



UNIVERSIDADE FEDERAL DO CEARÁ
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS
DEPARTAMENTO DE ZOOTECNIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ZOOTECNIA

ISABELA CHRISTIE DOS SANTOS SOUSA

**PROTEOMA DO *LONGISSIMUS DORSI* DE BOVINOS DE CORTE INTEIROS E
IMUNO CASTRADOS EM SISTEMA DE SUPLEMENTAÇÃO À PASTO**

FORTALEZA

2018

ISABELA CHRISTIE DOS SANTOS SOUSA

PROTEOMA DO *LONGISSIMUS DORSI* DE BOVINOS DE CORTE INTEIROS E IMUNO
CASTRADOS EM SISTEMA DE SUPLEMENTAÇÃO À PASTO

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Zootecnia da Universidade Federal do Ceará, como parte dos requisitos para obtenção de título de Mestre em Zootecnia. Área de concentração: Produção e Melhoramento Animal

Orientador: Prof. Dr. Arlindo de Alencar Araripe Noronha Moura
Coorientador: Dr. Fábio Roger Vasconcelos

FORTALEZA

2018

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação
Universidade Federal do Ceará
Sistema de Bibliotecas
Gerada automaticamente pelo módulo Catalog, mediante os dados fornecidos pelo(a) autor(a)

- S696p Sousa, Isabela Christie dos Santos.
Proteoma do longissimus dorsi de bovinos de corte inteiros e imuno castrados em sistema de suplementação à pasto / Isabela Christie dos Santos Sousa. – 2018.
84 f. : il. color.
- Dissertação (mestrado) – Universidade Federal do Ceará, Centro de Ciências Agrárias, Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Fortaleza, 2018.
Orientação: Prof. Dr. Arlindo Alencar Araripe Noronha Moura.
Coorientação: Prof. Dr. Fábio Roger Vasconcelos.
1. Proteômica. 2. Imuno castração. 3. Bos taurus. 4. Qualidade de carne. I. Título.

CDD 636.08

ISABELA CHRISTIE DOS SANTOS SOUSA

PROTEOMA DO *LONGISSIMUS DORSI* DE BOVINOS DE CORTE INTEIROS E IMUNO
CASTRADOS EM SISTEMA DE SUPLEMENTAÇÃO À PASTO

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Zootecnia da Universidade Federal do Ceará, como parte dos requisitos para obtenção de título de Mestre em Zootecnia. Área de concentração: Produção e Melhoramento Animal.

Aprovada em: / /

BANCA EXAMINADORA

Prof. Dr. Arlindo Alencar Araripe Noronha Moura (Orientador)
Universidade Federal do Ceará (UFC)

Dr. Fábio Roger Vasconcelos (Coorientador)
Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Ceará (IFCE)

Dra. Maria Júlia Barbosa Bezerra (Conselheira)
Universidade Federal do Ceará (UFC)

Dr. João Paulo Arcelino do Rêgo (Conselheiro)
Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Ceará (IFCE)

À minha família, em especial à minha mãe **Zelena Maria** (in memoriam), que sempre será minha fonte de inspiração e não mediu esforços para que eu recebesse a melhor criação possível.

Dedico!

AGRADECIMENTOS

A Deus e a minha Mãe Santíssima, por ter me dado saúde e força para superar todas as dificuldades encontradas durante a execução do trabalho.

A Universidade Federal do Ceará (UFC), ao Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, direção e administração, por disponibilizarem a estrutura necessária para a realização do estudo e por contribuir para a minha formação profissional.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pela concessão da bolsa de mestrado, que foi essencial para que eu pudesse me manter nessa jornada.

Ao meu orientador Dr. Arlindo Moura, grande exemplo de dedicação profissional, obrigada pela oportunidade de fazer parte da sua equipe do laboratório, por sua paciência e ensinamentos que me fizeram crescer como pessoa e como profissional.

Ao meu co-orientador Dr. Fábio Vasconcelos, pela acolhida no laboratório, pelos conselhos, incentivos, pelo apoio na realização das análises, por todos os ensinamentos e essencial contribuição no trabalho.

À minha mãe Zelena Maria (*in memoriam*), minha fonte de inspiração como mulher, mãe e profissional, que eternamente será a maior razão pela qual eu luto para vencer todas as minhas inseguranças, buscando ser uma pessoa cada dia melhor, no intuito de orgulhar-lhe.

A meus avós José Gonçalves (*in memoriam*) e Helena, e a minha tia Joselena, por toda dedicação e empenho na minha criação, pelas orações, por sempre me darem força e coragem, e seguiram me apoiando nos momentos difíceis, mesmo diante da enorme saudade por conta da distância.

A toda minha família, meu pai Edvaldo, meus avós paternos Lourdes e Edvar (*in memoriam*), minhas tias, meus primos, por sempre torcerem pelo meu sucesso.

Ao professor Dr. José Neuman Miranda, por ter concedido as amostras para as análises. Aos membros da banca examinadora, Dr. João Paulo Arcelino Rêgo e Dra. Maria.

Júlia Barbosa Bezerra, pela disponibilidade e contribuição no trabalho com valiosas sugestões.

A meu amigo Iggor Adryanno, por todo apoio, paciência e companheirismo desde o momento em que decidi me inscrever na seleção do mestrado, ajudando-me a tornar esse sonho uma realidade.

A meu namorado, amigo e companheiro Jeferson Nunes, por todas as palavras de incentivo, carinho, preocupação, paciência, momentos de alegria, aos quais sou muito grata.

Ao Prof. Fernando Andrade de Souza, que me apoiou quando mais precisei, incentivando e acreditando em meu potencial. Por me estimular a estudar e buscar conhecimento. Além da amizade e preocupação que seguem até os dias presentes. “Continue a nadar, continue a nadar...”.

A meus amigos de São Luís e Fortaleza, pela força, torcida e momentos de descontração que ajudaram a relaxar durante as etapas mais difíceis do desenvolvimento do trabalho.

Aos meus amigos de laboratório, Taciane e Nielysson, pela ajuda, convívio, ensinamentos e risadas. Em especial, à minha amiga Tauane Lopes, pela amizade verdadeira, companheirismo e por sempre estar ao meu lado me apoiando nas horas tristes e alegres. O auxílio de vocês foi fundamental.

A todos os colegas do Laboratório de Fisiologia Animal.

Aos funcionários da UFC, corpo docente e colegas da pós-graduação que estiveram comigo no decorrer do trabalho e a todas as pessoas que, de alguma forma, contribuíram para a realização deste projeto.

Obrigada!

“Talvez não tenha conseguido fazer o melhor, mas lutei para que o melhor fosse feito. Não sou quem deveria ser, mas, Graças a Deus, não sou quem era antes”.

