post-processing dei dati acquisiti con analisi in frequenza (Decomposizione Wavelet e Trasformata di Fourier). L'analisi in frequenza con FFT permetterà di individuare le frequenze caratteristiche delle instabilità al variare del rapporto aria/combustibile. Le mappe 2D, ottenute dall'analisi Wavelet delle immagini di combustione permetteranno di investigare in dettaglio le instabilità locali nelle diverse zone della fiamma.

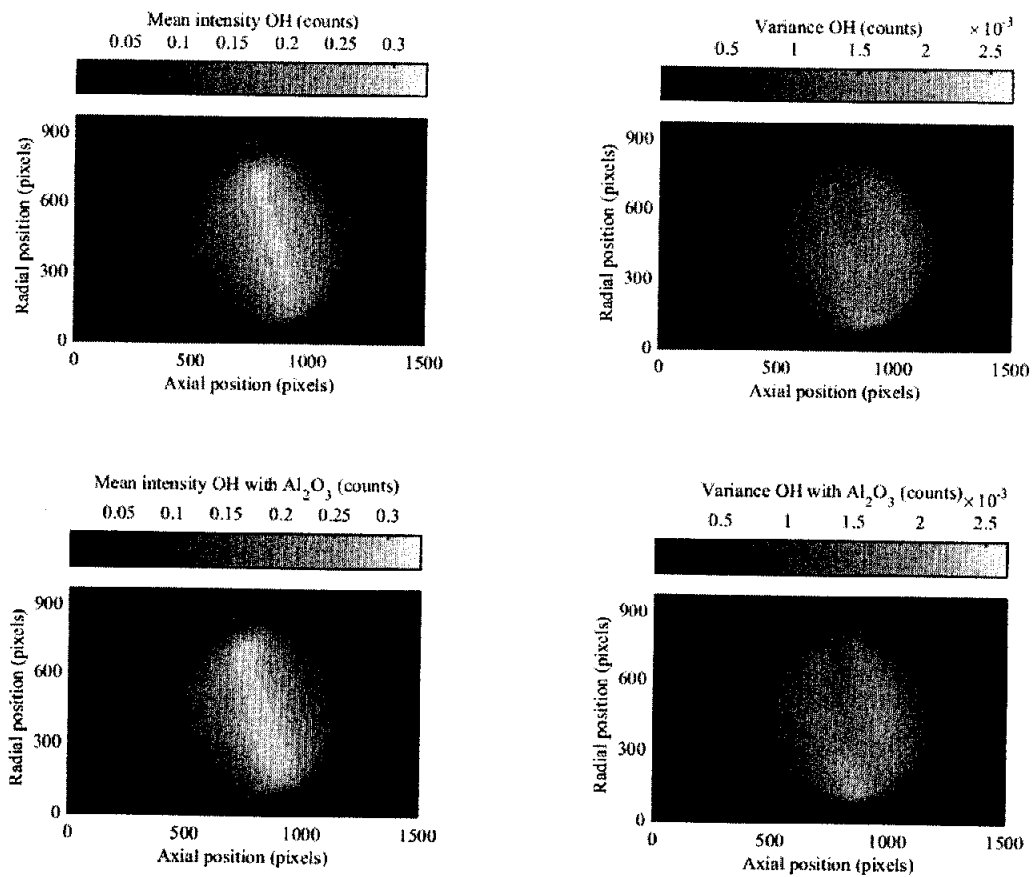


FIGURA 16: CONTOURS DELL'INTENSITÀ MEDIA E DELLA VARIANZA DEI RADICALI OH PER IL TEST CASE 1 ($\Phi=0.27\pm 0.02$) CON SOLO GASOLIO (PRIMA RIGA) E CON GASOLIO ADDITIVATO CON ALLUMINA (SECONDA RIGA).

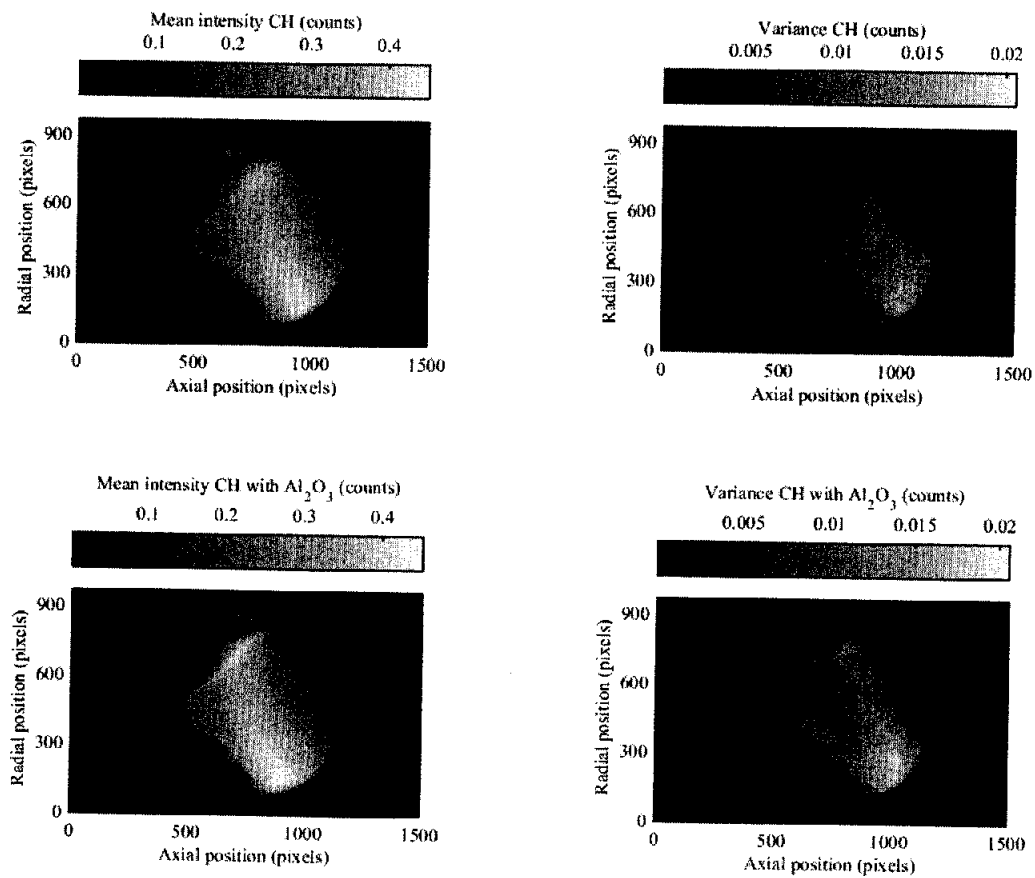


FIGURA 17: CONTOURS DELL'INTENSITÀ MEDIA E DELLA VARIANZA DEI RADICALI CH PER IL TEST CASE 1 ($\Phi=0.27\pm 0.02$) CON SOLO GASOLIO (PRIMA RIGA) E CON GASOLIO ADDITIVATO CON ALLUMINA (SECONDA RIGA).

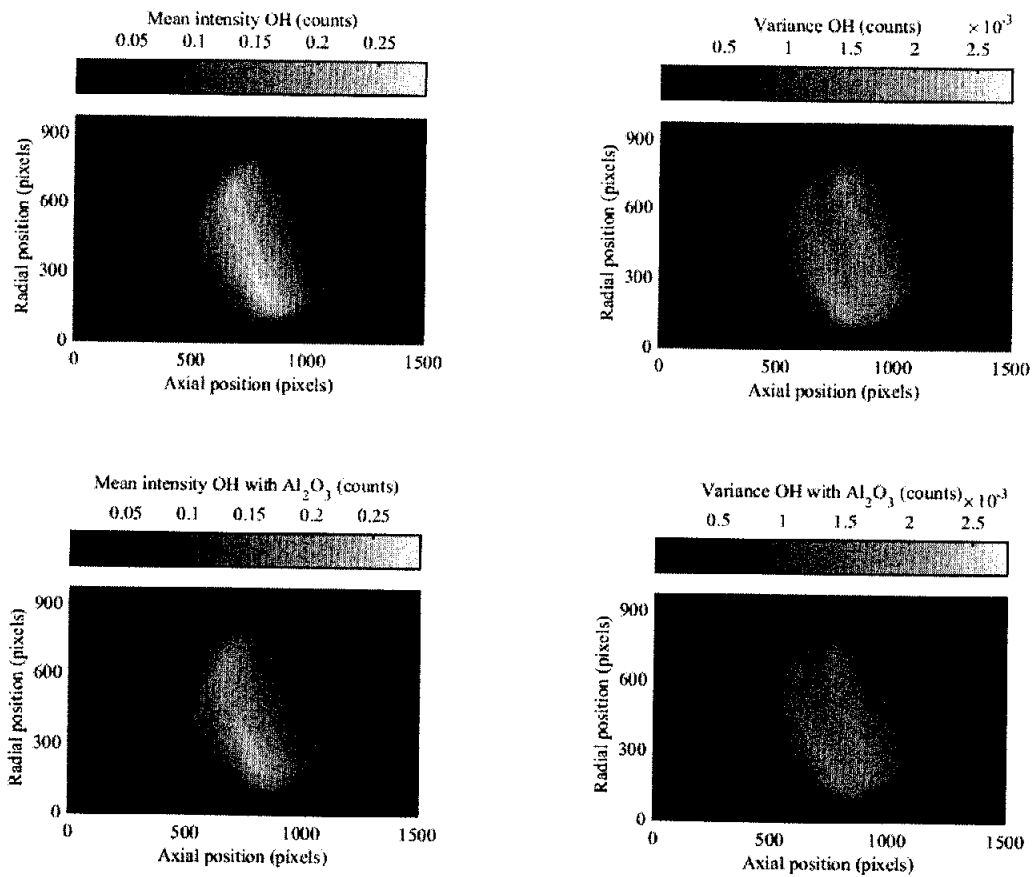


FIGURA 18: CONTOURS DELL'INTENSITÀ MEDIA E DELLA VARIANZA DEI RADICALI OH PER IL TEST CASE 2 ($\Phi=0.125\pm 0.005$) CON SOLO GASOLIO (PRIMA RIGA) E CON GASOLIO ADDITIVATO CON ALLUMINA (SECONDA RIGA).

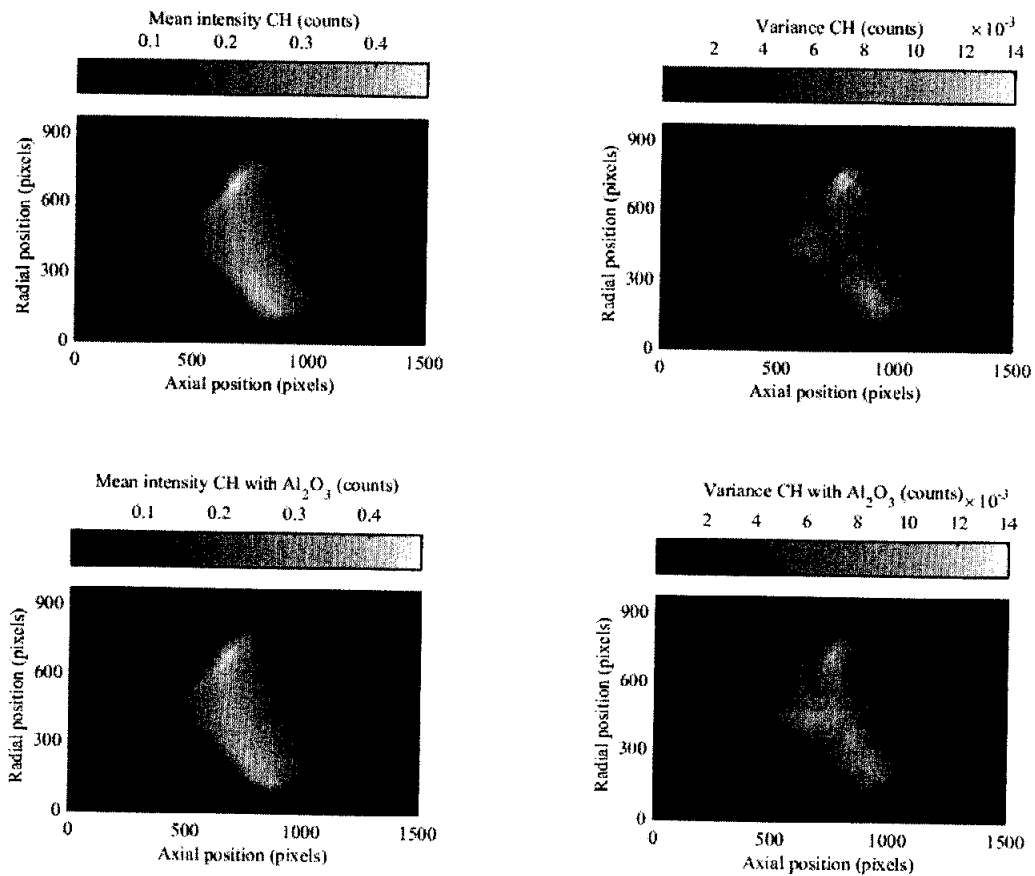


FIGURA 19: CONTOURS DELL'INTENSITÀ MEDIA E DELLA VARIANZA DEI RADICALI CH PER IL TEST CASE 2 ($\Phi=0.125\pm 0.005$) CON SOLO GASOLIO (PRIMA RIGA) E CON GASOLIO ADDITIVATO CON ALLUMINA (SECONDA RIGA).

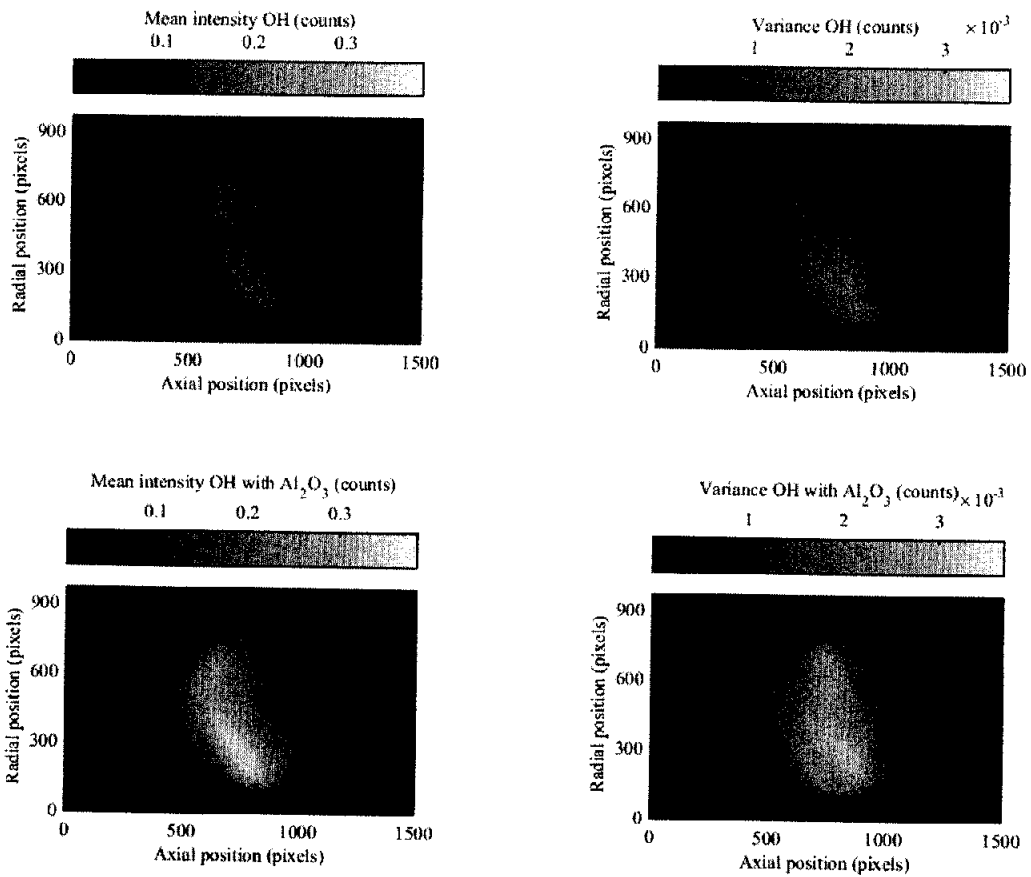


FIGURA 20: CONTOURS DELL'INTENSITÀ MEDIA E DELLA VARIANZA DEI RADICALI OH PER IL TEST CASE 3 ($\Phi=0.076\pm 0.004$) CON SOLO GASOLIO (PRIMA RIGA) E CON GASOLIO ADDITIVATO CON ALLUMINA (SECONDA RIGA).