(Marthin Luther King)

RESUMO

O estudo foi realizado com objetivo de identificar as mudanças na composição proteica do músculo *Longissimus dorsi*, por eletroforese unidimensional, de bovinos de diferentes condições sexuais e grupos genéticos. Foram utilizados 18 bovinos machos da raça Nelore e 16 bovinos mestiços de origem leiteira (½ sangue Holandês, ½ Zebu), perfazendo um total de 34 amostras. Após o término do experimento a pasto, estes animais foram abatidos e amostras do músculo *Longissimus dorsi* foram retiradas para análise proteômica do tecido. As amostras foram agrupadas por raça e tratamento da seguinte forma: Nelore sem imunocastração ou inteiros (NI), Nelore imunocastrado (NIC), mestiço leiteiro inteiro (MI) e mestiço leiteiro imunocastrado (MIC). As amostras foram liofilizadas, maceradas e homogeneizadas em solução tampão. O sobrenadante foi reservado e a quantidade de proteína determinada pelo método de Bradford (1976). A separação foi feita na 1ª dimensão em um sistema de focalização isoeletrica em gel de poliacrilamida 12,5%. Os géis obtidos foram corados, usando o Comassie Blue (R-250) e, posteriormente, descorados com solução contendo metanol (40%) e ácido acético (10%). Após descoloração, o gel foi digitalizado, utilizando o aplicativo ScannerImagem (GE Healthcare, Piscataway, NJ, EUA). As proteínas separadas por 1D PAGE foram submetidas à digestão com tripsina e, em seguida, foram identificadas pela espectrometria de massa. Das 35 bandas excisadas, detectaram-se 263 proteínas. Comparando a expressão da intensidade das bandas entre os tratamentos, pode-se observar diferença estatística significativa na intensidade de 20 bandas em função dos tratamentos, sendo contabilizadas 31 proteínas distintas. Desse total, sete proteínas foram selecionadas em função da sua expressão nos diferentes tratamentos. As proteínas identificadas neste experimento podem ser classificadas principalmente como citoplasmáticas, de processo celular e regulação, bem como atividade catalítica. A análise do proteoma pode ser um método muito eficaz utilizado para identificar proteínas marcadoras de qualidade de carne quando se compara animais de diferenças raças e condição sexual.

Palavras-chave: proteômica; imunocastração; *Bos taurus*; qualidade da carne.

ABSTRACT

The study was carried out with the aim of identifying the changes in the composition of protein of the muscle *Longissimus dorsi*, by electrophoresis one-dimensional, of bovine animals of different conditions sex and genetic groups. Were used 18 steers of the breed Nelore and 16 cattle crossbred (½ blood Dutch ½ Zebu), a total of 34 samples. After the end of the experiment the pasture, these animals were slaughtered and samples of muscle *Longissimus dorsi* were taken for proteomic analysis of tissue. The samples were grouped by breed and treatment as follows: Nelore without imunocastração or integers (NI), Nelore imunocastrado (NIC), mestizo integer (MI) and mestizo imunocastrado (MIC). The samples were freeze dried, macerated and homogenized in buffer solution. The supernatant was reserved and the amount of protein determined by the method of Bradford (1976). The separation was made in the 1st dimension in a system of isoelectric focalization in polyacrylamide gel of 12.5%. The gels obtained were stained using Comassie Blue (R-250) and subsequently bleached with a solution containing methanol (40%) and acetic acid (10%). After discoloration, the gel was scanned using the application ScannerImagem (GE Healthcare, Piscataway, NJ, USA). The proteins separated by 1D PAGE were subjected to digestion with trypsin and then were identified by mass spectrometry. Of the 35 bands excisadas detected 263 proteins. By comparing the expression of the intensity of the bands between the treatments can be observed a statistically significant difference in the intensity of the 20 bands in function of the treatments, being accounted for 31 distinct proteins. Of this total, seven proteins were selected on the basis of their expression in the different treatments. The proteins identified in this experiment can be classified mainly as cytoplasmic, cellular process and regulation, as well as the catalytic activity. The analysis of the proteome can be a very effective method used to identify the protein marker for meat quality when compared to animals of differences races and sexual condition.

Keywords: proteomics; immunocastration; *Bos taurus*; quality of meat.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

- Figura 1 – Lane 1 do gel de eletroforese SDS-PAGE 12,5% de proteínas do músculo *Longissimus dorsi* de bovinos Nelore inteiros (NI)..... 24
- Figura 2 – Expressão diferencial das bandas de proteínas do músculo *Longissimus dorsi* de bovinos Nelore e mestiços de origem leiteira, inteiros e imunocastrados. As barras representam a intensidade das bandas expressas em cada tratamento. N-I: Animais da raça Nelore não submetidos à imunocastração; M-I: Animais Mestiços não submetidos à imunocastração; N-C: Animais da raça Nelore submetidos à imunocastração; M-C: Animais Mestiços submetidos à imunocastração..... 25
- Figura 3 – Processo biológico, componente celular e função molecular das proteínas do musculo de *Bos taurus* identificadas por espectrometria de massa ESI-Q-TOF..... 26
- Figura 4 – Análise *in silico* das interações da proteína C de ligação à miosina, tipo lento (MYBPC1). TNNT3 (troponina T, músculo esquelético rápido); TNNC2 (troponina C, músculo esquelético); TNNC1 (troponina C, músculos esqueléticos e cardíacos lentos); TNNI1 (troponina); TCAP (teletonina); TPM1 (cadeia alfa-3 de tropomiosina); MYH6 (miosina-7); MYL1 (cadeia leve de miosina 1/3, isoforma do músculo esquelético); MYH8 (miosina-8); MYL3 (cadeia leve de miosina 3)..... 27
- Figura 5 – Análise *in silico* das interações da proteína C de ligação à miosina, tipo rápido (MYBPC2). MYL1 (cadeia leve de miosina 1/3, isoforma do músculo esquelético); MYL3 (cadeia leve de miosina 3); MYBPC1 (proteína C de ligação à miosina, tipo lento); ACTN3 (alfa actina); ACTN2 (alfa actina 2)TNNI3 (tropinina I); TNNI2 (troponina I, músculo esquelético rápido); TNNT3 (troponina T, músculo esquelético rápido); TNNT2 (troponinaT); TNNC2 (troponina C)..... 27
- Figura 6 – Análise *in silico* das interações da creatina kinase tipo M (CKM). GAMT (guanidinoacetato de N-metiltransferase); CKMT2 (creatina quinase tipo S); CKMT1B (creatina quinase do tipo U, mitocondrial); MYOD1 (proteína de determinação de mioblastos 1); MEF2D (fator potenciador específico de miócito 2D); ACTN4 (alfa-actinina-4); ACTN3 (actina); ACTN1 (alfa-actinina-1); ATCN2 (alfa-actinina-2)..... 28

- Figura 7 – Análise *in silico* das interações da creatina quinase tipo S (CKMT2). GAMT (guanidinoacetato de N-metiltransferase); CKM (creatina quinase tipo M); CKMT1B (creatina quinase do tipo U, mitocondrial); ALDOA (frutose-bisfosfato aldolase A); MIB2 (ubiquitina); MIB1(ubiquitina); MB (mioglobina); COX6A2 (citocromo); HSPA13 (proteína do choque térmico); LDHC (L-lactato desidrogenase isoforma da cadeia C)..... 28
- Figura 8 – Análise *in silico* das interações da tropinina T (TNNT1). GAMT (guanidinoacetato de N-metiltransferase); CKM (creatina quinase tipo M); CKMT1B (creatina quinase do tipo U, mitocondrial); ALDOA (frutose-bisfosfato aldolase A); MIB2 (ubiquitina); MIB1(ubiquitina); MB (mioglobina); COX6A2 (citocromo); HSPA13 (proteína do choque térmico); LDHC (L-lactato desidrogenase isoforma da cadeia C)..... 29
- Figura 9 – Análise *in silico* das interações da tropinina T (TNNT3); creatina quinase tipo S (CKMT2); creatina quinase tipo M (CKM); actina, músculo esquelético alfa (ACTA1); miosina de cadeia leve (MYL1) e cadeia beta de tropomiosina (TPM2)..... 29

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	14
2	REVISÃO DE LITERATURA	15
2.1	O músculo.....	15
2.2	Animais castrados vs animais inteiros.....	16
2.3	Proteínas do músculo.....	17
3	MATERIAIS E MÉTODOS	19
3.1	Delineamento experimental.....	19
3.2	Coleta e extração do músculo <i>Longissimus dorsi</i>	19
3.3	Quantificação das proteínas.....	20
3.4	Eletroforese unidimensional.....	20
3.5	Digestão das proteínas.....	21
3.6	Identificação das proteínas por espectrometria de massas (ESI-Q-Tof).....	21
3.7	Pesquisa em banco de dados.....	22
3.8	Gene Ontology.....	22
3.9	Análise das redes de interações das proteínas.....	23
3.10	Análise estatística.....	23
4	RESULTADOS	24
4.1	Eletroforese 1D e identificação das proteínas por espectrometria de massa ESI-Q-Tof.....	24
4.2	Análise da ontologia gênica.....	26
4.3	Análise das redes de interação das proteínas.....	27
5	DISCUSSÃO	30
6	CONCLUSÃO	34
	REFERÊNCIAS	35

**APÊNDICE A – PROTEÍNAS IDENTIFICADAS POR
ESPECTROMETRIA DE MASSA DO MÚSCULO *LONGISSIMUS*
DORSI DE BOVINOS DE CORTE INTEIROS E IMUNO CASTRADOS
EM SISTEMA DE SUPLEMENTAÇÃO À PASTO..... 42**

1 INTRODUÇÃO

A bovinocultura de corte brasileira apresenta destaque no cenário mundial do mercado da carne bovina à medida que a demanda por produtos cárneos aumenta. No entanto, a pecuária do país passa por um momento de mudança, devido à grande exigência dos consumidores brasileiros, aliada à exigência de qualidade impostas por países importadores, direcionando seus passos a um controle mais rigoroso nas etapas que vão desde a criação dos animais até o produto final, com consequente melhoria da qualidade da carne. Pesquisas envolvendo a qualidade da carne e a condição sexual de animais (castrados e inteiros) têm demonstrado a ocorrência de correlações entre estas características, visto ao efeito anabolizante da testosterona, o que provoca um ganho de peso médio de 15% com relação aos animais castrados (HADLICH *et al.*, 2013).

A prática da castração cirúrgica pode causar complicações no pós-operatório, quando realizada de maneira não adequada. Diante disso, surge a alternativa da substituição do método tradicional pela prática de imunocastração de bovinos. Esse método é realizado pela imunização com vacinas anti-GnRH, que induzem anticorpos neutralizantes, resultando na supressão de LH e testosterona (GEARY *et al.*, 2011).

No entanto, os trabalhos são escassos quando se trata dos efeitos da imunocastração nas proteínas fibrilares, principalmente ao contrastar animais castrados e não castrados em sistemas de criação à pasto. Nesse sentido, o objetivo deste trabalho foi identificar e caracterizar as mudanças na composição das proteínas fibrilares do músculo *Longissimus dorsi* de bovinos Nelore e Mestiços, inteiros e imunocastrados submetidos ao sistema de suplementação a pasto.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 O músculo

O músculo representa o componente de maior importância na carcaça, já que este constitui a carne magra, comestível e disponível para a venda. Os músculos que amadurecem mais lentamente representam o índice mais confiável do desenvolvimento e tamanho do tecido muscular das carcaças. O músculo dorsal *Longissimus dorsi* é um músculo de maturidade tardia e de fácil mensuração, o que o torna de preferência para este propósito. A unidade estrutural essencial de todos os músculos é a fibra. A relação entre o tipo de fibra e a qualidade da carne é relevante, já que os tipos de metabolismos influenciam os eventos bioquímicos que estimulam a conversão do tecido muscular em carne (HADLICH *et al.*, 2013). Em estudo feito por Ouali e Talmant (1990), as fibras musculares com o metabolismo predominante glicolítico apresentam maior atividade *post mortem* da calpaína, favorecendo a proteólise e a maciez.

Dentro das fibras, as miofibrilas ocupam quase todo o volume intracelular. As miofibrilas são estruturas cilíndricas, compridas e delgadas, formadas por um agrupamento ordenado de filamentos grossos e finos, paralelos entre si, cuja distribuição ao longo da miofibrila é responsável pela formação de bandas (LAGE, 2009). A observação de secções transversais longitudinais de miofibrilas por microscopia eletrônica exibem áreas alternadas escuras (bandas A) e claras (bandas I). A banda I é dividida ao meio por uma linha transversal escura chamada linha Z. A unidade estrutural repetitiva da miofibrila, onde os eventos morfológicos do ciclo de contração e relaxamento do músculo ocorrem, é o sarcômero, que é definido como o segmento entre duas linhas Z sucessivas (HOPKINS; THOMPSON, 2002). Segundo Listrat *et al.* (2016), os miofilamentos finos consistem principalmente de actina, as troponinas T, I e C (que regulam a contração muscular) e tropomiosina organizadas de ponta a ponta ao longo do filamento de actina. Os miofilamentos espessos consistem principalmente de um conjunto de moléculas de miosina cuja atividade ATPásica catalisa a quebra do trifosfato de adenosina (ATP) em difosfato de adenosina (ADP) e fornece a energia química necessária para a contração muscular.

Imediatamente após o abate, ocorre nos tecidos e em todos os órgãos uma mudança nos processos bioquímicos em resposta à parada do sistema respiratório e da circulação sanguínea, permitindo a conversão da musculatura em carne propriamente dita, estabelecendo-se assim o chamado *rigor mortis*.