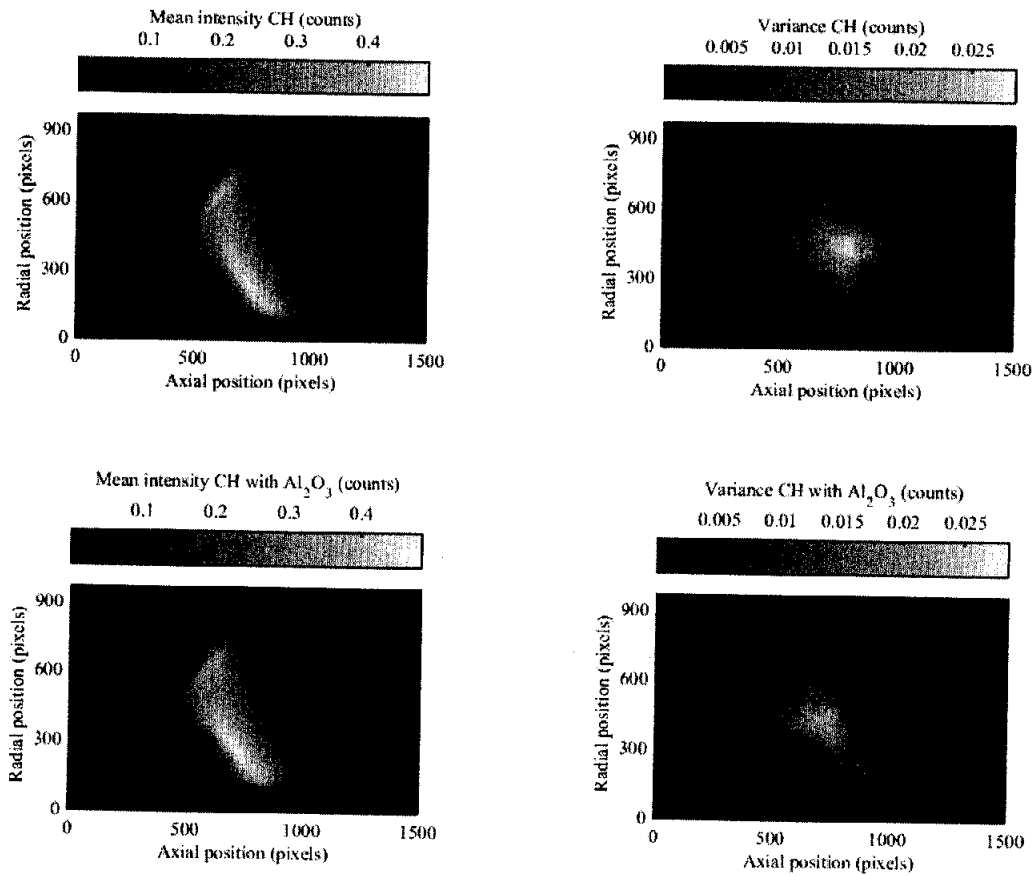


FIGURA 21: CONTOURS DELL'INTENSITÀ MEDIA E DELLA VARIANZA DEI RADICALI CH PER IL TEST CASE 3 ($\Phi=0.076\pm 0.004$) CON SOLO GASOLIO (PRIMA RIGA) E CON GASOLIO ADDITIVATO CON ALLUMINA (SECONDA RIGA).

Insieme con l'analisi delle immagini acquisite, l'analisi delle emissioni ha portato ad importanti risultati, degni di ulteriori investigazioni. Le emissioni (NO_x , CO, CO_2 e O_2) acquisite nel corso di ciascuna prova sono riportate in Figura 22-Figura 25. Figura 26 viene rappresentata l'andamento delle emissioni al variare del rapporto combustibile/aria per i due combustibili testati.

Come si può notare, dal grafico degli NO_x , è evidente che l'utilizzo di un combustibile nanoadditivato con allumina mantiene basse le emissioni rispetto all'impiego di gasolio standard. Questo è dovuto al fatto che le temperature raggiunte in camera, con la presenza di nanoparticelle sono più basse rispetto a quelle raggiunte con l'utilizzo di gasolio non additivato (come già mostrato in Figura 13-Figura 15). Infatti, le reazioni di produzione di ossidi di azoto sono attivate dalla presenza di ossigeno e azoto in forma atomica dovuti alla dissociazione prodotta dalle alte temperature raggiunte nei gas dopo il passaggio della fiamma (che in questi test non vengono raggiunte per attivare una reazione completa, tipicamente intorno a 2000 K). Queste condizioni si possono verificare nelle regioni debolmente magre che circondano il getto di combustibile che bruciano per ultime ed in corrispondenza del nucleo centrale dello spray dove si hanno le massime temperature ed eccesso di ossigeno.

Dal grafico dell' O_2 , si può notare come vi è una piccola contrazione in più di ossigeno per i test eseguiti con il combustibile additivato. Questo non è dovuto al fatto che la portata di aria tra i diversi test sia diversa, ma dal fatto che le particelle utilizzate sono funzionalizzate con l'ossigeno e quindi in seguito al processo di combustione potrebbero rilasciare la molecola di O_2 .

L'ossido di carbonio costituisce un prodotto intermedio dell'ossidazione degli idrocarburi. Se vi è una sufficiente quantità di ossigeno il CO dovrebbe successivamente essere ossidato a CO_2 , ma la reazione può risultare incompleta a causa dei brevi tempi di residenza e delle basse temperature. Tranne rare eccezioni (parti del nucleo centrale del getto) come in questo caso in cui viene impiegato il gasolio come combustibile e in cui la miscela realizzata è magra, l'alta disponibilità di ossigeno garantisce una sufficiente ossidazione del CO. Difatti, in questo caso la CO prodotta non viene ossidata completamente in CO_2 , come si può vedere dal grafico, la CO_2 per il combustibile additivato è più bassa rispetto al combustibile tradizionale.

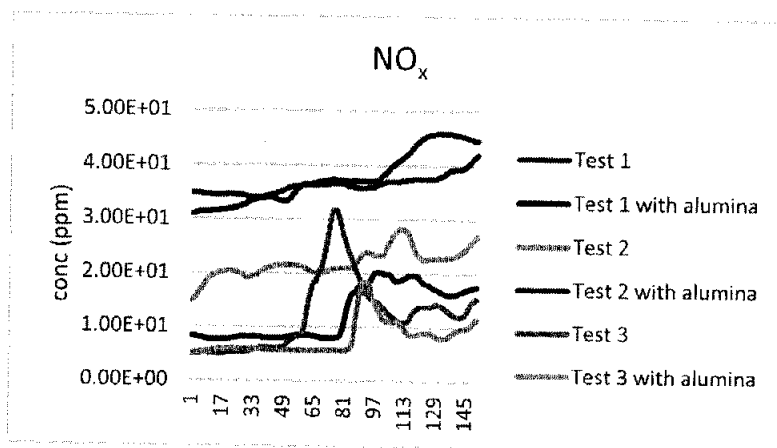


FIGURA 22: EMISSIONI DI NO_x LUNGO LA DURATA DELLA PROVA.

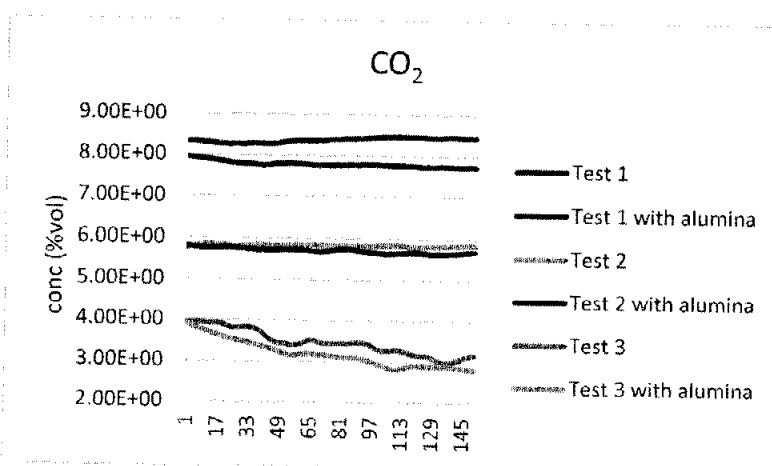


FIGURA 23: EMISSIONI DI CO_2 LUNGO LA DURATA DELLA PROVA.

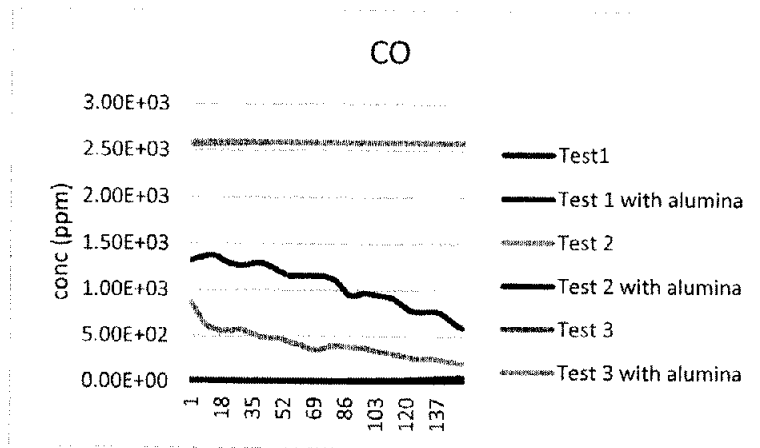


FIGURA 24: EMISSIONI DI CO LUNGO LA DURATA DELLA PROVA.

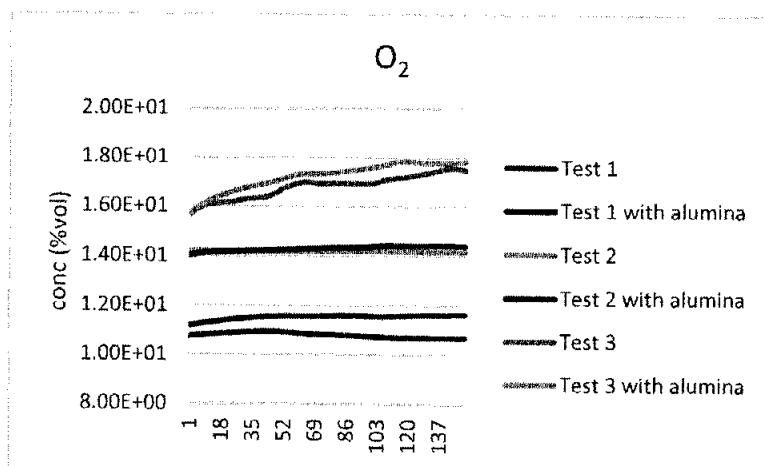


FIGURA 25: EMISSIONI DI O₂ LUNGO LA DURATA DELLA PROVA.

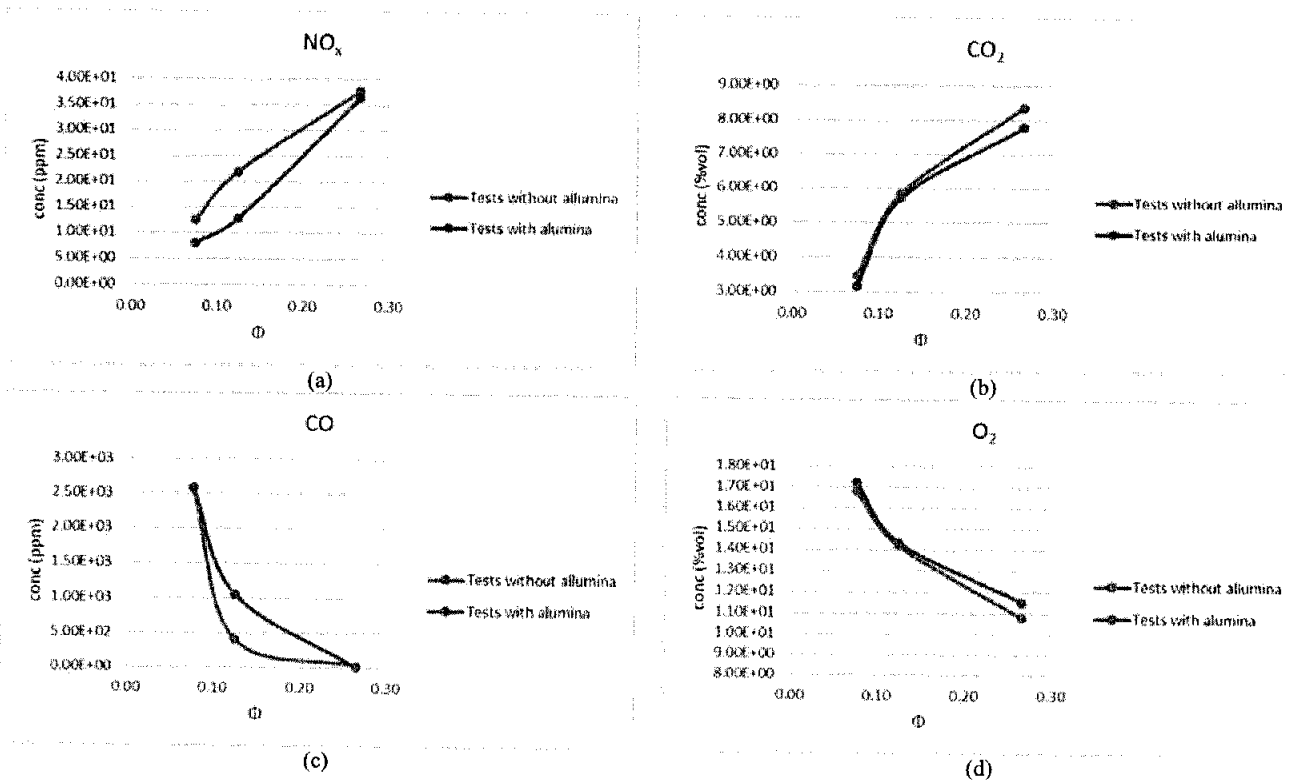


FIGURA 26: ANDAMENTO DELLE EMISSIONI INQUINANTI NO_x (A), CO₂ (B) CO (C) E O₂ (D) DEI TEST ESEGUITI AL VARIARE DI Φ .

4.5 *Disseminazione dei risultati, trasferimento di conoscenze e scambi scientifici*

In seno a tale attività, dei membri del gruppo di ricerca quali, il Prof. Antonio Paolo Carlucci, il Prof. Antonio Ficarella e l'Ing Maria Grazia De Giorgi, hanno effettuato delle missioni Italia e rispettivamente a Torino (06/06/2018 - 07/06/2018) e Roma (21/06/2018), durante le quali si sono tenuti dei meeting con colleghi del settore al fine di scambi scientifici e trasferimento delle conoscenze attinenti il tema del presente progetto, quali combustione magra e controllo delle emissioni.

5 ATTIVITÀ 3: APPLICAZIONE DEL CONTROLLO ATTIVO AL SISTEMA DI INIEZIONE

In tale fase sono state effettuate prove sperimentali su sprays al variare della pressione di iniezione, sia in assenza che in presenza di controllo attivo. Sebbene in letteratura sia già stato osservato un effetto del campo elettrico sulle caratteristiche dello spray, ancora resta da chiarire l'effetto del plasma prodotto da un DBD-PA. Tali esperimenti preliminari hanno quindi permesso di determinare l'effetto che la configurazione geometrica dell'attuatore e i parametri di attuazione (ampiezza, forma d'onda e frequenza della tensione applicata) hanno sulle caratteristiche macroscopiche finali dello spray (morfologia, angolo di apertura e lunghezza di penetrazione), al fine della potenziale applicazione di tale tecnologia per il controllo attivo dell'instabilità di combustione.

La caratterizzazione sperimentale ha previsto tre fasi principali:

1. Realizzazione di un setup sperimentale per la generazione e controllo dello spray.
2. Lo spray in assenza e in presenza di controllo attivo è stato caratterizzato sperimentalmente utilizzando sistemi di diagnostica per spray quali tecniche ottiche.
In particolare sono stati utilizzati:
 - a) sistemi di analisi globale quali la Diffused-Back Illumination Imaging Technique (DBIIT), che si basano sulla visualizzazione del getto con telecamere ad alta velocità per la determinazione di parametri quali: forma del getto, penetrazione e angolo di diffusione;
 - b) Sistemi di analisi puntuale per lo studio delle caratteristiche locali (nello spazio) del getto in termini di sizing e velocità delle singole gocce. Tale seconda caratterizzazione è stata eseguita sia con gli stessi sistemi di visualizzazione del getto (DBIIT) che con Laser Doppler Velocimetry (LDV).La potenza dissipata dall'attuatore è stata anche determinata, per valutare correttamente la sua efficienza, definita come rapporto fra benefici e costi.
3. I dati ottenuti sono stati post-processati in ambiente Matlab. È stata quindi ottenuta una matrice di dati che ha fornito una relazione fra caratteristiche spray, geometria attuatore e parametri di attuazione.

5.1 Allestimento del setup sperimentale per la generazione e controllo dello spray

Come già accennato nel paragrafo precedente, la caratterizzazione dello spray è stata effettuata mediante DBIIT e LDV.

Figura 27 riporta i setup sperimentali per l'implementazione delle due tecniche sopracitate. La caratterizzazione velocimetrica è stata effettuata mediante un sistema LDV 2 D Dantec; la sonda LDV è stata spostata trasversalmente e longitudinalmente al getto grazie ad uno stepper motor a due assi.

La DBIIT è stata invece realizzata mediante l'utilizzo di una sorgente luminosa (GS-Vitec-MultiLED-LT-High-Power-24-LED-Lamp-Head-and-Power-Supply), un diffusore di luce e una telecamera veloce (Memrecam GX-1F).

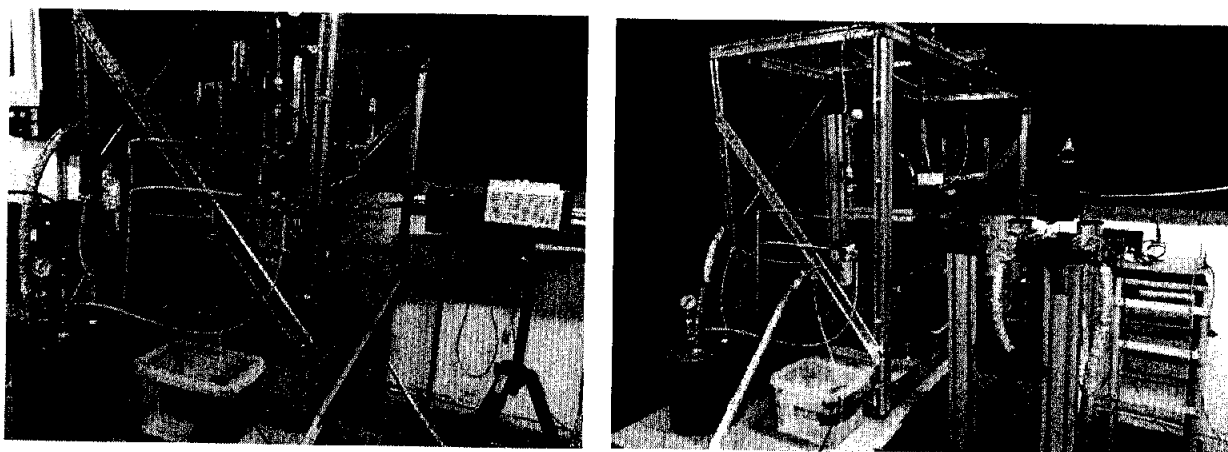


FIGURA 27: SETUP SPERIMENTALE PER LA CARATTERIZZAZIONE DELLO SPRAY: DIFFUSED-BACK ILLUMINATION IMAGING TECHNIQUE (SINISTRA) E LASER DOPPLER VELOCIMETRY (DESTRA).

Al fine di schermare il campo elettromagnetico generato dall'attuatore e quindi preservare l'incolumità sia delle attrezzature che dell'operatore, gli esperimenti con attuatore acceso sono stati condotti con la gabbia di

Faraday chiusa, lasciando un solo piccolo accesso alle ottiche per le misure. Una gabbia di Faraday ha assicurato la schermatura dalle interferenze elettromagnetiche, dovute ai campi elettrici elevati richiesti per generare la scarica di plasma.

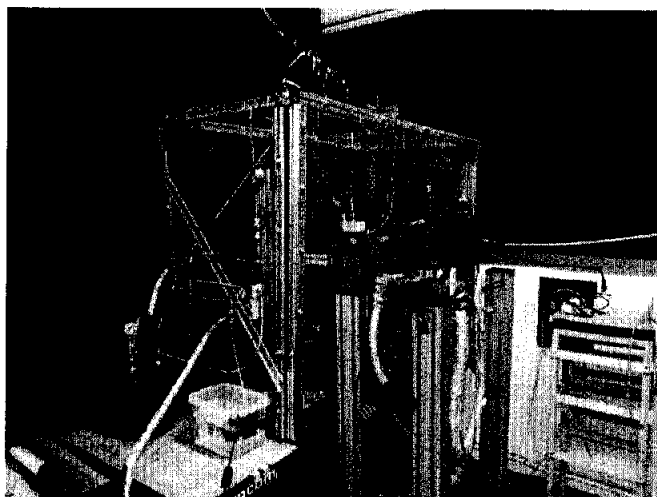


FIGURA 28: GABBIA DI FARADAY

Scendendo nel dettaglio delle varie parti costituenti il setup, lo spray è stato realizzato mediante l'utilizzo di un serbatoio pressurizzato e un ugello Delavan (Type B - 60°C - 4.00 GPH - 15.14L/h), come riportato in Figura 29.

Attorno all'ugello è stato anche implementato il sistema di controllo attivo dello spray con attuatore al plasma (Figura 29 destra). Il DBD-PA è stato quindi così costituito:

- un tubo di quarzo (diametro interno 27 mm e diametro esterno 30 mm) è stato posizionato attorno all'ugello, fungendo da dielettrico;
- lo stesso ugello è stato connesso a terra, fungendo da elettrodo di terra;
- un foglio di rame (spesso 5 mm mm) è stato posizionato esternamente al tubo di quarzo e connesso all'output del generatore di alta tensione (PVM500 Plasma Resonant and Dielectric Barrier Corona Driver), fungendo da elettrodo ad alta tensione (HV).

In tali esperimenti, necessari per una determinazione preliminare dell'effetto dell'attuazione sullo spray, è stata utilizzata acqua distillata come fluido di lavoro. Pressioni operative pari a 1.2 e 1.6 bar sono state analizzate. Sulla base dei risultati ottenuti, si effettueranno in futuro prove con fluidi di lavoro con proprietà equivalenti a combustibile liquido, quale il gasolio, e a pressione pari alle pressioni tipiche di iniezione, al fine della diretta applicazione in combustione.

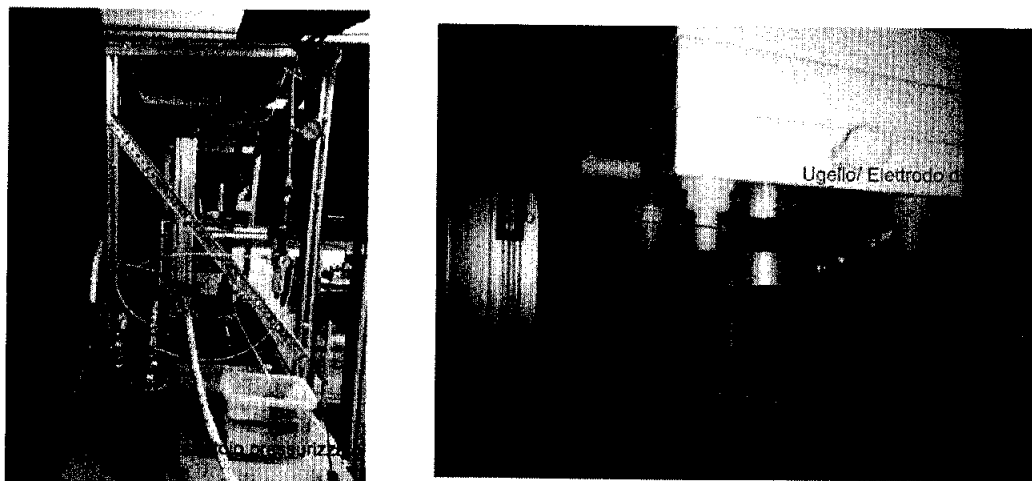


FIGURA 29: SETUP GENERAZIONE SPRAY E ATTUAZIONE

Figura 30 riporta invece l'apparato sperimentale utilizzato per la caratterizzazione elettrica del DBD-PA, utilizzata per determinare la potenza dissipata dal dispositivo.

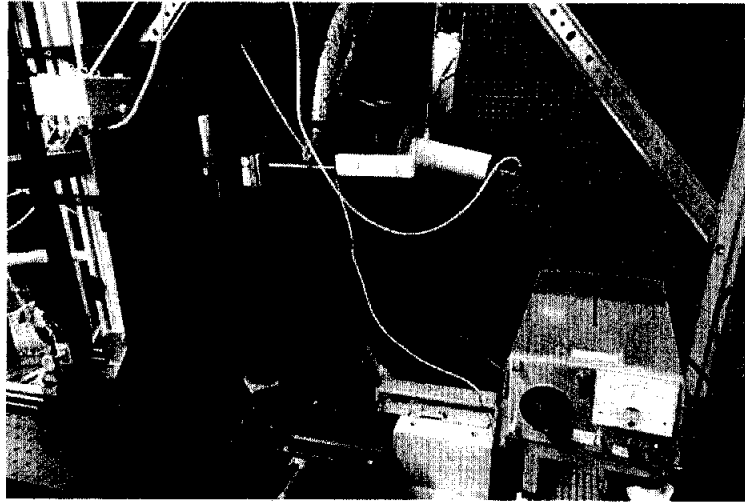


FIGURA 30: CONNESSIONI ELETTRICHE

Per tale scopo, una sonda HV (Tektronix P6015A) è stata posizionata sul lato del connettore HV e una sonda di corrente (Bergoz Current Transformer CT-D1.0-B) sul lato della terra. Le due sonde sono state connesse ad un oscilloscopio (Tektronix TDS2024C) e sono state quindi misurate istantaneamente nel tempo (t) sia la tensione applicata $V(t)$ che la corrente $I(t)$ fluente nel circuito.

La potenza dissipata P è stata quindi ricavata integrando i due segnali lungo un periodo T , utilizzando il metodo dei trapezi implementato in Matlab:

$$P = \frac{1}{T} \int_0^T I(t)V(t)dt$$

Figura 31 riporta un esempio delle curve caratteristiche di tensione e corrente utilizzate per la determinazione di \bar{P} .

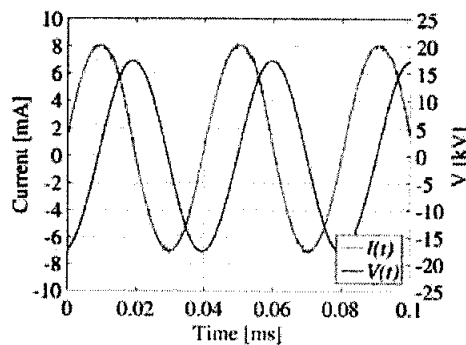


FIGURA 31: ESEMPIO DELLE CURVE CARATTERISTICHE DI TENSIONE E CORRENTE UTILIZZATE PER DETERMINARE LA POTENZA DISSIPATA

5.2 Modalità di esecuzione delle prove con e senza controllo e post-processing

L'analisi delle misure effettuate con DBIIT ha permesso di valutare forma del getto, penetrazione e angolo di diffusione, insieme con dimensione e distribuzione spaziale delle gocce all'interno dello spray.

Per ciascuna condizione operativa sono state acquisite 16099 immagini ad una frequenza di 20 kHz. Figura 32 riporta un esempio di immagini acquisite mediante DBIIT, al variare della distanza della telecamera dallo spray.

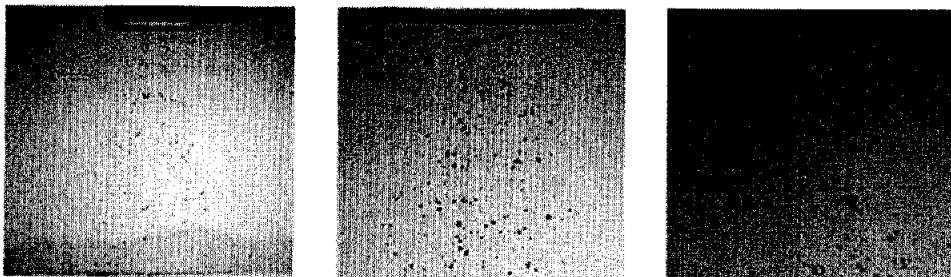


FIGURA 32: IMMAGINI ACQUISITE MEDIANTE DBIIT, AL VARIARE DELLA DISTANZA DELLA TELECAMERA DALLO SPRAY: LONTANO (SINISTRA), VICINO (CENTRO) E MOLTO VICINO (DESTRA)

Il post processing di ogni test è stato eseguito secondo i seguenti criteri:

- Per l'individuazione delle gocce è stata utilizzata la "Edge detection function with the Canny Method", sviluppata in ambiente Matlab;
- Per la determinazione dell'angolo di diffusione del getto si è innanzitutto proceduto alla suddivisione di ciascuna immagine in sotto aree rettangolari lungo tutta la direzione verticale. Per ogni rettangolo è stata determinata la posizione dei centroidi delle ultime due gocce presenti sia a destra che a sinistra e se ne è determinata la posizione media, ottenendo, in ogni rettangolo, i due estremi del getto. Infine, tutti gli estremi di destra e di sinistra sono stati fittati rispettivamente con un fitting lineare, rimuovendo gli *outliers*. L'angolo di diffusione medio è stato poi determinato dalla media di tutti gli angoli delle singole immagini.

È da tener presente che, per ottenere un maggior numero di punti per il fitting lineare, i rettangoli sono stati tracciati in ogni immagine in modo che fossero un po' sovrapposti fra loro. La sensitività al numero di rettangoli, in cui è stata suddivisa ciascuna immagine, è stata anche studiata ed è stata infine scelta la loro dimensione minima che assicurasse che ci fossero gocce racchiuse al suo interno.

- Per la determinazione della distribuzione spaziale dell'area delle gocce invece, il cono dello spray di ciascuna immagine è stato suddiviso in sotto aree rettangolari (è da tener presente che in tale step è stata utilizzata la stessa griglia per tutte le immagini, delimitata dal massimo angolo trovato). Per ogni quadrato è stata determinata l'area media e le aree ottenute nelle singole immagini sono state fra loro mediate, quadrato per quadrato.

La procedura sopra descritta è illustrata in Figura 33.

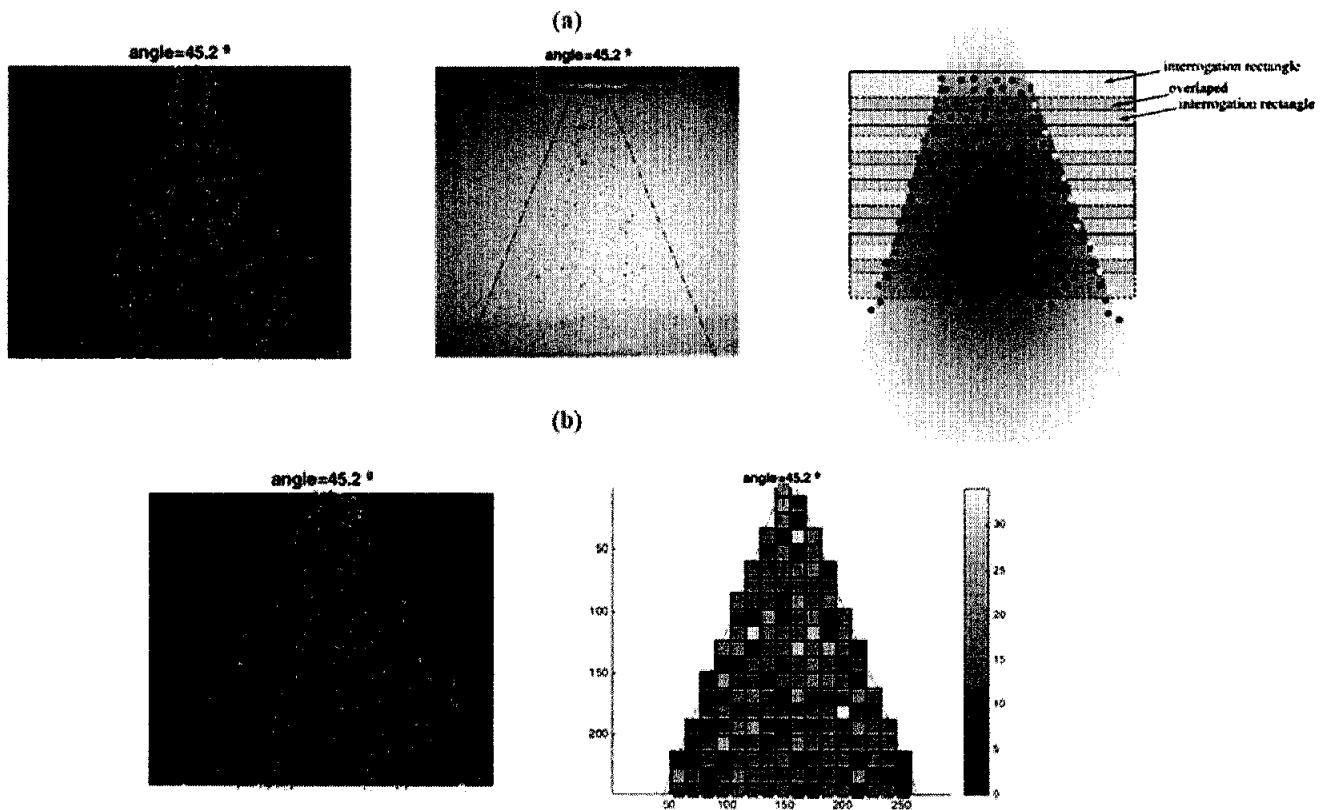


FIGURA 33: PROCEDURA PER LA DETERMINAZIONE DALL'ANGOLO DI DIFFUSIONE DEL GETTO (A) E DELLA DISTRIBUZIONE SPAZIALE E AREA MEDIA DELLE GOCCE (B).

Utilizzando poi un calibratore, i risultati ottenuti sono stati calibrati, passando dall'unità di misura in pixels alla misura in mm.

5.3 Risultati e discussione sulle prove sul controllo dello spray

Nelle figure sottostanti sono riportati i risultati ottenuti ad una pressione di 1.2 bar e 1.6 bar, in assenza e in presenza di attuazione. Le prove in presenza di controllo attivo sono state effettuate applicando un HV sinusoidale con frequenza di 25 kHz e tensione picco-picco attorno a 35.0 ± 0.8 kV.