2.2 Animais castrados vs animais inteiros

A castração é uma ferramenta de manejo utilizada por alguns produtores de bovinos de corte visando a evitar a produção de hormônios androgênicos responsáveis pela manifestação de características indesejáveis, tais como comportamentos agressivos e de caráter sexual (PRICE *et al.*, 2003). Quando se relaciona qualidade da carne com a condição sexual, é possível observar diferenças importantes entre animais inteiros e castrados. Animais castrados possuem maior grau de acabamento de carcaça devido à maior deposição de gordura subcutânea, responsável pela proteção contra efeitos prejudiciais do resfriamento na indústria frigorífica, maior peso dos quartos traseiros, além de outras características organolépticas satisfatórias como maciez, sabor e textura da carne (JANETT *et al.*, 2012). Restle *et al.* (2000b), estudando os efeitos de diferentes composições raciais Charolês x Nelore sobre características de carcaça de animais, encontraram valores de espessura de gordura subcutânea de 4,6 mm para animais castrados vs 2,5 mm para animais inteiros. Além disso, a castração proporciona maior eficiência no manejo, já que o animal torna-se mais manso, com diminuição de brigas e comportamento sexual, em função de os níveis séricos de testosterona estarem baixos. Como consequência, tem-se a conservação de energia para o crescimento e desenvolvimento, além de reduzir os danos na carcaça, otimizando o retorno econômico para os produtores de bovinos de corte (PRICE *et al.*, 2003).

Quando criados em condições adequadas, bovinos não castrados (ou inteiros) são mais eficientes na conversão alimentar (transformação dos alimentos oferecidos em peso vivo) e apresentam maior velocidade de ganho de peso, em média 10% no ganho diário para touros em relação aos animais castrados (FEIJÓ, 1998), resultando em carcaças com mais músculos e menos gordura que animais castrados (VAZ *et al.*, 2000; COSTA *et al.*, 2007). Isso se explica devido à ação da testosterona, que atua sobre o anabolismo do nitrogênio endógeno, conferindo a eles melhor eficiência alimentar (RESTLE *et al.*, 2000a). Em estudo realizado por Freitas *et al.* (2008), constatou-se que bovinos inteiros apresentaram maiores pesos de carcaça quente e carcaça fria que bovinos castrados aos 13 e aos 18 meses, sendo que estes não diferiram entre si. No entanto, frigoríficos nacionais ainda possuem certa precaução com carcaça de animais inteiros, levando a uma perda de valor comercial, visto que há uma menor deposição de gordura na carcaça, sendo, muitas vezes, insuficiente na preservação da qualidade da carne durante as primeiras horas de resfriamento, levando ao encurtamento pelo frio (PORTO *et al.*, 2000).

A castração cirúrgica é o procedimento mais comumente utilizado. Entretanto,

sabe-se que esse tipo de castração pode causar complicações no pós-operatório, gastos com medicamentos e mão de obra, diminuição do bem-estar, podendo levar o animal a óbito, sendo considerado um procedimento traumático (ZANELLA *et al.*, 2009). Diante disso, uma vacina foi desenvolvida como uma alternativa à castração cirúrgica. Trata-se de um fator anti- GnRH, que estimula o sistema imunológico do animal a produzir anticorpos que neutralizam o Fator de Liberação de Gonadotropinas, sendo este responsável pela síntese de FSH e LH, tendo como consequência a inibição temporária da função testicular e a produção de testosterona em bovinos machos (AMATAYAKUL-CHANTLER *et al.*, 2012).

A vacina de nome comercial Bopriva® foi aprovada no Brasil pelo Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento, em 12 de novembro de 2010, conforme consta no Circular N. 02/2011/DICAR/CGI/DIPOA de 29 de setembro de 2011 – Brasília/DF. Sua administração é feita por via subcutânea, na dosagem de 1mL por animal, com pelo menos duas doses injetáveis (dose e reforço), Brasil, 2011. Após o reforço, já se considera o bovino imunocastrado (HENNESSY, 2008). O efeito da imunocastração não é definitivo, com retorno do animal à fertilidade normal quando os níveis de anticorpos anti-GnRH circulantes estão abaixo de um limiar necessário para neutralizar o GnRH no sangue (D'OCCHIO *et al.*, 2001). Caso haja necessidade, de acordo com o objetivo da propriedade, podem ser realizadas novas aplicações. Em estudos, comparando o efeito da imunocastração em bovinos Nelore com animais castrados cirurgicamente, os autores relataram que os animais imunocastrados tiveram área de olho de lombo maior do que os castrados cirurgicamente. No entanto, não apresentaram diferenças entre valores médios de pH, maciez, coloração da gordura e da carne e perdas totais por cozimento (ROÇA *et al.*, 2011; AMATAYAKUL-CHANTLER *et al.*, 2013).

2.3 Proteínas do músculo

As proteínas dos músculos podem ser divididas em três classes: miofibrilares, sarcoplasmáticas e estromáticas. As proteínas miofibrilares são as que estão em maior quantidade no músculo (52% a 56%) e são representadas principalmente pela miosina, actina, proteína C, proteína M, tropomiosina, α -actina e β -actina. São proteínas em sua maioria insolúveis, que formam os miofilamentos grossos e finos que constituem a miofibrila (SGARBIERI, 1996).

As proteínas encontradas na porção do sarcoplasma da célula do músculo, denominadas proteínas sarcoplasmáticas, estão presentes em grande quantidade (30 a 35%),

são solúveis em água e representadas por todas as enzimas da glicólise e a maior parte das enzimas da síntese de carboidratos e de proteínas (LUCHIARI FILHO, 2000).

Várias são as proteínas que constituem o tecido conjuntivo (tecido que envolve as fibras musculares e o grupos de fibras). Estas são denominadas proteínas estromáticas, com destaque para o colágeno e a elastina, responsáveis não só pela proteção e sustentação das fibras musculares, como também pela resistência (rigidez) e elasticidade do músculo (SGARBIERI, 1996).

No *post-mortem* ocorrem variações no processo enzimático que leva ao amaciamento da carne, conhecido como maturação. Consiste na proteólise dos componentes estruturais das miofibrilas, através da ação das enzimas proteolíticas que atuam no tecido muscular, ocasionando a diminuição da rigidez cadavérica e aumento gradativo da maciez da carne, através da degradação e/ou enfraquecimento gradualmente a linha Z, que conduz à degradação das miofibrilas, da desmina e nebulina e, provavelmente, da titina – proteínas estruturais do tecido muscular – (KOOHMARIE, 1994).

Existem três sistemas enzimáticos responsáveis pela proteólise dos componentes estruturais das miofibrilas: o sistema das catepsinas, o complexo multicatalítico de proteases (MCP) e o sistema enzimático das calpaínas. As catepsinas são as proteases ácidas presentes nos lisossomos, tendo como substratos a actina, a miosina e a linha Z (KOOHMARAIE, 1994). Uma importante característica dessas catepsinas é que elas atuam até em pH mais baixo ($\text{pH} < 6,0$) que as calpaínas e degradam não só proteínas miofibrilares (como as calpaínas o fazem) como também exercem ação sobre as proteínas do tecido conjuntivo (colágeno), o que pode indicar um sinergismo com o sistema enzimático das calpaínas. O complexo multicatalítico de proteases (MCP) atua preferencialmente em peptídeos, em Ph neutro ou alcalino, e em temperaturas de 45°C, apresentando por esta razão pouca importância.