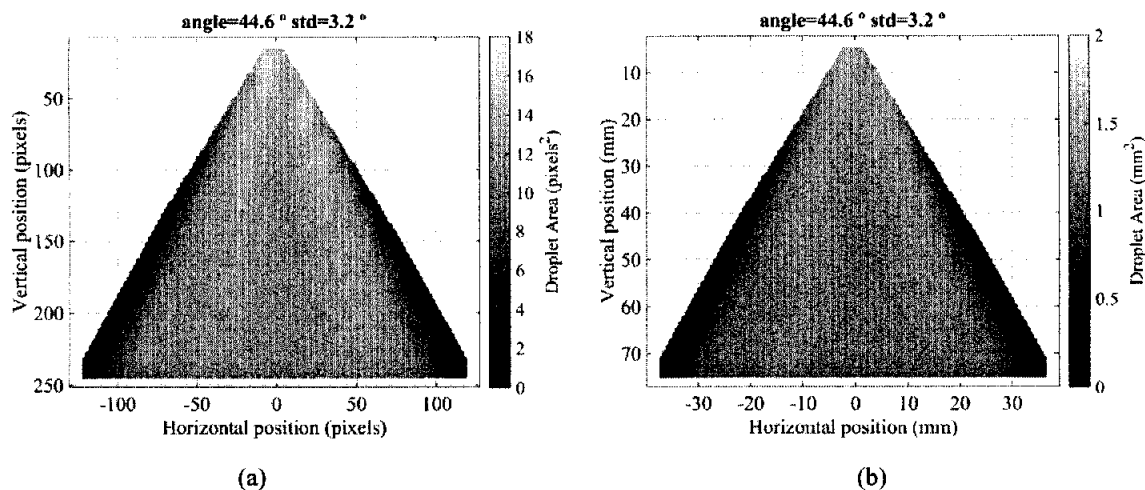


FIGURA 34: PRESSIONE 1.2 BAR: RISULTATI IN PIXELS² (A) E IN MM² (B) IN ASSENZA DI ATTUAZIONE.

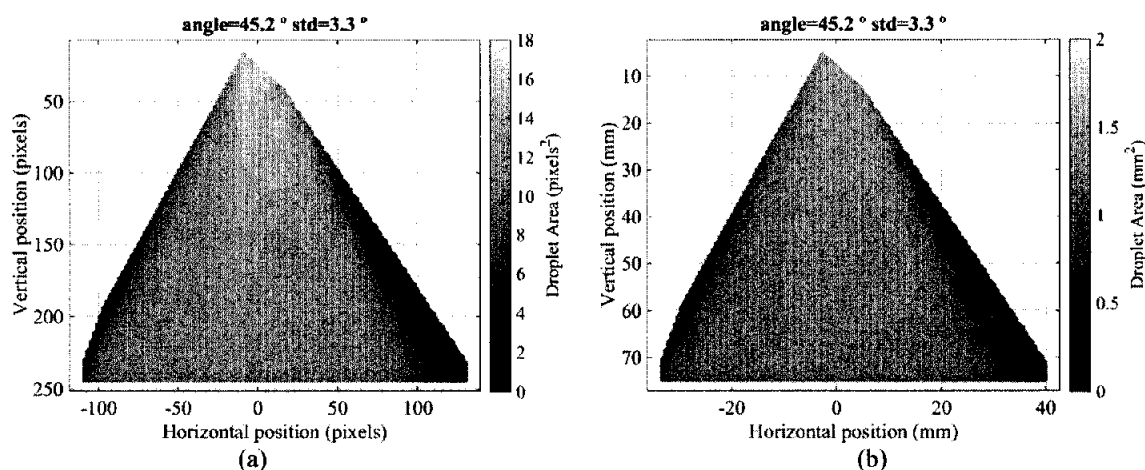


FIGURA 35: PRESSIONE 1.2 BAR: RISULTATI IN PIXELS² (A) E IN MM² (B) IN PRESENZA DI ATTUAZIONE ($P = 5.5 \pm 0.3 W$).

Dai risultati è evidente che sebbene l'angolo di diffusione del getto rimanga pressoché costante, l'attuatore comporta un cambiamento della distribuzione spaziale delle gocce all'interno dello spray. In particolare, l'attivazione del DBD-PA porta ad una concentrazione delle gocce più grandi al centro del getto, avendo quindi un effetto sullo spray.

Tali risultati sono confermati dalle prove a 1.6 bar, i cui risultati sono riportati in Figura 36.

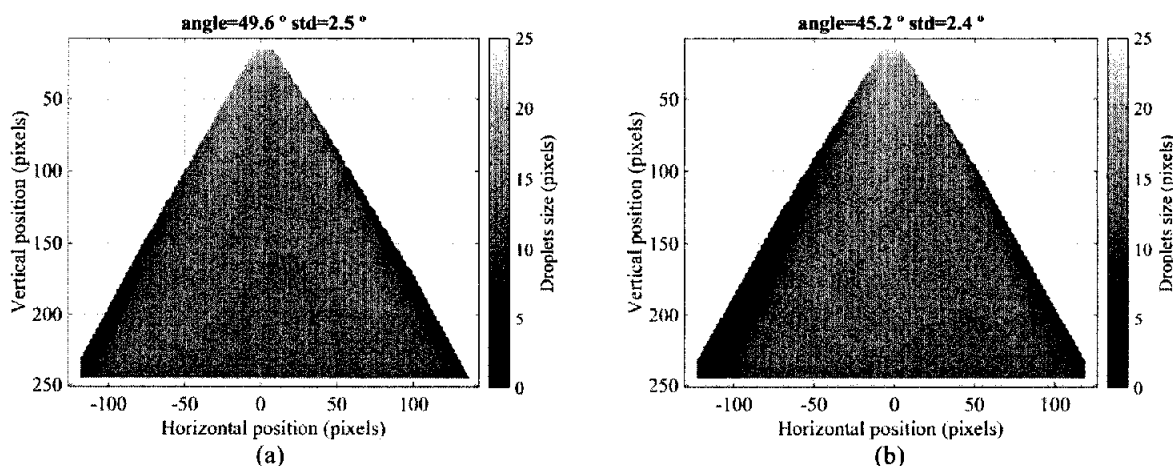


FIGURA 36: PRESSIONE 1.6 BAR: RISULTATI IN PIXELS² IN ASSENZA (A) E IN PRESENZA (B) DI ATTUAZIONE ($P = 5.3 \pm 0.3 W$).

Successivamente alle misure con DBIIT, sono state effettuate delle misure LDV, al fine di studiare l'effetto del plasma sulla velocità delle gocce. Le distribuzioni di velocità (velocità lungo l'asse orizzontale V_x e lungo l'asse verticale V_y) e le rispettive distribuzioni del root mean square (RMS), ottenute a valle del getto ($y = 5$ mm), sono riportate nelle immagini seguenti. Le prove in presenza di controllo attivo sono state effettuate applicando un HV sinusoidale con frequenza di 25 kHz e tensione picco-picco attorno a 36.0 ± 0.8 kV picco-picco. Il sistema di riferimento utilizzato per le misure LDV è quello riportato in Figura 29 (immagine a destra).

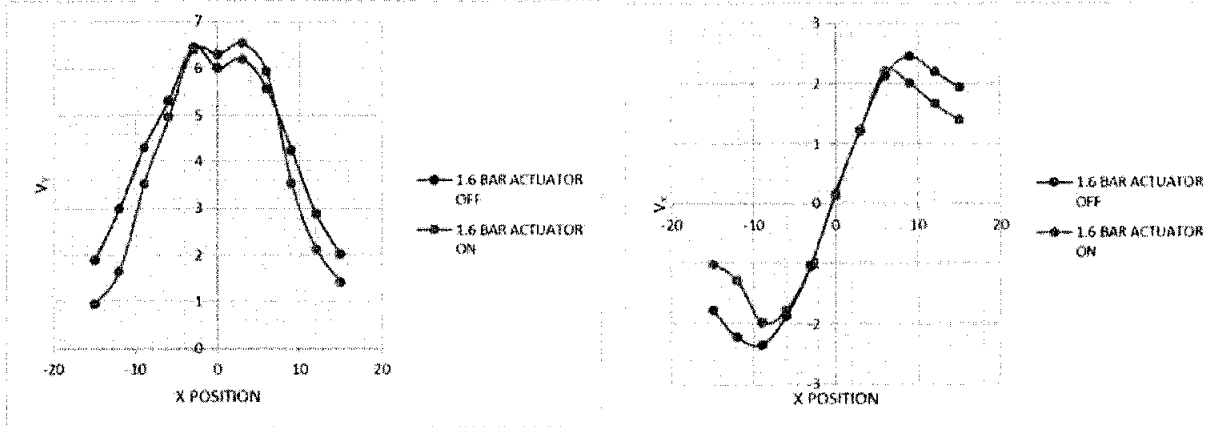


FIGURA 37: PROFILI DI VELOCITÀ A 1.6 BAR: RISULTATI IN ASSENZA E IN PRESENZA ($P = 3.4 \pm 0.2 W$) DI ATTUAZIONE.

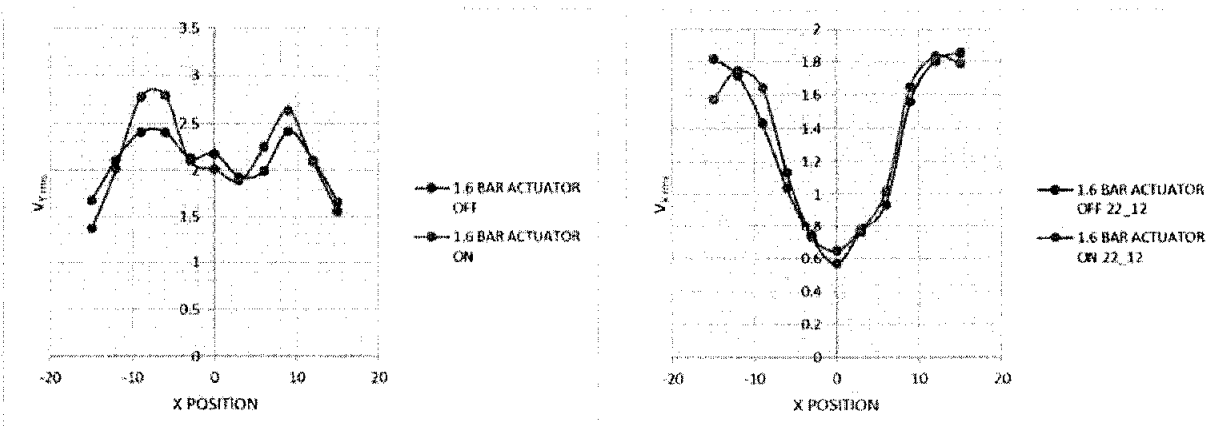


FIGURA 38: PROFILI DELL'RMS DELLA VELOCITÀ A 1.6 BAR: RISULTATI IN ASSENZA E IN PRESENZA ($P = 3.4 \pm 0.2 W$) DI ATTUAZIONE.

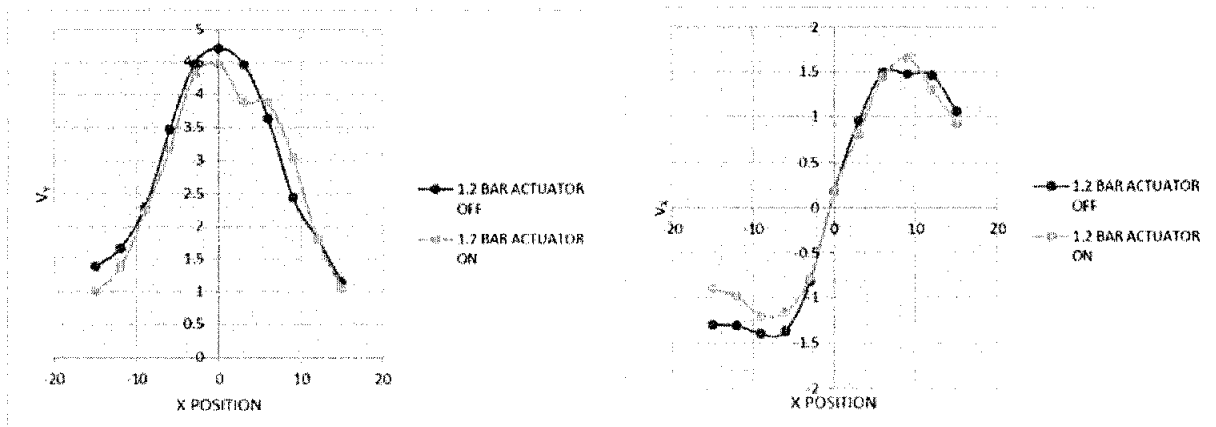


FIGURA 39: PROFILI DI VELOCITÀ A 1.2 BAR: RISULTATI IN ASSENZA E IN PRESENZA ($P = 2.3 \pm 0.2 W$) DI ATTUAZIONE.

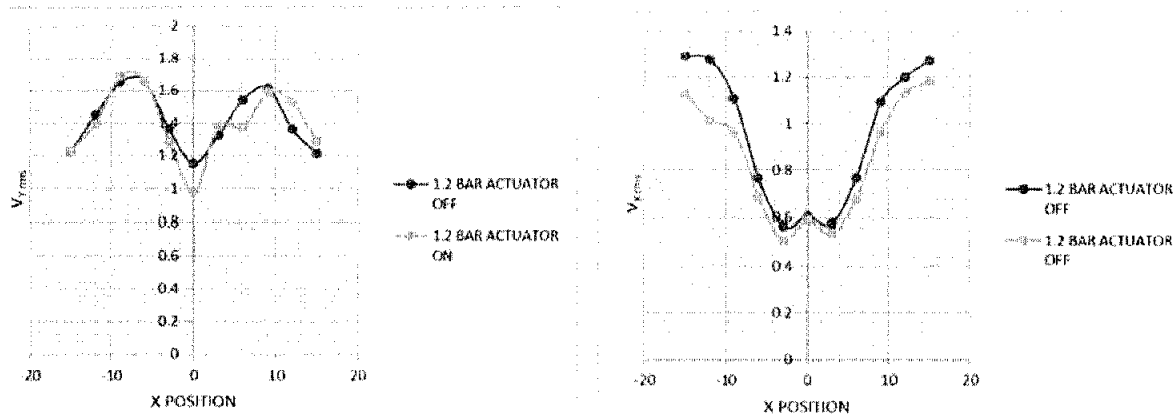


FIGURA 40: PROFILI DELL' RMS DELLA VELOCITÀ A 1.2 BAR: RISULTATI IN ASSENZA E IN PRESENZA ($P = 2.3 \pm 0.2 W$) DI ATTUAZIONE.

Dai risultati è stato possibile concludere che, mentre negli esperimenti con DBIIT si è notato che il plasma ha un effetto sulla distribuzione spaziale delle gocce nello spray, nessun effetto si è ha invece sulla velocità delle gocce. Ulteriori prove LDV saranno in futuro effettuate potenza dissipata più elevata.

5.4 Disseminazione dei risultati, trasferimento di conoscenze e scambi scientifici

Tale attività di ricerca è stata svolta in collaborazione con il "Thermofluids Research Group" della "Wolfson School of Mechanical Electrical and Manufacturing Engineering", Loughborough University, Loughborough, United Kingdom.

In tale contesto è stato infatti effettuato un seminario presso la sede universitaria di Loughborough alla quale hanno partecipato l'Ing. Elisa Pescini, in qualità di responsabile scientifico del progetto, e l'Ing. Maria Grazia De Giorgi, membro del gruppo di ricerca. Durante il seminario intitolato "Interactions between DBD plasma actuators and liquid sprays" il gruppo di ricerca dell'Università del Salento e dell'Università di Loughborough, hanno avuto l'opportunità di scambiare opinioni scientifiche sui risultati ottenuti e proporre possibilità di attività future da poter svolgere in collaborazione.

In tale occasione è anche stato stretto un Partnership Agreement fra il LABORATORIO GREEN ENGINE del Dipartimento di Ingegneria dell'Innovazione dell'Università del Salento e la WOLFSON SCHOOL OF MECHANICAL ELECTRICAL AND MANUFACTURING ENGINEERING dell'Università di Loughborough.

Frutto del lavoro in collaborazione è stato anche un ABSTRACT presentato per l'8th EASN-CEAS International Workshop on Manufacturing for Growth & Innovation, che si terrà a University of Glasgow dal 4 al 07 settembre 2018. Il titolo dell' abstract è "Experimental investigation of dielectric barrier discharge plasma effects on liquid spray injection". L'abstract è stato accettato ma il corrispondente paper da presentare alla conferenza è ancora in scrittura.

Le attività svolte sono anche state presentate al meeting AVT-41st PMW (Meeting: AVT 41st PMW Spring 2018 Panel Business Meeting Week, Turin, 16/04/2018- 20/04/2018).