O sistema enzimático denominado calpaínas é considerado o principal mecanismo relacionado com a proteólise que conduz ao amaciamento da carne. Dransfield (1993) demonstrou que 65% da variação na maciez da carne pode ser explicada pela variação na atividade da calpaína-I. De forma semelhante, Goll *et al.* (1992), com base em algumas evidências, ressaltaram que as calpaínas são responsáveis por 90% ou mais do amaciamento *post mortem* da carne.

3 MATERIAIS E MÉTODOS

3.1 Delineamento experimental

A primeira etapa do experimento foi realizada na Fazenda Santa Luzia, localizada no município de Araguaína - Tocantins, no período de fevereiro a agosto de 2016. Foram utilizados trinta e quatro bovinos machos de dois grupos genéticos, 18 Nelore e 16 machos de origem leiteira, com peso inicial médio de 210 kg. O experimento foi executado em duas fases correspondentes à recria e à terminação, com duração total de 196 dias experimentais. Os animais foram distribuídos em quatro lotes, os quais foram sorteados em 4 tratamentos, onde: machos Nelore não castrados ou inteiros (NI); machos Nelore imunocastrados (NC); machos de origem leiteira não castrados ou inteiros (MI); machos de origem leiteira imunocastrados (MC). No primeiro dia do experimento, os animais receberam 5 ml de Ivermectina e 1 ml de Bopriva®. A imunovacina foi aplicada em cada animal por via subcutânea, com revacinação no 63º dia experimental – procedimento que foi realizado por técnico credenciado da Zoetis®.

Durante todo período experimental, os animais foram mantidos em área de 4,0 ha, dividida em quatro piquetes de 1,0 ha cada, formada com pastagem de *Panicum maximum cv. Massai*, sob pastejo com lotação contínua. Todos os piquetes possuíam bebedouro ecochos para suplementação dos animais. Na fase de recria, os animais receberam 1,0% do peso vivo (PV) de suplemento e, na fase de terminação, os animais receberam 2,0% PV de suplemento. O concentrado foi formulado com grão de milho inteiro e núcleo proteico mineral e vitamínico, utilizados nas proporções 85 e 15%, respectivamente.

3.2 Coleta e extração do músculo *Longissimus dorsi*

Ao final da fase de terminação, todos os animais foram abatidos em frigorífico comercial na cidade de Araguaína-TO, de acordo com as normas do comitê de ética no uso de animais da Universidade Federal do Tocantins (CUA-UFT), sob processo nº 23101.003704/2017-77. Após o abate, as carcaças foram identificadas, lavadas, separadas ao meio e pesadas. Foi realizado um corte transversal no músculo *Longissimus dorsi* entre a 12ª e 13ª costela da meia carcaça direita e retirados bifes de 2,5 cm de espessura que foram acondicionados em tubos e congelados em nitrogênio líquido. Posteriormente, esse material foi transportado para o laboratório de fisiologia animal da Universidade Federal do Ceará para análise. As amostras foram pesadas, liofolizadas, maceradas e armazenadas a - 20° C. Dez

miligramas de cada amostra foram reidratadas em água ultrapura com 1% de Triton-X 100 e permaneceram incubadas na geladeira por 60 minutos, sob leve agitação a cada 15 minutos. Em seguida, foram adicionados 400 µL de tampão de amostra (7M ureia, 2M tiourea, 40mM ditioneitol, 4% 3-[(3-colamidopropil)dimetilamonio]-1-propanossulfonato). O extrato foi sonificado em microtubos de 1,5mL (Unique, USC-1600A, 40 kHz) por 3 minutos e, posteriormente, centrifugado por 30 minutos a 5000g, em temperatura de 4°C, de acordo com metodologia de Fernandes e colaboradores (2018). O sobrenadante foi reservado e a quantificação de proteínas foi realizada, utilizando o método de Bradford (1976).

3.3 Quantificação da concentração de proteína do músculo *Longissimus dorsi*

Inicialmente, foi feita uma curva analítica de calibração obtida a partir de soluções padrões, com concentrações de proteínas conhecidas, como a BSA (albumina sérica bovina). A concentração de proteínas nas amostras de plasma seminal foi determinada pelo método de Bradford (BRADFORD, 1976). O reagente de Bradford utilizado contém como seu principal componente o corante Coomassie Blue G-250 em solução ácida, e este, ao ligar-se às proteínas, tem a sua absorvância alterada de 465 nm para 595 nm. Esta interação entre o corante com a proteína estabiliza a forma aniônica do corante, causando uma visível mudança de coloração inicialmente castanha para tons de azul, de acordo com a concentração de proteínas. O aparelho utilizado para a leitura das concentrações de proteínas foi o Nanodrop 2000c Spectrophotometer, da marca Thermo Scientific. A comparação dos resultados com uma curva padrão permite a determinação da concentração da proteína em estudo.

3.4 Eletroforese unidimensional das proteínas do músculo *Longissimus dorsi*

As proteínas foram separadas pelo método 1D SDS-PAGE, adaptado de Martins *et al.* (2013). Amostras de músculo contendo 20 µg de proteína foram diluídas em tampão de amostra (0.125M Tris-HCl, pH 6,8, 4% SDS, 20% (v/v) glicerol, 0,2 M de DTT, 0,02% de azul de bromofenol), fervidas por 90s, e aplicadas em gel de empilhamento com concentração de 4%, sobre gel de resolução de poliacrilamida em concentração de 12,5%. Foi utilizado o sistema SE 600 Ruby™ (GE Life Sciences, USA), com corrente de 25 mA/gel. Após a corrida eletroforética, os géis foram corados com solução azul brilhante de Coomassie (R-250) por 12h e, posteriormente, descorado com solução contendo metanol (40%) e ácido acético (10%) (SOUZA *et al.*, 2012; RODRIGUES *et al.*, 2013). Após descoloração, o gel foi

digitalizado a 300 dpi (ScannerImagem, GE Healthcare, Piscataway, NJ, EUA) e salvo como arquivo .tiff, para posterior análise no software Quantity One® (v.4.6.3, Bio-Rad, Rockville, MD, EUA).

3.5 Digestão das proteínas

As proteínas separadas por eletroforese unidimensional foram digeridas com tripsina, segundo metodologia descrita por Moura *et al.*, 2006 e Van Tilburg *et al.*, 2013. Foram recortadas individualmente em pedaços menores (1mm²) as bandas selecionadas do gel, as quais foram descoradas por meio de três lavagens a cada 15 minutos com solução contendo 400 µL de solução de acetonitrila 50%/ bicarbonato de amônio (25 mM, pH 8,0). As bandas foram desidratadas com 200 µL de acetonitrila por 5 minutos e, em seguida, secas completamente por 15 minutos no Speed Vac (Concentrator plus, Eppendorf). Os pedaços de gel foram reduzidos em solução de 100 µL de DTT 10mM, por 30 minutos, a temperatura ambiente (vórtex), alquilados com 100 µL de iodoacetamida 50mM por 30 minutos e, em seguida, foram feitas três lavagens com 200 µL de bicarbonato de amônio 100mM por 10 minutos e desidratação com 200 µL de acetonitrila, por 5 minutos no vórtex. Após a remoção da acetonitrila, os pedaços de géis foram secos no Speed Vac por 15 minutos. Foi acrescentada às bandas uma solução de tripsina (20 µg de tripsina (Promega, cat. # V5111, Madison, WI, USA) dissolvidas em 100 µL de ácido acético 50 mM e 900 µL de bicarbonato de amônio 50 mM); após 5 minutos, essa solução foi retirada e acrescentaram-se 20 µL de bicarbonato de amônio 50 mM às amostras e incubados overnight a 37°C (16 a 24 horas). Posteriormente, os peptídeos foram extraídos por meio de duas lavagens com solução de ácido fórmico 5%/ acetonitrila 50% por 30 minutos. Os peptídeos foram acondicionados em microtubos e secos no Speed Vac.