6 CONCLUSIONI, CRITICITÀ E SVILUPPI FUTURI

Tale attività progettuale ha permesso effettuare uno studio di fattibilità riguardo la possibilità di utilizzare un gasolio additivato con nanoparticelle di allumina in un combustore di derivazione aeronautica per controllarne sia la stabilità di fiamma che il livello di emissioni (ATTIVITÀ 2). Inoltre ha permesso anche di investigare la possibilità di utilizzare un attuatore al plasma DBD-PA per il controllo dello spray di combustibile (ATTIVITÀ 3).

Riguardo l'ATTIVITÀ 2, in seguito all'allestimento del setup sperimentale, l'attenzione è stata prima focalizzata sulla preparazione del combustibile additivato. Una volta ottenuta una miscela stabile, l'attività si è spostata sull'utilizzo di tale combustibile nanoadditivato nel combustore sopra menzionato. Sono stati quindi eseguiti test sperimentali utilizzando combustibile additivato e combustibile standard, al variare del rapporto combustibile/aria. I risultati ottenuti in termini di analisi delle immagini e delle emissioni del processo di combustione, sono stati fra loro confrontati. In definitiva è stato notato che, utilizzando il combustibile nanoadditivato, è possibile abbassare le temperature all'interno del combustore, rispetto a quelle ottenute quando si brucia combustibile tradizionale. Questo implica una produzione di ossidi di azoto e di anidride carbonica più bassa rispetto al combustibile tradizionale. Mentre si ha un leggero aumento della produzione di monossido di carbonio e di ossigeno. Per quanto riguarda l'analisi della morfologia della fiamma, effettuata con telecamera veloce nel visibile, si è notato che la distribuzione della fiamma risulta simile per i due combustibili testati ma con un'intensità maggiore per il combustibile tradizionale. Questo potrebbe essere dovuto al fatto che il combustibile nanoadditivato, mantenendo più basse le temperature del processo di combustione, abbassa l'emissione luminosa della fiamma. Infine le analisi di chemiluminescenza hanno evidenziato la potenziale capacità dell' Al_2O_3 di ampliare le zone di reazione del processo di combustione.

Alla luce dei risultati ottenuti, si prevede di ripetere nell'imminente futuro le medesime prove ma sostituendo le nanoparticelle di allumina con altre tipologie, quali i nanotubi di carbonio, al fine di vedere se è possibile ottenere un maggiore effetto sul controllo della fiamma stessa. Inoltre si vorrebbe anche effettuare un confronto fra gasolio nanoadditivato e con una diversa tipologia di combustibile, quale il biodiesel annoadditivato.

Riguardo invece ATTIVITÀ 3, è stato inizialmente realizzato un setup sperimentale per il controllo dello spray con DBD-PAs. Successivamente sono state eseguite prove con tecniche ottiche quali la DBIIT e LDV al fine di studiare l'effetto del plasma sullo spray. Dai risultati ottenuti con le prove con DBIIT, è evidente che, sebbene l'angolo di diffusione del getto rimanga pressoché costante, l'attuatore comporta un cambiamento della distribuzione spaziale delle gocce all'interno dello spray. In particolare, l'attivazione del DBD-PA porta ad una concentrazione delle gocce più grandi al centro del getto. D'altro canto, negli esperimenti LDV nessun effetto si è invece notato sulla velocità delle gocce stesse. Nell'immediato futuro, ulteriori prove LDV saranno in futuro effettuate potenza dissipata più elevata. Sulla base dei risultati ottenuti, si effettueranno in futuro prove con fluidi di lavoro con proprietà equivalenti a combustibile liquido, quale il gasolio, e a pressione pari alle pressioni tipiche di iniezione, al fine della diretta applicazione in combustione.

Infatti, lo step finale di tale fase, previsto nell'idea progettuale, sarebbe consistito nell'effettuare prove sperimentali con DBD-PA applicato all'iniezione direttamente in camera di combustione. Va fatto però presente che la comunicazione di scorrimento graduatoria e finanziamento del progetto in oggetto è stata comunicata in data 24/01/2018 (D.R. n. 33). Le attività di progetto hanno avuto quindi inizio il giorno 5 Febbraio, invece che nel giorno 6 Novembre, come previsto nel Diagramma di Gantt delle attività presentato in seno alla proposta progettuale. Inoltre i fondi sono stati disponibili a partire dal 12/03/2018, con conseguente penalizzazione nello svolgimento delle attività tenuto conto delle modalità e delle tempistiche necessarie per avviare procedure d'acquisto. A causa della ridotta durata del progetto, l'Attività 3 è stata penalizzata e, rispetto a quanto previsto in seno alla proposta progettuale, non è stato purtroppo possibile effettuare le modifiche dell'impianto necessarie per poter realizzare prove sperimentali in combustione, al fine di verificare l'effetto del controllo attivo sulla stabilizzazione della fiamma. Tale sarà quindi un'altra delle prossime attività di ricerca che si effettueranno nel futuro prossimo. L'attuazione sarà applicata sullo spray di combustibile e sarà fatta intervenire per rapporti aria/combustibile già testati nell'ATTIVITÀ 2. Inoltre, si amplierà ulteriormente il post-processing dei dati acquisiti nell'ATTIVITÀ 2 e le due tecniche di controllo proposte (utilizzo di combustibile nano-additivato e controllo attivo con DBD-PA) potranno quindi essere completamente confrontate in termini di parametri di combustione ed emissioni inquinanti.

7 ELENCAZIONE CONTABILE ANALITICA DELLE SPESE SOSTENUTE, ARTICOLATA PER VOCI DI SPESA SECONDO L'ART. 5 DEL BANDO

Il costo complessivo del progetto (iva inclusa) è risultata di € 6016,52 (inferiore all' importo di € 10973,51 del finanziamento), così articolati:

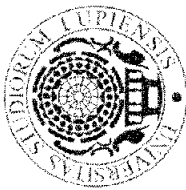
<p><i>Spese per acquisizione di piccola strumentazione, ivi compresi la strumentazione informatica e i software (di importo inferiore 5.000,00 euro, IVA inclusa), escluse le spese di personal computer</i></p>	<p>Integrazione dei sistemi di generazione/acquisizione già presenti presso i laboratori del Dipartimento di Ingegneria dell'Innovazione dell'Università del Salento</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. <u>Generatore di alta tensione</u> DRIVER AL PLASMA (Percipiente: INFORMATION UNLIMITED).....€ 685,05 SDOGANAMENTO DRIVER AL PLASMA (Percipiente: FEDEX EXPRESS ITALY SRL€ 184,42 2. <u>Modulo per la generazione del segnale in tensione</u> GENERATORE (Percipiente: BATTER FLY S.R.L.)€ 924,76 3. <u>Target di calibrazione telecamere e relativi accessori di montaggio</u> CALIBRATORE CON ACCESSORI (Percipiente: THORLABS GmbH).....€ 1200,80 <p>TOTALE.....€ 2995,03</p>
<p><i>Spese per stages e scambi scientifici</i></p>	<p>Meeting e stages presso gli enti collaboranti al progetto</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Missione a Torino del 19-21/4/2018 - AVT 41st Panel Business Meeting Week (Percepiente: ELISA PESCHINI).....€ 341,97 2. Missione a Torino del 19-21/4/2018 - AVT 41st Panel Business Meeting Week (Percepiente: MARIA GRAZIA DE GIORGI).....€ 439,89 3. Missione a Loughborough del 26-29/4/2018-Meeting Università del Salento/Loughborough su attività in corso di collaborazione (interazione plasma-spray) (Percepiente: ELISA PESCHINI)€ 352,55 4. Missione a Loughborough del 26-29/4/2018-Meeting Università del Salento/Loughborough su attività in corso di collaborazione (interazione plasma-spray) (Percepiente: MARIA GRAZIA DE GIORGI)€ 411,37 5. Missione a Roma del 21/6/2018 - Partecipazione riunione ACARE (meeting finalizzato a scambi scientifici) (Percepiente: ANTONIO FICARELLA)€ 278,78 6. Missione a Torino del 6-7/6/2018 - Partecipazione al convegno CO2 Reduction for Transportation Systems Conference finalizzato a scambi scientifici (Percepiente: CARLUCCI ANTONIO PAOLO)€ 829,97 7. Missione a Roma del 21/6/2018 - Meeting finalizzato a scambi scientifici con colleghi c/o Facoltà di Ingegneria dell'Università La Sapienza (Percepiente: MARIA GRAZIA DE GIORGI)€ 180,16 <p>TOTALE.....€ 2834,69</p>

<i>Altri costi di esercizio direttamente imputabili all'attività di ricerca</i>	Materiale da consumo per il laboratorio:
	1. Silicone (Percepiente: BRICO).....€ 2,99
	2. Mosfet IRFP450 (Percepiente: ELETTRONICA SUD)€ 15,00
	3. Mosfet IR2153 (Percepiente: EURONET ELETTRONICA SRL).....€ 9,60
	4. Tappeto dielettrico (Percepiente: ANTINFORTUNISTICA GENERALE).....€ 159,21
	TOTALE.....€ 186,80
<i>Totale spese sostenute</i>	€ 6016,52

Si riporta in allegato il Partitario Bilancio Spesa e la copia dei Mandati di Pagamento effettuati ad oggi.

8 BIBLIOGRAFIA

- [1] T. Shaafi, K. Sairam, A. Gopinath, G. Kumaresan, and R. Velraj, "Effect of dispersion of various nanoadditives on the performance and emission characteristics of a CI engine fuelled with diesel, biodiesel and blends—A review," *Renew. Sustain. Energy Rev.*, vol. 49, pp. 563–573, Sep. 2015.
- [2] J. Sathik Basha and R. B. Anand, "The influence of nano additive blended biodiesel fuels on the working characteristics of a diesel engine," *J. Braz. Soc. Mech. Sci. Eng.*, vol. 35, no. 3, pp. 257–264, Oct. 2013.
- [3] J. Sathik Basha and R. B. Anand, "Role of nanoadditive blended biodiesel emulsion fuel on the working characteristics of a diesel engine," *J. Renew. Sustain. Energy*, vol. 3, no. 2, p. 023106, Mar. 2011.
- [4] J. S. Basha and R. B. Anand, "An Experimental Study in a CI Engine Using Nanoadditive Blended Water–Diesel Emulsion Fuel," *Int. J. Green Energy*, vol. 8, no. 3, pp. 332–348, Apr. 2011.
- [5] K. Kannaiyan, K. Anoop, and R. Sadr, "Effect of Nanoparticles on the Fuel Properties and Spray Performance of Aviation Turbine Fuel," *J. Energy Resour. Technol.*, vol. 139, no. 3, p. 032201, Oct. 2016.
- [6] Rosocha L.A., Kim Y., Anderson G.K., Abbate S., "Combustion Enhancement Using Silent Electrical Discharges," *Int. J. Plasma Environ. Sci. Technol.*, vol. 1, no. 1, pp. 8–13, Mar. 2007.
- [7] Y. N. Mendez Hernandez, M. Bardi, J. Viera, and R. Payri, "An Experimental Approach in the Impact of Electric Fields on Liquid Fuel Spray Injection," 2013.
- [8] Coates Don M., Rosocha Louis A., "FUEL INJECTOR UTILIZING NON-THERMAL PLASMA ACTIVATION," *US Pat. NO US 7625531 B1*, pp. 1–8, Dec. 2009.



Partitario Bilancio Spesa

Esercizio 2018
Data 27/06/2018

Ente

Nome Ente
Nome Dipartimento

Università del Salento

UPB :Pescini.5xMille2017 Progetto 5xMille per la ricerca - Bando 2017

Tot.Previsione UPB € 0,00 Totale Vincolo Anni Precedenti € 0,00

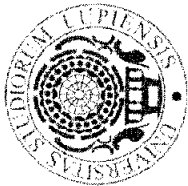
Bilancio:10210004 Missioni e rimborsi spese di trasferta

Responsabile : Pescini Elisa

Competenza	Previsione iniziale: Variazioni di previsione: Previsione assestata:	Vincolo Impegno Pagamenti Vincolo da Pagare Impegno da Pagare 5.800,00 5.800,00	2.834,69 2.834,69 2.834,69
Residuo	Vincolo Var. Vincolo Impegno Var. Impegno	<i>Disp.per ulteriore Vincolo</i> <i>Disp.per ulteriore Impegno</i> Residui Pagati Variazioni su pagamenti residui Residui da Pagare Residui da Pagare	<i>Disponibilità a Liquidazione Comp.</i> 2.965,31 2.965,31
		Vincolo altri Resp. Impegno altri Resp. Pagamenti altri Resp.	2.965,31

Variazioni Previsione di Competenza

Num. Ufficiale	Descrizione	Tipo Variazione	Importo Variaz	Provvedimento	Data	Num.
397	Iscrizione per trasferimento fondo 5 per mille 2015 Elisa Pescini	Storno	5.800,00	DD n. 146 del 12/04/2018 - variazione n. 1/2018	12/03/2018	397



Partitario Bilancio Spesa

Esercizio 2018

Data 27/06/2018

Ente

Nome Ente

Nome Dipartimento

Università del Salento

UPB :Pescini.5XMillie2017 Progetto 5xMille per la ricerca - Bando 2017

Tot.Previsione UPB € 0,00 Totale Vincolo Anni Precedenti € 0,00

Bilancio:10210004 Missioni e rimborsi spese di trasferta

Responsabile : Pescini Elisa

Elenco Movimenti

Fase	Data	C/R	Eserc.	N.	Descrizione - Percipiente	Vincolo	Disponibilità per ulteriori Impegno	Impegno	Liquidazione
Vincolo	05/06/2018	C	2018	6642	Missione a Torino del 19-21/4/2018 - AVT 41st Panel Business Meeting Week (Doc. Mis. 18/000579 del 19/4/2018)	341,97			
Impegno	05/06/2018	C	2018	5964	Missione a Torino del 19-21/4/2018 - AVT 41st Panel Business Meeting Week (Doc. Mis. 18/000579 del 19/4/2018) Percipiente: PESCINI ELISA (Disp. per ulteriori Liquidazione 0,00)			341,97	
Liquidazione	05/06/2018	C	2018	6258	Missione a Torino del 19-21/4/2018 - AVT 41st Panel Business Meeting Week (Doc. Mis. 18/000579 del 19/4/2018) Mandato di pagamento n. 3732, Data Stampa 05/06/2018; Data Trasmissione 05/06/2018; Data Esitazione 08/06/2018;				341,97
Vincolo	11/06/2018	C	2018	6751	Missione a Loughborough del 26-29/4/2018-Meeting Università del Salento/Loughborough su attività in corso di collaborazione (interazione plasma-spray) (Doc. Mis.18/000607 del 26/4/2018)	352,55			
Impegno	11/06/2018	C	2018	6060	Missione a Loughborough del 26-29/4/2018-Meeting Università del Salento/Loughborough su attività in corso di collaborazione (interazione plasma-spray) (Doc. Mis. 18/000607 del 26/4/2018) Percipiente: PESCINI ELISA (Disp. per ulteriori Liquidazione 0,00)			352,55	
Liquidazione	11/06/2018	C	2018	6378	Missione a Loughborough del 26-29/4/2018-Meeting Università del Salento/Loughborough su attività in corso di collaborazione (interazione plasma-spray) (Doc. Mis. 18/000607 del 26/4/2018) Mandato di pagamento n. 3844, Data Stampa 11/06/2018; Data Trasmissione 12/06/2018; Data Esitazione 14/06/2018;				352,55



Partitario Bilancio Spesa

Esercizio 2018
Data 27/06/2018

Ente

Nome Ente
Nome Dipartimento

Università del Salento

UPB :Pescini.5xMille2017 Progetto 5xMille per la ricerca - Bando 2017

Tot.Previsione UPB € 0,00 Totale Vincolo Anni Precedenti € 0,00

Bilancio:10210004 Missioni e rimborsi spese di trasferta

Responsabile : Pescini Elisa

Elenco Movimenti

Fase	Data	C/R	Eserc.	N.	Descrizione - Percipiente	Vincolo	Disponibilità per ulteriori Impegno	Impegno	Liquidazione
Vincolo	11/06/2018	C	2018	6776	Missione a Torino del 19-21/4/2018 - AVT 41st Panel Business Meeting Week (Doc. Mis.18/000580 del 19/4/2018)	439,89			
Impegno	11/06/2018	C	2018	6087	Missione a Torino del 19-21/4/2018 - AVT 41st Panel Business Meeting Week (Doc. Mis.18/000580 del 19/4/2018) Percipiente: DE GIORGI MARIA GRAZIA (Disp. per ulteriori Liquidazione 0,00)			439,89	
Liquidazione	11/06/2018	C	2018	6403	Missione a Torino del 19-21/4/2018 - AVT 41st Panel Business Meeting Week (Doc. Mis.18/000580 del 19/4/2018) Mandato di pagamento n. 3863. Data Stampa 11/06/2018; Data Trasmissione 12/06/2018; Data Esitazione 14/06/2018;				439,89
Vincolo	11/06/2018	C	2018	6787	Missione a Loughborough del 26-29/4/2018-Meeting Università del Salento/Loughborough su attività in corso di collaborazione (interazione plasma-spray) (Doc. Mis.18/000608 del 26/4/2018)	411,37			
Impegno	11/06/2018	C	2018	6096	Missione a Loughborough del 26-29/4/2018-Meeting Università del Salento/Loughborough su attività in corso di collaborazione (interazione plasma-spray) (Doc. Mis.18/000608 del 26/4/2018) Percipiente: DE GIORGI MARIA GRAZIA (Disp. per ulteriori Liquidazione 0,00)			411,37	
Liquidazione	11/06/2018	C	2018	6411	Missione a Loughborough del 26-29/4/2018-Meeting Università del Salento/Loughborough su attività in corso di collaborazione (interazione plasma-spray) (Doc. Mis.18/000608 del 26/4/2018) Mandato di pagamento n. 3871. Data Stampa 11/06/2018; Data Trasmissione 12/06/2018; Data Esitazione 14/06/2018;				411,37