3.6 Identificação das proteínas por espectrometria de massa – (ESI-Q-Tof)

Os peptídeos oriundos da digestão trípica foram analisados conforme a metodologia descrita por Tilburg *et al.*, 2013. Os peptídeos foram injetados em solvente A (acetonitrila:água:ácido fórmico, correspondendo a 5:94,9:0,1, respectivamente), utilizando a bomba auxiliar da unidade de UPLC para interagir com uma coluna Waters Symmetry 300TM(C-18, filme de 5µm; 0,3mm×5mm) para dessalinização em linha e pré-concentração. Depois da lavagem durante 3min com solvente A com 5ml/min, os peptídeos foram então

eluídos num gradiente de concentração para a coluna analítica nanoACQUITY HSS T3 (C-18, 0,075mm x 150mm). A coluna analítica foi corrida num gradiente (5 a 42% de solvente B; acetonitrila:água:ácido fórmico, correspondendo a 95:5:0,2, durante 40min). O espectrômetro de massa foi calibrado utilizando fragmentos de íons do peptídeo Glu-1-fibrinopeptídeo B (Glu-Fib), para manter a precisão em 10 partes por milhão. O espectrômetro de massas foi operado para obter espectros MS/MS dos peptídeos trípticos em modo dependente de dados (data-dependent acquisition; DDA) para o íon precursor usando o reconhecimento de estado de carga e limite de intensidade como critérios de seleção, utilizando o aplicativo MassLynx

4.1. Para obter os dados MS/MS, uma varredura (2 seg.) foi executada nos dados de relação massa/carga (m/z) entre 400-1500. A partir de cada varredura, baseando-se nos critérios de seleção, foram escolhidos até quatro íons mais intensos, para obtenção da produção dos espectros resultantes da dissociação induzida por colisão (CID) na presença de argônio. Os espectros iônicos resultantes (6-8 seg.) foram processados utilizando o aplicativo ProteinLynx Global Server 2.4 e convertidos em arquivos de lista de picos (peak list files; PKL) para, posteriormente, ser feita a pesquisa em banco de dados.

3.7 Pesquisa em banco de dados

Os dados foram coletados (com o software MassLynx 4.1), processados – usando o Protein Lynx Global Server 2.4 (Waters Corp.) – e convertidos em arquivos de texto de lista de pico (.pkl) para pesquisa de banco de dados. Para a identificação das proteínas, os arquivos foram analisados pelo MASCOT (Matrix Science, Londres, UK, v.2.6), utilizando o banco de dados NCBIprot e SwissProt, a partir dos seguintes critérios: máximo de uma perda de clivagem de tripsina, peptídeos mono-isotópicos com carga +1, +2 e +3, com modificação variável de resíduos de metionina oxidada e variação fixa de resíduos de cisteína carbamidometilados, usando íons MS/MS, de acordo com o modo de pesquisa. A tolerância de massa do peptídeo e da massa do fragmento foi de $\pm 1,2$ Da e $\pm 0,6$ Da, respectivamente.

3.8 Gene Ontology

Os dados da identificação das proteínas musculares obtidos após a pesquisa do MASCOT foram analisados utilizando o software STRAP (Boston, MA). Os termos da ontologia gênica para os processos biológicos, componentes celulares e funções moleculares foram obtidos da base de dados do UniProtKB (BATHIA *et al.*, 2009; REGO *et al.*, 2014).

3.9 Análise das redes de interação das proteínas

As interações interproteicas foram analisadas por meio do banco de dados STRING 10.0 (<http://string-db.org>) (SNEL *et al.*, 2000), a partir de predições coletadas, baseando-se em associações diretas (físicas) ou indiretas (funcionais). A análise das redes de interação só foi realizada para as proteínas mais expressas no músculo *Longissimus dorsi*, baseando-se no percentual de intensidade e quantidade de bandas.

3.10 Análise estatística

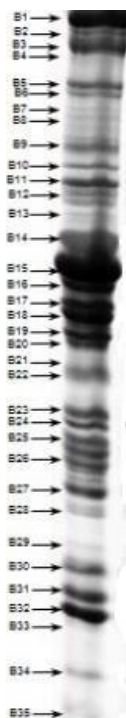
Variações nos componentes proteicos do músculo de bovinos Nelore e Mestiços, inteiros e imunocastrados foram calculadas baseadas nas densitometrias de cada banda proteica com o uso do software Quantity One. Os valores da densitometria das bandas proteicas foram logaritmizados em base 10, avaliados por análise de variância (ANOVA) e teste estatístico de Tukey para determinar diferenças significativas das bandas proteicas entre os tratamentos ($p < 0,05$), utilizando o pacote R (versão 3.3.1).

4 RESULTADOS

4.1 Eletroforese unidimensional e identificação das proteínas por espectrometria de massa ESI-Q-Tof (Electrospray ionization quadrupole-time-of-flight)

Na análise do perfil eletroforético das proteínas do músculo *Longissimus dorsi* dos grupos genéticos Nelore e mestiço de origem leiteira, imunocastrados e inteiros, foram identificadas aproximadamente 35 bandas por grupo experimental, das quais foi excisada a lane 1 do grupo do Nelore inteiro (figura 1) e apontadas um total de 263 proteínas, sendo ± 62 proteínas distintas (Apêndice).