Partitario Bilancio Spesa

Esercizio 2018
Data 27/06/2018

Ente

Nome Ente

Nome Dipartimento

Università del Salento

UPB :Pescini.5xMille2017 Progetto 5xMille per la ricerca - Bando 2017

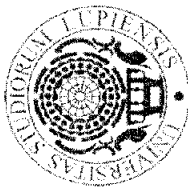
Tot.Previsione UPB € 0,00 Totale Vincolo Anni Precedenti € 0,00

Bilancio:10210004 Missioni e rimborsi spese di trasferta

Responsabile : Pescini Elisa

Elenco Movimenti

Fase	Data	C/R	Eserc.	N.	Descrizione - Percipiente	Vincolo	Disponibilità per ulteriori Impegno	Impegno	Liquidazione
Vincolo	25/06/2018	C	2018	7270	Missione a Roma del 21/6/2018 - Partecipazione riunione ACARE (meeting finalizzato a scambi scientifici) (Doc. Mis.18/001048 del 16/6/2018)	278,78			
Impegno	25/06/2018	C	2018	6575	Missione a Roma del 21/6/2018 - Partecipazione riunione ACARE (meeting finalizzato a scambi scientifici) (Doc. Mis.18/001048 del 16/6/2018) Percipiente: FICARELLA ANTONIO (Disp. per ulteriori Liquidazione 0,00)			278,78	
Liquidazione	25/06/2018	C	2018	6973	Missione a Roma del 21/6/2018 - Partecipazione riunione ACARE (meeting finalizzato a scambi scientifici) (Doc. Mis.18/001048 del 16/6/2018) Mandato di pagamento n. 4342. Data Stampa 25/06/2018; Data Trasmissione 25/06/2018;				278,78
Vincolo	25/06/2018	C	2018	7271	Missione a Torino del 6-7/6/2018 - Partecipazione al convegno CO2 Reduction for Transportation Systems Conference finalizzato a scambi scientifici (Doc. Mis.18/000886 del 28/5/2018)	829,97			
Impegno	25/06/2018	C	2018	6576	Missione a Torino del 6-7/6/2018 - Partecipazione al convegno CO2 Reduction for Transportation Systems Conference finalizzato a scambi scientifici (Doc. Mis.18/000886 del 28/5/2018) Percipiente: CARLUCCI ANTONIO PAOLO (Disp. per ulteriori Liquidazione 0,00)			829,97	
Liquidazione	25/06/2018	C	2018	6974	Missione a Torino del 6-7/6/2018 - Partecipazione al convegno CO2 Reduction for Transportation Systems Conference finalizzato a scambi scientifici (Doc. Mis.18/000886 del 28/5/2018) Mandato di pagamento n. 4343. Data Stampa 25/06/2018; Data Trasmissione 25/06/2018;				829,97



Partitario Bilancio Spesa

Esercizio 2018
Data 27/06/2018

Ente

Università del Salento

Nome Ente

Nome Dipartimento

UPB :Pescini.5xMille2017 Progetto 5xMille per la ricerca - Bando 2017

Tot.Previsione UPB € 0,00 Totale Vincolo Anni Precedenti € 0,00

Bilancio:10210004 Missioni e rimborsi spese di trasferta

Responsabile : Pescini Elisa

Elenco Movimenti

Fase	Data	C/R	Eserc.	N.	Descrizione - Percipiente	Vincolo	Disponibilità per ulteriori Impegno	Impegno	Liquidazione
Vincolo	25/06/2018	C	2018	7272	Missione a Roma del 21/6/2018 - Meeting finalizzato a scambi scientifici con colleghi c/o Facoltà di Ingegneria dell'Università La Sapienza (Doc. Mis. 18/001105 del 25/6/2018)	180,16			
Impegno	25/06/2018	C	2018	6577	Missione a Roma del 21/6/2018 - Meeting finalizzato a scambi scientifici con colleghi c/o Facoltà di Ingegneria dell'Università La Sapienza (Doc. Mis. 18/001105 del 25/6/2018) Percipiente: DE GIORGI MARIA GRAZIA (Disp. per ulteriori Liquidazione 0,00)			180,16	
Liquidazione	25/06/2018	C	2018	6975	Missione a Roma del 21/6/2018 - Meeting finalizzato a scambi scientifici con colleghi c/o Facoltà di Ingegneria dell'Università La Sapienza (Doc. Mis. 18/001105 del 25/6/2018) Mandato di pagamento n. 4344. Data Stampa 25/06/2018; Data Trasmissione 25/06/2018;				180,16

Totale movimenti

2.834,69

2.834,69

2.834,69



Partitario Bilancio Spesa

Esercizio 2018
Data 27/06/2018

Ente

Nome Ente

Nome Dipartimento

Università del Salento

UPB :Pescini.5XMille2017 Progetto 5xMille per la ricerca - Bando 2017

Tot.Previsione UPB € 0,00 Totale Vincolo Anni Precedenti € 0,00

Bilancio:10301023 Acquisto materiale di laboratorio

Responsabile : Pescini Elisa

Competenza	Previsione iniziale: Variazioni di previsione: Previsione assestata:	214,21 214,21	Vincolo Impegno Pagamenti Vincolo da Pagare Impegno da Pagare <i>Disp.per ulteriore Vincolo</i> <i>Disp.per ulteriore Impegno</i>	186,80 186,80 186,80 27,41 27,41	Vincolo altri Resp. Impegno altri Resp. Pagamenti altri Resp. <i>Disponibilità a Liquidazione Comp.</i>	27,41
Residuo	Vincolo Var. Vincolo Impegno Var. Impegno		Residui Pagati Variazioni su pagamenti residui Residui da Pagare Residui da Pagare		Vincolo altri Resp. Pagamenti altri Resp.	

Variazioni Previsione di Competenza

Num. Ufficiale	Descrizione	Tipo Variazione	Importo Variaz	Provvedimento	Data	Num.
397	Iscrizione per trasferimento fondo 5 per mille 2015 Elisa Pescini	Storno	214,21	DD n. 146 del 12/04/2018 - variazione n. 1/2018	12/03/2018	397



Partitario Bilancio Spesa

Esercizio 2018
Data 27/06/2018

Ente

Università del Salento

Nome Ente

Nome Dipartimento

UPB :Pescini.5XMille2017 Progetto 5xMille per la ricerca - Bando 2017

Tot.Previsione UPB € 0,00 Totale Vincolo Anni Precedenti € 0,00

Bilancio:10301023 Acquisto materiale di laboratorio

Responsabile : Pescini Elisa

Elenco Movimenti

Fase	Data	C/R	Eserc.	N.	Descrizione - Percipiente	Vincolo	Disponibilità per ulteriori Impegno	Impegno	Liquidazione
Vincolo	25/05/2018	C	2018	6369	Reintegro fondo economale Fondo Economale Dip. Ingegneria dell'Innovazione	186,80			
Impegno	25/05/2018	C	2018	5690	Reintegro fondo economale Fondo Economale Dip. Ingegneria dell'Innovazione Percipiente: DIRETTORE DIP.TO DI INGEGNERIA DELL'INNOVAZIONE (Disp. per ulteriori Liquidazione 0,00)			186,80	
Liquidazione	25/05/2018	C	2018	5955	Reintegro fondo economale Fondo Economale Dip. Ingegneria dell'Innovazione Mandato di pagamento n. 3489. Data Stampa 25/05/2018; Data Trasmissione 07/06/2018;				186,80

Totale movimenti

186,80

186,80

186,80



Partitario Bilancio Spesa

Esercizio 2018
Data 27/06/2018

Ente

Nome Ente

Nome Dipartimento

Università del Salento

UPB :Pescini.5xMille2017 Progetto 5xMille per la ricerca - Bando 2017

Tot.Previsione UPB € 0,00 Totale Vincolo Anni Precedenti € 0,00

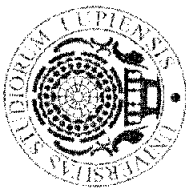
Bilancio:21101001 Acquisto attrezzature tecnico-scientifiche

Responsabile : Pescini Elisa

Competenza	Previsione iniziale: Variazioni di previsione: Previsione assestata:	Vincolo Impegno Pagamenti Vincolo da Pagare Impegno da Pagare Disp.per ulteriore Vincolo Disp.per ulteriore Impegno	2.995,03 2.995,03 1.909,02 1.086,01 1.086,01 1.964,27 1.964,27	Vincolo altri Resp. Impegno altri Resp. Pagamenti altri Resp. Disponibilità a Liquidazione Comp.	3.050,28
Residuo	Vincolo Var. Vincolo Impegno Var. Impegno	Residui Pagati Variazioni su pagamenti residui Residui da Pagare Residui da Pagare		Vincolo altri Resp. Pagamenti altri Resp.	

Variazioni Previsione di Competenza

Num. Ufficiale	Descrizione	Tipo Variazione	Importo Variaz	Provvedimento	Data	Num.
397	Iscrizione per trasferimento fondo 5 per mille 2015 Elisa Pescini	Storno	4.959,30	DD n. 146 del 12/04/2018 - variazione n. 1/2018	12/03/2018	397



Partitario Bilancio Spesa

Esercizio 2018
Data 27/06/2018

Ente

Università del Salento

Nome Ente

Nome Dipartimento

UPB :Pescini.5XMille2017 Progetto 5xMille per la ricerca - Bando 2017

Tot.Previsione UPB € 0,00 Totale Vincolo Anni Precedenti € 0,00

Bilancio:21101001 Acquisto attrezzature tecnico-scientifiche

Responsabile : Pescini Elisa

Elenco Movimenti

Fase	Data	C/R	Eserc.	N.	Descrizione - Percipiente	Vincolo	Disponibilità per ulteriori Impegno	Impegno	Liquidazione
Vincolo	16/04/2018	C	2018	4822	CALIBRATORE CON ACCESSORI (Doc. Ord.ING_UJ/18/000028 del 16/4/2018)	1.013,16			
Var. Vincolo	08/06/2018		2018	1	DIMEZZATE SPESE DI SPEDIZIONE	-28,90			
Impegno	16/04/2018	C	2018	4221	CALIBRATORE CON ACCESSORI (Doc. Ord.ING_UJ/18/000028 del 16/4/2018) Percipiente: THORLABS GmbH (Disp. per ulteriori Liquidazione 0,00)			1.576,04	
Var. Impegno	30/05/2018		2018	1	Annullamento o sostituzione o cancellazione dett. contratto passivo ING_UJ/2018/28			-591,78	
Liquidazione	15/06/2018	C	2018	6605	PAGAMENTO INVOICE MI2993956 DEL 11/05/2018 CALIBRATORE (ORD. UJ N. 28 DEL 16/04/2018) CIG: Z7F226ABB6 (Doc. I. MI2993956 del 11/5/2018) Mandato di pagamento n. 4044. Data Stampa 15/06/2018; Data Trasmissione 20/06/2018; Data Esitazione 22/06/2018;				260,78
Liquidazione	15/06/2018	C	2018	6606	PAGAMENTO INVOICE MI3004892 DEL 07/05/2018 CALIBRATORE (ORD. N. 28/2018) CIG: Z7F226ABB6 (Doc. I.MI3004892 del 7/5/2018) Mandato di pagamento n. 4044. Data Stampa 15/06/2018; Data Trasmissione 20/06/2018; Data Esitazione 22/06/2018;				723,48
Vincolo	16/04/2018	C	2018	4823	IVA INTRA SU ORDINE 26/2018 INTRA CEE DITTA THORLABS ATTREZZATURE SCIENTIFICHE PROF.SSA PESCINI	216,53			
Var. Vincolo	12/06/2018		2018	1	aumento per arrotondamenti	0,01			
Impegno	16/04/2018	C	2018	4222	IVA INTRA SU ORDINE 26/2018 INTRA CEE DITTA THORLABS ATTREZZATURE SCIENTIFICHE PROF.SSA PESCINI Percipiente: UNIVERSITA' DEL SALENTO (Disp. per ulteriori Liquidazione 216,54)			216,53	
Var. Impegno	12/06/2018		2018	1	aumento per arrotondamenti			0,01	



Partitario Bilancio Spesa

Esercizio 2018
Data 27/06/2018

Ente

Università del Salento

Nome Ente

Nome Dipartimento

UPB :Pescini.5XMille2017 Progetto 5xMille per la ricerca - Bando 2017

Tot.Previsione UPB € 0,00 Totale Vincolo Anni Precedenti € 0,00

Bilancio:21101001 Acquisto attrezzature tecnico-scientifiche

Responsabile : Pescini Elisa

Elenco Movimenti

Fase	Data	C/R	Eserc.	N.	Descrizione - Percipiente	Vincolo	Disponibilità per ulteriori Impegno	Impegno	Liquidazione
Vincolo	16/04/2018	C	2018	4838	GENERATORE (Doc. Ord.ING_U E/18/0000033 del 16/4/2018)	924,76			
Impegno	16/04/2018	C	2018	4237	GENERATORE (Doc. Ord.ING_U E/18/0000033 del 16/4/2018) Percipiente: BATTER FLY S.R.L. (Disp. per ulteriori Liquidazione 0,00)			924,76	924,76
Liquidazione	14/06/2018	C	2018	6555	PAGAMENTO FATTURA N. 3/55 DEL 16/05/2018 GENERATORE RIGOL - ORDINE N. 33/2018 CIG: ZEE22690C3 (Doc. 3/55 del 16/5/2018) Mandato di pagamento n. 3996. Data Stampa 14/06/2018; Data Trasmissione 20/06/2018; Data Esitazione 22/06/2018;				
Vincolo	11/05/2018	C	2018	5931	DRIVER AL PLASMA (Doc. Ord.ING_EXTR A_U E/18/0000006 del 11/5/2018)	685,05			
Impegno	11/05/2018	C	2018	5290	DRIVER AL PLASMA (Doc. Ord.ING_EXTR A_U E/18/0000006 del 11/5/2018) Percipiente: INFORMATION UNLIMITED (Disp. per ulteriori Liquidazione 685,05)			685,05	
Vincolo	07/06/2018	C	2018	6686	SDOGANAMENTO AWB 434117302970 (Doc. Ord.ING_U E/18/0000070 del 7/6/2018)	184,42			
Impegno	07/06/2018	C	2018	6004	SDOGANAMENTO AWB 434117302970 (Doc. Ord.ING_U E/18/0000070 del 7/6/2018) Percipiente: FEDEX EXPRESS ITALY SRL (Disp. per ulteriori Liquidazione 184,42)			184,42	
Totale movimenti						2.995,03		2.995,03	1.909,02

COPIA MANDATO 3732

Università del Salento

Esercizio finanziario: 2018

MANDATO NUMERO 3732 DEL 05/06/2018

BANCA POPOLARE PUGLIESE S.C.p.A.

P. IVA 02848590754

PAGHERA' LA SOMMA DI EURO 341,97

*** **

AI SOTTOINDICATI BENEFICIARI

PER: PAGAMENTI ANALITICAMENTE DESCRITTI

COMUNICAZIONI BANCA TESORERIA

Ordinativo ricevuto il	07/06/2018
Ordinativo acquisito il	07/06/2018

ELENCO FIRMATARI

MALORGIO RITA	ha firmato il documento il	2018-06-06 10:03:18
GRASSI GIUSEPPE	ha firmato il documento il	2018-06-06 19:05:49

BENEFICIARIO: 1 **PESCINI ELISA**

Codice Fiscale: PSCLSE83C55D862B

Via: VIA CARSO 20

Località: LECCE

Causale: CUP:F87G18000000001; Mis.18/0005792018-04-19Missione a Torino del 19-21/4/2018 - AVT 41st Panel Business Meeting Week

Importo: Euro 341,97

Bollo: ESENTE BOLLO

Spese: A CARICO BENEFICIARIO

Delegato:

MODALITA' DI PAGAMENTO

BONIFICO BANCARIO E POSTALE

Coordinate: ABI 03475 CAB 01605 C.C CC0010341682 CIN N

Denominazione:

Codice Versante:

DESTINAZIONE - TIPO CONTABILITA'

LIBERA FRUTTIFERA

CODIFICHE SIOPE

Codice gestionale: 1030202001

Importo: Euro 341,97

Ordinativo TOTALMENTE ESEGUITO il 2018-06-08

Euro 341,97

Numero Quietanza : 13606

20628889002

Ricevuta firmata da **INVIDIA STEFANO**, nella qualità di Responsabile/sostituto del Responsabile della Funzione Tesoreria Enti della Banca Popolare Pugliese

COPIA MANDATO 3844

Università del Salento

Esercizio finanziario: 2018

MANDATO NUMERO 3844 DEL 11/06/2018

BANCA POPOLARE PUGLIESE S.C.p.A.