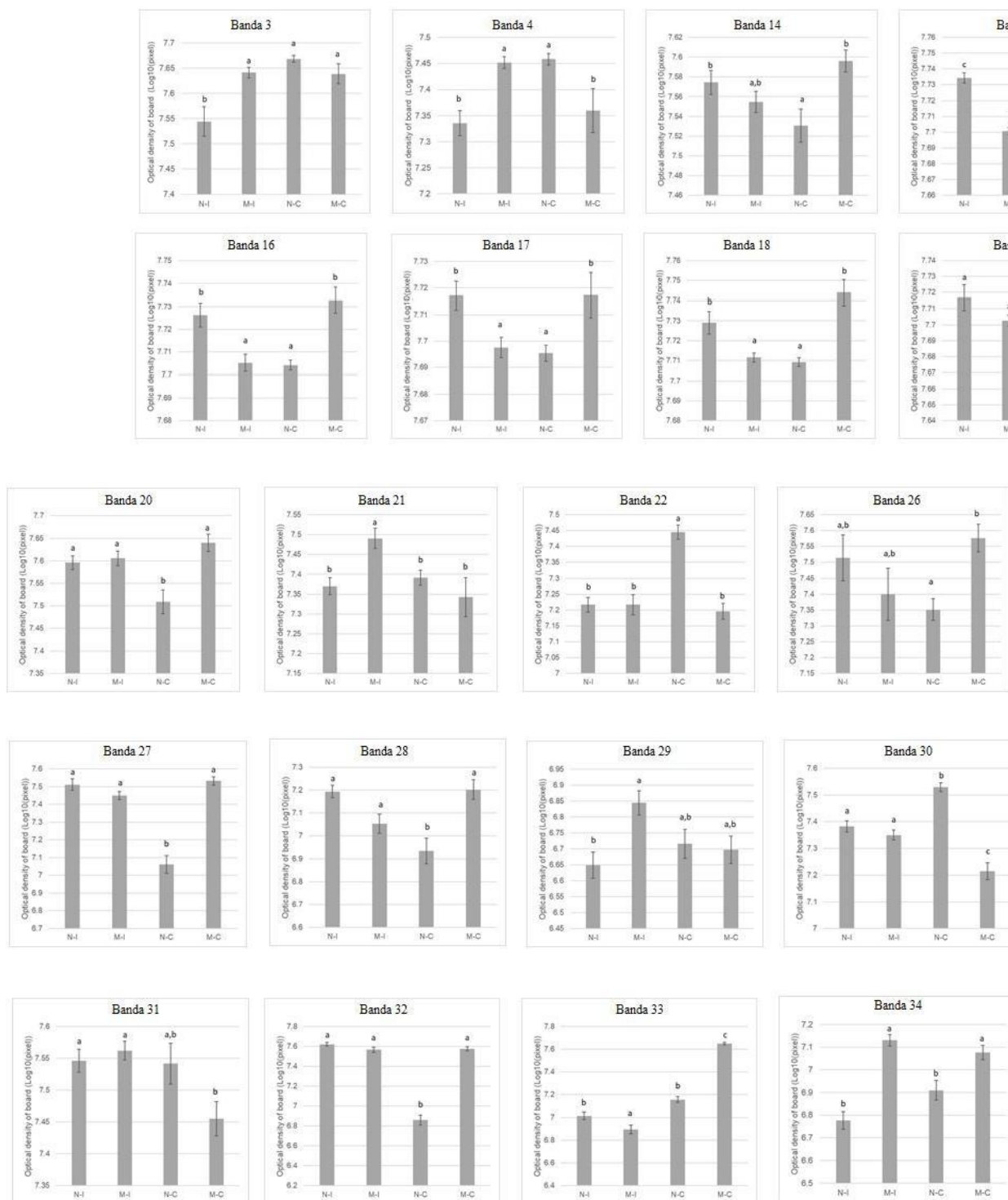
Figura 1 - Lane 1 do gel de eletroforese SDS-PAGE 12,5% de proteínas do músculo *Longissimus dorsi* de bovinos Nelore inteiros (NI). Na imagem B1 a B35 representam as bandas submetidas a identificação por espectrometria de massas ESI-Q-Tof.



Fonte: Elaborada pela própria autora.

De acordo com a análise estatística, vinte bandas foram diferencialmente expressas entre os grupos, sendo identificadas 37 proteínas diferentes nestas bandas. A figura 2 mostra as intensidades das bandas do músculo *Longissimus dorsi* que diferiram significativamente ($p < 0,05$) entre os tratamentos e entre as raças.

Figura 2 - Expressão diferencial das bandas de proteínas do músculo *Longissimus dorsi* de bovinos Nelore e mestiços de origem leiteira, inteiros e imunocastrados. As barras representam a intensidade das bandas expressas em cada tratamento. N-I: Animais da raça Nelore não submetidos a imunocastração; M-I: Animais Mestiços não submetidos a imunocastração; N-C: Animais da raça Nelore submetidos a imunocastração; M-C: Animais Mestiços submetidos a imunocastração. As letras (a,b,c) representam a diferença estatística entre os tratamentos ($p < 0,05$).

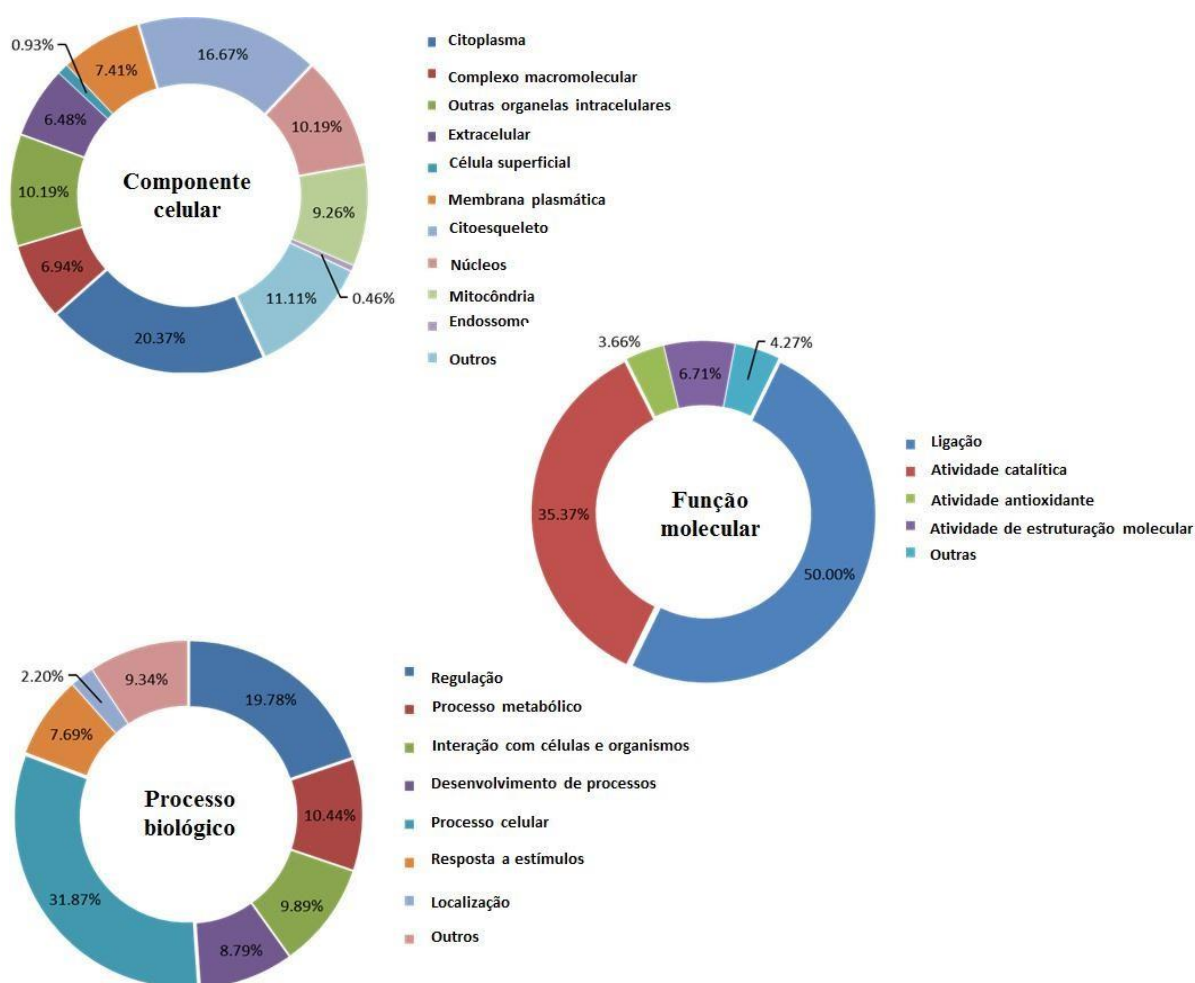


Fonte: Elaborada pela própria autora.