P. IVA 02848590754

PAGHERA' LA SOMMA DI EURO 352,55

*** **

AI SOTTOINDICATI BENEFICIARI

PER: PAGAMENTI ANALITICAMENTE DESCRITTI

COMUNICAZIONI BANCA TESORERIA

Ordinativo ricevuto il 13/06/2018

Ordinativo acquisito il 13/06/2018

ELENCO FIRMATARI

MALORGIO RITA ha firmato il documento il 2018-06-13 10:45:07

GRASSI GIUSEPPE ha firmato il documento il 2018-06-13 11:38:37

BENEFICIARIO: 1 **PESCINI ELISA**

Codice Fiscale: PSCLSE83C55D862B

Via: VIA CARSO 20

Località: LECCE

Causale: CUP:F87G18000000001; Mis.18/0006072018-04-26Missione a Loughborough del 26-29/4/2018-Meeting Università del Salento/Loughborough su attività in corso di collabo

Importo: Euro 352,55

Bollo: ESENTE BOLLO

Spese: A CARICO BENEFICIARIO

Delegato:

MODALITA' DI PAGAMENTO

BONIFICO BANCARIO E POSTALE

Coordinate: ABI 03475 CAB 01605 C.C CC0010341682 CIN N

Denominazione:

Codice Versante:

DESTINAZIONE - TIPO CONTABILITA'

LIBERA FRUTTIFERA

CODIFICHE SIOPE

Codice gestionale: 1030202001

Importo: Euro **352,55**

Ordinativo TOTALMENTE ESEGUITO il 2018-06-14

Euro 352,55

Numero Quietanza : 13745

20416489007

Ricevuta firmata da **INVIDIA STEFANO**, nella qualità di Responsabile/sostituto del Responsabile della Funzione Tesoreria Enti della Banca Popolare Pugliese

COPIA MANDATO 3863

Università del Salento

Esercizio finanziario: 2018

MANDATO NUMERO 3863 DEL 11/06/2018

BANCA POPOLARE PUGLIESE S.C.p.A.

P. IVA 02848590754

PAGHERA' LA SOMMA DI EURO 439,89

*** **

AI SOTTOINDICATI BENEFICIARI

PER: PAGAMENTI ANALITICAMENTE DESCRITTI

COMUNICAZIONI BANCA TESORERIA

Ordinativo ricevuto il	13/06/2018
Ordinativo acquisito il	13/06/2018

ELENCO FIRMATARI

MALORGIO RITA	ha firmato il documento il	2018-06-13 10:46:39
GRASSI GIUSEPPE	ha firmato il documento il	2018-06-13 11:39:41

BENEFICIARIO: 1 DE GIORGI MARIA GRAZIA

Codice Fiscale: DGRMGR74S69E506B

Via: Corte dei Levanto, 5/A

Località: LECCE

Causale: CUP:F87G18000000001; Mis.18/0005802018-04-19Missione a Torino del 19-21/4/2018 - AVT
41st Panel Business Meeting Week

Importo: Euro 439,89

Bollo: ESENTE BOLLO

Spese: ESENTE

Delegato:

MODALITA' DI PAGAMENTO

BONIFICO BANCARIO E POSTALE

Coordinate: ABI 03475 CAB 01605 C.C CC0010119253 CIN P

Denominazione:

Codice Versante:

DESTINAZIONE - TIPO CONTABILITA'

LIBERA FRUTTIFERA

CODIFICHE SIOPE

Codice gestionale: 1030202001

Importo: Euro 439,89

Ordinativo TOTALMENTE ESEGUITO il 2018-06-14

Euro 439,89

Numero Quietanza : 13764

20413789008

Ricevuta firmata da **INVIDIA STEFANO**, nella qualità di Responsabile/sostituto del Responsabile della Funzione Tesoreria Enti della Banca Popolare Pugliese

COPIA MANDATO 3871

Università del Salento

Esercizio finanziario: 2018

MANDATO NUMERO 3871 DEL 11/06/2018

BANCA POPOLARE PUGLIESE S.C.p.A.

P. IVA 02848590754

PAGHERA' LA SOMMA DI EURO 411,37

*** **

AI SOTTOINDICATI BENEFICIARI

PER: PAGAMENTI ANALITICAMENTE DESCRITTI

COMUNICAZIONI BANCA TESORERIA

Ordinativo ricevuto il	13/06/2018
Ordinativo acquisito il	13/06/2018

ELENCO FIRMATARI

MALORGIO RITA	ha firmato il documento il	2018-06-13 10:45:34
GRASSI GIUSEPPE	ha firmato il documento il	2018-06-13 11:38:55

BENEFICIARIO: 1 DE GIORGI MARIA GRAZIA

Codice Fiscale: DGRMGR74S69E506B

Via: Corte dei Levanto, 5/A

Località: LECCE

Causale: CUP:F87G18000000001; Mis.18/0006082018-04-26Missione a Loughborough del 26-29/4/2018-Meeting Università del Salento/Loughborough su attività in corso di collabo

Importo: Euro 411,37

Bollo: ESENTE BOLLO

Spese: ESENTE

Delegato:

MODALITA' DI PAGAMENTO

BONIFICO BANCARIO E POSTALE

Coordinate: ABI 03475 CAB 01605 C.C CC0010119253 CIN P

Denominazione:

Codice Versante:

DESTINAZIONE - TIPO CONTABILITA'

LIBERA FRUTTIFERA

CODIFICHE SIOPE

Codice gestionale: 1030202001

Importo: Euro 411,37

Ordinativo TOTALMENTE ESEGUITO il 2018-06-14

Euro 411,37

Numero Quietanza : 13772

20416289009

Ricevuta firmata da **INVIDIA STEFANO**, nella qualità di Responsabile/sostituto del Responsabile della Funzione Tesoreria Enti della Banca Popolare Pugliese

COPIA MANDATO 4342

Università del Salento

Esercizio finanziario: 2018

MANDATO NUMERO 4342 DEL 25/06/2018

BANCA POPOLARE PUGLIESE S.C.p.A.

P. IVA 02848590754

PAGHERA' LA SOMMA DI EURO 278,78

*** **

AI SOTTOINDICATI BENEFICIARI

PER: PAGAMENTI ANALITICAMENTE DESCRITTI

ELENCO FIRMATARI

MALORGIO RITA	ha firmato il documento il	2018-06-27 13:48:58
GRASSI GIUSEPPE	ha firmato il documento il	2018-06-27 19:05:36

BENEFICIARIO: 1 **FIGARELLA ANTONIO**

Codice Fiscale: FCRNTN62M09A662P

Via: VIA M.L. KING 15

Località: BARI

Causale: CUP:F87G18000000001; Mis.18/0010482018-06-16Missione a Roma del 21/6/2018 - Partecipazione riunione ACARE (meeting finalizzato a scambi scientifici)

Importo: Euro 278,78

Bollo: ESENTE BOLLO

Spese: ESENTE

Delegato:

MODALITA' DI PAGAMENTO

BONIFICO BANCARIO E POSTALE

Coordinate: ABI 01010 CAB 04015 C.C 100000503303 CIN W

Denominazione:

Codice Versante:

DESTINAZIONE - TIPO CONTABILITA'

LIBERA FRUTTIFERA

CODIFICHE SIOPE

Codice gestionale: 1030202001

Importo: Euro 278,78

COPIA MANDATO 4343

Università del Salento

Esercizio finanziario: 2018

MANDATO NUMERO 4343 DEL 25/06/2018

BANCA POPOLARE PUGLIESE S.C.p.A.

P. IVA 02848590754

PAGHERA' LA SOMMA DI EURO 829,97

*** **

AI SOTTOINDICATI BENEFICIARI

PER: PAGAMENTI ANALITICAMENTE DESCRITTI

ELENCO FIRMATARI

MALORGIO RITA	ha firmato il documento il	2018-06-27 13:48:55
GRASSI GIUSEPPE	ha firmato il documento il	2018-06-27 19:05:34

BENEFICIARIO: 1 CARLUCCI ANTONIO PAOLO

Codice Fiscale: CRLNNP76H30A893X

Via: VIA FERRI, 20

Località: NARDO'

Causale: CUP:F87G18000000001; Mis.18/0008862018-05-28Missione a Torino del 6-7/6/2018 - Partecipazione al convegno CO2 Reduction for Transportation Systems Conference fi

Importo: Euro 829,97

Bollo: ESENTE BOLLO

Spese: ESENTE

Delegato:

MODALITA' DI PAGAMENTO

BONIFICO BANCARIO E POSTALE

Coordinate: ABI 03015 CAB 03200 C.C 000002815905 CIN E

Denominazione:

Codice Versante:

DESTINAZIONE - TIPO CONTABILITA'

LIBERA FRUTTIFERA

CODIFICHE SIOPE

Codice gestionale: 1030202001

Importo: Euro 829,97

BENEFICIARIO: 1 CARLUCCI ANTONIO PAOLO

Codice Fiscale: CRLNNP76H30A893X

Via: VIA FERRI, 20

Località: NARDO'

Causale: CUP:F87G18000000001; Mis.18/0008862018-05-28Missione a Torino del 6-7/6/2018 - Partecipazione al convegno CO2 Reduction for Transportation Systems Conference fi

Importo: Euro 829,97

Bollo: ESENTE BOLLO

Spese: ESENTE

Delegato:

MODALITA' DI PAGAMENTO

BONIFICO BANCARIO E POSTALE

Coordinate: ABI 03015 CAB 03200 C.C 000002815905 CIN E

Denominazione:

Codice Versante:

DESTINAZIONE - TIPO CONTABILITA'

LIBERA

FRUTTIFERA

CODIFICHE SIOPE

Codice gestionale: 1030202001

Importo: Euro

829,97

COPIA MANDATO 4344

Stato: Inviato alla banca

Università del Salento

Esercizio finanziario: 2018

MANDATO NUMERO 4344 DEL 25/06/2018

BANCA POPOLARE PUGLIESE S.C.p.A.

P. IVA 02848590754

PAGHERA' LA SOMMA DI EURO 180,16

*** **

AI SOTTOINDICATI BENEFICIARI

PER: PAGAMENTI ANALITICAMENTE DESCRITTI

ELENCO FIRMATARI

MALORGIO RITA	ha firmato il documento il	2018-06-27 13:48:51
GRASSI GIUSEPPE	ha firmato il documento il	2018-06-27 19:05:32

BENEFICIARIO: 1 DE GIORGI MARIA GRAZIA

Codice Fiscale: DGRMGR74S69E506B

Via: Corte dei Levanto, 5/A

Località: LECCE

Causale: CUP:F87G18000000001; Mis.18/0011052018-06-25 Missione a Roma del 21/6/2018 - Meeting finalizzato a scambi scientifici con colleghi c/o Facoltà di Ingegneria dell

Importo: Euro 180,16

Bollo: ESENTE BOLLO

Spese: ESENTE

Delegato:

MODALITA' DI PAGAMENTO

BONIFICO BANCARIO E POSTALE

Coordinate: ABI 03475 CAB 01605 C.C CC0010119253 CIN P

Denominazione:

Codice Versante:

DESTINAZIONE - TIPO CONTABILITA'

LIBERA FRUTTIFERA

CODIFICHE SIOPE

Codice gestionale: 1030202001

Importo: Euro 180,16

COPIA MANDATO 3469

Università del Salento

Esercizio finanziario: 2018

MANDATO NUMERO 3469 DEL 25/05/2018

BANCA POPOLARE PUGLIESE S.C.p.A.

P. IVA 02848590754

PAGHERA' LA SOMMA DI EURO 186,80
*** **

AI SOTTOINDICATI BENEFICIARI

PER: PAGAMENTI ANALITICAMENTE DESCRITTI

COMUNICAZIONI BANCA TESORERIA

Ordinativo ricevuto il	08/06/2018
Ordinativo acquisito il	08/06/2018

ELENCO FIRMATARI

MALORGIO RITA	ha firmato il documento il	2018-06-07 14:17:34
GRASSI GIUSEPPE	ha firmato il documento il	2018-06-07 18:08:07

BENEFICIARIO: 1 DIRETTORE DIP.TO DI INGEGNERIA DELL'INNOVAZIONE

Codice Fiscale:

Via: VIA MONTERONI

Località: LECCE

Causale: CUP:F87G18000000001; Reintegro fondo economale Fondo Economale Dip. Ingegneria dell'Innovazione

Importo: Euro 186,80

Bollo: ESENTE BOLLO

Spese: ESENTE

Delegato: MALORGIO RITA

MODALITA' DI PAGAMENTO

CASSA

Coordinate:

Denominazione:

Codice Versante:

DESTINAZIONE - TIPO CONTABILITA'

LIBERA

FRUTTIFERA

CODIFICHE SIOPE

Codice gestionale: 1030102999

Importo: Euro 186,80

DETTAGLIO MANDATO 3469

AL DIRETTORE
del Dipartimento di Ingegneria dell'Innovazione
SEDE

Il sottoscritto ELISA FESCI
dichiara di aver effettuato una spesa in contanti per conto di questo Dipartimento

Ditta EURONET ELETTRONICA SRL
Descrizione spesa COMPONENTE ELETTRONICO IR 2153

Dichiara che non è stato possibile ricorrere alle ordinarie procedure di acquisto per i seguenti motivi:
NECESSARIO PER LA RIPARAZIONE DI UNO STRUMENTO
IRRISOLVIBILE SOTTO QUANTO LE REGOLE PROCEDIMENTALI

Fondo su cui imputare la spesa 5X1000 FESCI (STRUMENTAZIONE)
Documentazione giustificativa allegata: SCONTRINO
Importo totale pagato € 2,60

Lecce, 03/03/2018

Firma del richiedente

Elisa Fesci

RISERVATO ALL'AMMINISTRAZIONE

Il Direttore del Dipartimento di Ingegneria dell'Innovazione, accolto quanto dichiarato dal richiedente e accertata l'impossibilità di ricorrere alle ordinarie procedure di acquisto per l'approvvigionamento dei beni in oggetto, approva la spesa:

Il Direttore del Dipartimento
Prof. Giuseppe Grassi
IL DIRETTORE
(Prof. Giuseppe Grassi)

Accertata la regolarità del procedimento amministrativo, si liquida la spesa
Il Coordinatore amministrativo
Sig.ra Rita Malorgio
(Rita Malorgio)

SIOPE: _____ UPB: _____ VOCE DI SPESA _____
MANDATO DI PAGAMENTO N. _____ DEL _____

Rimborso ricevuto il 16/04/2018 Firma del rimborsato Elisa Fesci

AL DIRETTORE
del Dipartimento di Ingegneria dell'Innovazione
SEDE

Il sottoscritto PESCHINI ELISA
dichiara di aver effettuato una spesa in contanti per conto di questo Dipartimento

Ditta ELETRONICA SUD

Descrizione spesa MUSEET REF. 100

Dichiara che non è stato possibile ricorrere alle ordinarie procedure di acquisto per i seguenti motivi:

PICCOLA COMPONENTE PER STRUMENTO ROTTO
INIZIAMENTE DURANTE LE PROVE Sperimentali

Fondo su cui imputare la spesa 5X1000 PESCHINI (ALTRI COSTI O STRUMENTI)

Documentazione giustificativa allegata: SCONTINO

Importo totale pagato € 45,00

Lecce, 06/03/2018

Firma del richiedente

Elisa Peschi

RISERVATO ALL'AMMINISTRAZIONE

Il Direttore del Dipartimento di Ingegneria dell'Innovazione, accolto quanto dichiarato dal richiedente e accertata l'impossibilità di ricorrere alle ordinarie procedure di acquisto per l'approvvigionamento dei beni in oggetto, approva la spesa:

Il Direttore del Dipartimento
Prof. **IL DIRETTORE**
(Prof. Giuseppe Grassi)

Accertata la regolarità del procedimento amministrativo, si liquida la spesa

Il Coordinatore amministrativo
Sig.ra Rita Malorgio
Rita Malorgio

SIOPE: _____ UPB: _____
MANDATO DI PAGAMENTO N. _____ VOCE DI SPESA _____
DEL _____

Rimborso ricevuto il 16/04/2018 Firma del rimborsato Elisa Peschi

AL DIRETTORE
del Dipartimento di Ingegneria dell'Innovazione
SEDE

Il sottoscritto PESCHINI ELISA
dichiara di aver effettuato una spesa in contanti per conto di questo Dipartimento

Ditta

ANTINFORTUNISTICA GENERALE

Descrizione spesa

TARRETO DIELETRICO (0.2KV) MT 2

Dichiara che non è stato possibile ricorrere alle ordinarie procedure di acquisto per i seguenti motivi:

L'ALLESTIMENTO DEL SETUP SPERIMENTALE DEVE

ESSERE TERMINATO PER FINE MARZO - INIZIO APRILE

DATA LA SCADENZA DEL PROGETTO A FINE GIUGNO

Fondo su cui imputare la spesa 5X1000 PESCHINI

Documentazione giustificativa allegata: CONTRATTO 1 del 15.3.18

Importo totale pagato € 153,21

Lecce, 15/03/2018

Firma del richiedente

Elisa Peschin

RISERVATO ALL'AMMINISTRAZIONE

Il Direttore del Dipartimento di Ingegneria dell'Innovazione, accolto quanto dichiarato dal richiedente e accertata l'impossibilità di ricorrere alle ordinarie procedure di acquisto per l'approvvigionamento dei beni in oggetto, approva la spesa:

Il Direttore del Dipartimento
Prof. Giuseppe Grassi

IL DIRETTORE
(Prof. Giuseppe Grassi)

Accertata la regolarità del procedimento amministrativo, si liquida la spesa

Il Coordinatore amministrativo
Sig.ra Rita Malorgio

SIOPE: _____ UPB: _____ VOCE DI SPESA _____

MANDATO DI PAGAMENTO N. _____ DEL _____

Rimborso ricevuto il 16/04/2018 Firma del rimborsato Elisa Peschin

AL DIRETTORE
del Dipartimento di Ingegneria dell'Innovazione
SEDE

Il sottoscritto LEONARDO...
dichiara di aver effettuato una spesa in contanti per conto di questo Dipartimento

Ditta _____

Descrizione spesa _____

Dichiara che non è stato possibile ricorrere alle ordinarie procedure di acquisto per i seguenti motivi:

NECESSITÀ DI ACQUISTO URGENTE

Fondo su cui imputare la spesa FONDO DI ROTAZIONE

Documentazione giustificativa allegata: DOCUMENTAZIONE

Importo totale pagato € 2.000

Lecce, 12/05/2013

Firma del richiedente

[Firma]

RISERVATO ALL'AMMINISTRAZIONE

Il Direttore del Dipartimento di Ingegneria dell'Innovazione, accolto quanto dichiarato dal richiedente e accertata l'impossibilità di ricorrere alle ordinarie procedure di acquisto per l'approvvigionamento dei beni in oggetto, approva la spesa:

Il Direttore del Dipartimento
Prof. Giuseppe Grassi

[Firma]

Accertata la regolarità del procedimento amministrativo, si liquida la spesa

Il Coordinatore amministrativo
Sig.ra Rita Malorgio

[Firma]

SIOPE: _____ UPB: _____ VOCE DI SPESA _____

MANDATO DI PAGAMENTO N. _____ DEL _____

Rimborso ricevuto il 24/05/2013 Firma del rimborsato [Firma]

COPIA MANDATO 4044

Università del Salento

Esercizio finanziario: 2018

MANDATO NUMERO 4044 DEL 15/06/2018

BANCA POPOLARE PUGLIESE S.C.p.A.

P. IVA 02848590754

PAGHERA' LA SOMMA DI EURO 984,26

*** **

AI SOTTOINDICATI BENEFICIARI

PER: PAGAMENTI ANALITICAMENTE DESCRITTI

COMUNICAZIONI BANCA TESORERIA

Ordinativo ricevuto il 21/06/2018

Ordinativo acquisito il 21/06/2018

ELENCO FIRMATARI

MALORGIO RITA	ha firmato il documento il	2018-06-20 14:36:27
GRASSI GIUSEPPE	ha firmato il documento il	2018-06-20 18:51:56

BENEFICIARIO: 1 THORLABS GmbH

Codice Fiscale:

Via: HANS-BOCKLER-STRASSE, 6

Località: DACHAU/MUNICH - GERMANIA

Causale: CUP:F87G18000000001;CIG:Z7F226ABB6; I. MI29939562018-05-11PAGAMENTO INVOICE MI2993956 DEL 11/05/2018 CALIBRATORE (ORD. UE N. 28 DEL 16/04/2018) CIG: Z7F226ABB6

Importo: Euro 260,78

Bollo: ESENTE BOLLO

Spese: A CARICO BENEFICIARIO

Delegato:

MODALITA' DI PAGAMENTO

SEPA CREDIT TRANSFER

Coordinate: IBAN DE29700515400000213777

Denominazione:

Codice Versante:

DESTINAZIONE - TIPO CONTABILITA'

LIBERA FRUTTIFERA

CODIFICHE SIOPE

Codice gestionale: 2020105001

Importo: Euro 260,78

Ordinativo TOTALMENTE ESEGUITO il 2018-06-22

Euro 260,78

Numero Quietanza : 14198

20985788907

Ricevuta firmata da **INVIDIA STEFANO**, nella qualità di Responsabile/sostituto del Responsabile della Funzione Tesoreria Enti della Banca Popolare Pugliese

BENEFICIARIO: 2 THORLABS GmbH

Codice Fiscale:

Via: HANS-BOCKLER-STRASSE, 6

Località: DACHAU/MUNICH - GERMANIA

Causale: CUP:F87G18000000001;CIG:Z7F226ABB6; I.MI30048922018-06-07PAGAMENTO INVOICE MI3004892 DEL 07/06/2018 CALIBRATORE (ORD. N. 28/2018) CIG: Z7F226ABB6

Importo: Euro 723,48

Bollo: ESENTE BOLLO

Spese: A CARICO BENEFICIARIO

Delegato:

MODALITA' DI PAGAMENTO

SEPA CREDIT TRANSFER

Coordinate: IBAN DE29700515400000213777

Denominazione:

Codice Versante:

DESTINAZIONE - TIPO CONTABILITA'

LIBERA FRUTTIFERA

CODIFICHE SIOPE

Codice gestionale: 2020105001

Importo: Euro 723,48

Ordinativo TOTALMENTE ESEGUITO il 2018-06-22

Euro 723,48

Numero Quietanza : 14199

20985688908

Ricevuta firmata da **INVIDIA STEFANO**, nella qualità di Responsabile/sostituto del Responsabile della Funzione Tesoreria Enti della Banca Popolare Pugliese

COPIA MANDATO 3996

Università del Salento

Esercizio finanziario: 2018

MANDATO NUMERO 3996 DEL 14/06/2018

BANCA POPOLARE PUGLIESE S.C.p.A. P. IVA 02848590754

PAGHERA' LA SOMMA DI EURO 924,76

*** **

AI SOTTOINDICATI BENEFICIARI

PER: PAGAMENTI ANALITICAMENTE DESCRITTI

COMUNICAZIONI BANCA TESORERIA

Ordinativo ricevuto il	21/06/2018
Ordinativo acquisito il	21/06/2018

ELENCO FIRMATARI

MALORGIO RITA	ha firmato il documento il	2018-06-20 14:36:14
GRASSI GIUSEPPE	ha firmato il documento il	2018-06-20 18:51:48

BENEFICIARIO: 1 **BATTER FLY S.R.L.**

Codice Fiscale:

Via: VIA COLLODI 7/A

Località: CALDERARA DI RENO

Causale: CUP:F87G18000000001;CIG:ZEE22690C3; 3/552018-05-16PAGAMENTO FATTURA N. 3/55 DEL 16/05/2018 GENERATORE RIGOL - ORDINE N. 33/2018 CIG: ZEE22690C3

Importo: Euro 924,76

Bollo: ESENTE BOLLO

Spese: A CARICO BENEFICIARIO

Delegato:

MODALITA' DI PAGAMENTO

BONIFICO BANCARIO E POSTALE

Coordinate: ABI 02008 CAB 36651 C.C 000101909622 CIN R

Denominazione:

Codice Versante:

DESTINAZIONE - TIPO CONTABILITA'

LIBERA FRUTTIFERA

CODIFICHE SIOPE

Codice gestionale: 2020105999

Importo: Euro 924,76

RITENUTE

Importo: Euro 166,76

2279 / 1

Ordinativo TOTALMENTE ESEGUITO il 2018-06-22

Euro 924,76

Numero Quietanza : 14187

20984588906

Ricevuta firmata da **INVIDIA STEFANO**, nella qualità di Responsabile/sostituto del Responsabile della Funzione Tesoreria Enti della Banca Popolare Pugliese



UNIVERSITÀ
DEL SALENTO

Dipartimento di
STUDI UMANISTICI

PROF. ALESSANDRO CAPONE
DIPARTIMENTO DI STUDI UMANISTICI
COMPLESSO "STUDIUM 2000" - EDIFICIO 5
VIA DI VALESIO, 24
I-73100 LECCE
TEL. +39 0832 29 4947
E-MAIL alessandro.capone@unisalento.it

LECCE, 27-06-2018

Oggetto: Oggetto: Relazione scientifica finale progetto «5 per mille per la ricerca» bando 2017

Il progetto "Medioevo greco e romanzo: manoscritti, scritture e testi", ammesso a finanziamento per il bando 2017 "5 per mille della ricerca – anno 2015" (vd. D.R. n. 3; Prot. n. 1073 Class. III/13), alla scadenza prevista dal Bando e nei ristretti limiti consentiti per la realizzazione, ha raggiunto i seguenti risultati:

1. Pubblicazione del volume miscelaneo "Gli uomini e le lettere: personaggi, testi e contesti della Terra d'Otranto di cultura bizantina", che costituisce il numero monografico di *Rudiae 3. Ricerche sul mondo classico*, a cura di Alessandro Capone. Nel volume sono presenti i seguenti contributi:

Mario CAPASSO, <i>Presentazione</i>	p. 5
Alessandro CAPONE, <i>Introduzione</i>	p. 9
Paul CANART †, <i>Manuscripts de Terre d'Otrante inconnus et moins connus</i>	p. 13
Stefano PARENTI, <i>Tipologie dei libri liturgici greci del Salento</i>	p. 43
Claudio SCHIANO, <i>Omnes civitates nostre obedient venerationi: Nicola di Otranto e le fonti latine</i>	p. 151
Alessandro CAPONE, <i>Le testimonianze più antiche di Euripide in Terra d'Otranto tra manoscritti e poeti locali</i>	p. 191
Francesco G. GIANNACHI, <i>Lo iatrosophion del codice Ott. gr. 312</i>	p. 219
Marco MAGGIORE, <i>Appendice: sul salentino spurchia</i>	p. 247
Fabrizio LELLI, <i>Una compilazione medica ebraica del XV secolo: il manoscritto St. Peterburg RGB EVR II A 11</i>	p. 253
Linda SAFRAN, <i>La mise-en-page dei testi pubblici nel Salento medievale</i>	p. 271



Saulo DELLE DONNE, *La trattatistica metrica greca minore e la Terra d'Otranto: manoscritti, autori e testi* p. 291

Luana RIZZO, *La circolazione degli Inni orfici in Terra d'Otranto fra XV e XVI secolo* p. 393

2. L'allestimento della mostra "Manoscritti, scritture e testi della Terra d'Otranto di cultura bizantina", che sarà allocata al secondo piano dell'edificio 5 del Complesso Studium 2000, è giunto alla fase finale. In questo senso sono state acquisite le seguenti riproduzioni fotografiche in formato digitale ad alta definizione, che sono distribuite su 10 pannelli secondo la seguente articolazione:

1) Introduzione

I. Grottaferrata, Biblioteca del Monumento Nazionale B b X.2 (gr. 3), f. 26r

II. Grottaferrata, Biblioteca del Monumento Nazionale Z a 44, ff. 20v-21r

2) Testi poetici

III. Firenze, Biblioteca Medicea Laurenziana, Plut. 5.10, f. 188r

IV. Firenze, Biblioteca Medicea Laurenziana, Conv. Soppr. 152, f. 1r

V. Città del Vaticano, Biblioteca Apostolica Vaticana, Vaticanus gr. 1135, f. 44v.

3) Testi metrici

VI. Città del Vaticano, Biblioteca Apostolica Vaticana, Vaticanus gr. 14, f. 137r

VII. Firenze, Biblioteca Medicea Laurenziana, Plut. 56.16, f. 64r

VIII. Firenze, Biblioteca Medicea Laurenziana, Plut. 57.36, f. 118r

4) Testi filosofici

IX. Firenze, Biblioteca Medicea Laurenziana, Plut. 72.14, f. 21r

X. Firenze, Biblioteca Medicea Laurenziana, Plut. 72.19, f. 1r

XI. Firenze, Biblioteca Medicea Laurenziana, Plut. 72.22, f. 27r

5) Testi schedografici

XII. Città del Vaticano, Biblioteca Apostolica Vaticana, Barberinianus gr. 102, f. 58v

XIII. Città del Vaticano, Biblioteca Apostolica Vaticana, Barberinianus gr. 102, f. 152r

XIV. Firenze, Biblioteca Medicea Laurenziana, Conventi soppressi 2, ff. 199r-v.

6) Testi biblici

XV. Paris, Bibliothèque Nationale de France, gr. 3, f. 52v

XVI. Paris, Bibliothèque National de France, gr. 3, f. 59r

XVII. Paris, Bibliothèque Nationale de France, gr. 3, f. 126v

7) Testi patristici



XVIII. Firenze, Biblioteca Medicea Laurenziana, S. Marco 692, f. 121r.

XIX. Firenze, Biblioteca Medicea Laurenziana, Plut. 5.10, f. 188r

XX. Firenze, Biblioteca Medicea Laurenziana, S. Marco 692, f. 1r

8) Testi liturgici

XXI. Grottaferrata, Biblioteca del Monumento Nazionale A. α. XI + A.α. XIII, ff. 59^v-60^r

XXII. Grottaferrata, Biblioteca del Monumento Nazionale Γ. α. VI, ff. 27^v-28^r

XXIII. Grottaferrata, Biblioteca del Monumento Nazionale Γ. β. XVI, f. 40^r

9) Testi ebraici

XXIV. Paris, Bibliothèque nationale de France, hébr. 1108, f. 114r

XXV. Paris, Bibliothèque nationale de France, hébr. 1128, f. 182r

XXVI. Parma, Biblioteca Palatina, 2635. ff. 55v-56r

XXVII. Parma, Biblioteca Palatina, 2373, f. 16v

10) Testi in volgare

XXVIII. Avellino, Biblioteca Provinciale «Scipione e Giulio Capone», Tafuri-Tozzoli 72, f. 1r

XXIX. Perugia, Biblioteca Comunale Augusta, D 38, f. 49v

XXX. Perugia, Biblioteca Comunale Augusta, F 27, f. 1r

Il responsabile del progetto

Alessandro Capone

"Medioevo greco e romanzo: manoscritti, scritture e tesi" - Prof. Alessandro Capone

Bando 2017 "5 per mille per la ricerca – anno 2015",

UNIVERSITA' DEL
SALENTO -
DIPARTIMENTO DI STUDI
UMANISTICI

CATEGORIA	COGNOME E NOME	COSTO TOTALE	DATA E MODALITA' DI PAGAMENTO
Riproduzione di quattro manoscritti	BIBLIOTECA APOSTOLICA VATICANA	€240,00	Mandato n. 4361 del 26/06/2018
Stampa e pubblicazione del volume	PENSA MULTIMEDIA	€2.600,00	Mandato n. 4360 del 26/06/2018
FORNITURA E POSA IN OPERA	EUROKOLOR SRL PUBBLICITA' E ALLES	€524,60	Mandato n. 4359 del 26/06/2018
Riproduzione di n. 3 manoscritti	BnF - DEPARTEMENT DE LA REPRODUCTION	€75,00	Mandato n. 3779 del 07/06/2018
VENDITA MULTIFUNZIONE	CARICOM	€2.928,00	Mandato n. 3771 del 06/06/2018
Fornitura di un hard disk esterno	SOLUZIONE UFFICIO SRL	€84,09	Mandato n. 2787 del 30/04/2018
FATTURA DIFFERITA	Margarito Roberto s.a.s. Cartotecnica	€189,41	Mandato n. 2550 del 19/04/2018
RICERCHE SUI MANOSCRITTI	CAPONE dott. ALESSANDRO	€154,91	Mandato n. 2534 del 19/04/2018
TOTALE PERSONALE NON DIPENDENTE		6.796,01	

UNIVERSITA' DEL
SALENTO -
DIPARTIMENTO DI STUDI
UMANISTICI

"Medioevo greco e romanzo: manoscritti, scritture e testi" - Prof. Alessandro Capone

Bando 2017 "5 per mille per la ricerca - anno 2015",

CATEGORIA	COGNOME E NOME	COSTO TOTALE	DATA E MODALITA' DI PAGAMENTO
Riproduzione di quattro man	BIBLIOTECA APOSTOLICA VATICANA	€240,00	Mandato n. 4361 del 26/06/2018
Stampa e pubblicazione del	PENSA MULTIMEDIA	€2.600,00	Mandato n. 4360 del 26/06/2018
FORNITURA E POSA IN OP	EUROKOLOR SRL PUBBLICITA' E ALLES	€524,60	Mandato n. 4359 del 26/06/2018
Riproduzione di n. 3 manosc	BnF - DEPARTEMENT DE LA REPRODUCC	€75,00	Mandato n. 3779 del 07/06/2018
VENDITA MULTIFUNZIONE	CARICOM	€2.928,00	Mandato n. 3771 del 06/06/2018
Fornitura di un hard disk este	SOLUZIONE UFFICIO SRL	€84,09	Mandato n. 2787 del 30/04/2018
FATTURA DIFFERITA	Margarito Roberto s.a.s. Cartotecnica	€189,41	Mandato n. 2550 del 19/04/2018
RICERCHE SUI MANOSCR	CAPONE dott. ALESSANDRO	€154,91	Mandato n. 2534 del 19/04/2018
	TOTALE PERSONALE NON DIPENDENTE	6.796,01	