4.2 Análise da ontologia gênica

De acordo com os dados, as proteínas identificadas no músculo *Longissimus dorsi* de ambos os grupos genéticos estudados e sob as condições sexuais diferentes eram principalmente de origem citoplasmática (20,37%) e participam de diferentes processos biológicos, como processo celular (31,87%), regulação (19,78%), processo metabólico (10,44%), interação com células e organismos (9,89%), outros processos (9,34%), desenvolvimento de processos (8,79%), além de resposta a estímulos (7,69%) e localização (2,20%). No que diz respeito à função molecular, observou-se que 50% destas proteínas possuem função de ligação, 35,37% atividade catalítica, 6,71% atividade estrutural e 3,66% atividade antioxidante (Figura 3).

Figura 3 - Processo biológico, componente celular e função molecular das proteínas do músculo de *Bos taurus* identificadas por espectrometria de massa ESI-Q-TOF. Os dados de proteína foram analisados utilizando o software para pesquisa de anotações de proteínas (STRAP®). Os termos da ontologia genética foram obtidos a partir dos bancos de dados UniProtKB.

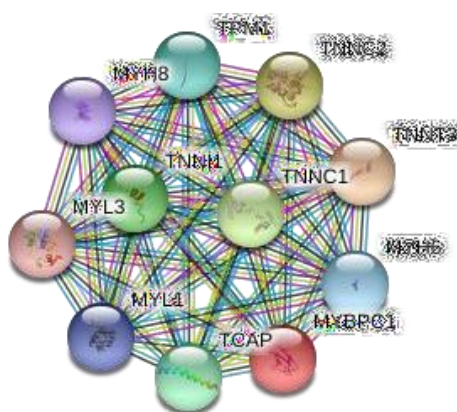


Fonte: Software STRAP e banco de dados UniProtKB (Bhatia *et al.*, 2009).

4.3 Análise das redes de interações de proteínas

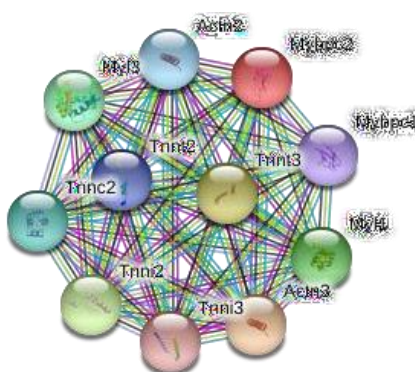
As proteínas identificadas por espectrometria de massas e diferencialmente expressas no músculo *Longissimus dorsi*, que tem relação com qualidade de carne, diferença entre raças e, principalmente, aquelas relacionadas com a condição sexual do animal (castrado ou não), foram selecionadas e analisadas através do STRING. As análises de interação interproteica feitas com as sete proteínas expressas em maior frequência no músculo *Longissimus dorsi* de bovinos inteiros e imunocastrados que diferiram significativamente ($P < 0,05$) mostram que houve interação entre elas, de acordo com as figuras 6, 7, 8, 9 e 10.

Figura 4 - Análise *in silico* das interações da proteína C de ligação à miosina, tipo lento (MYBPC1). TNNT3 (troponina T, músculo esquelético rápido); TNNC2 (troponina C, músculo esquelético); TNNC1 (troponina C, músculos esqueléticos e cardíacos lentos); TNNI1 (troponina); TCAP (teletonina); TPM1 (cadeia alfa-3 de tropomiosina); MYH6 (miosina-7); MYL1 (cadeia leve de miosina 1/3, isoforma do músculo esquelético); MYH8 (miosina-8); MYL3 (cadeia leve de miosina 3).



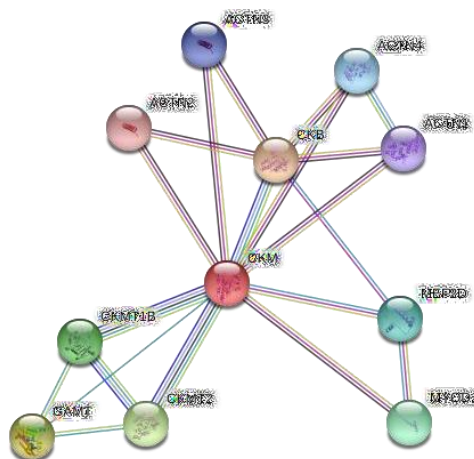
Fonte: Plataforma STRING (<http://stringdb.org>)

Figura 5 - Análise *in silico* das interações da proteína C de ligação à miosina, tipo rápido (MYBPC2). MYL1 (cadeia leve de miosina 1/3, isoforma do músculo esquelético); MYL3 (cadeia leve de miosina 3); MYBPC1 (proteína C de ligação à miosina, tipo lento); ACTN3 (alfa actina); ACTN2 (alfa actina 2); TNNI3 (troponina I); TNNI2 (troponina I, músculo esquelético rápido); TNNT3 (troponina T, músculo esquelético rápido); TNNT2 (troponina T); TNNC2 (troponina C).



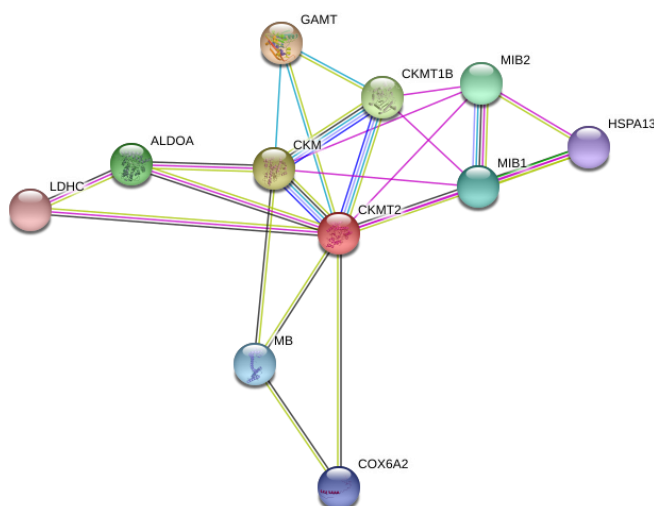
Fonte: Plataforma STRING (<http://stringdb.org>)

Figura 6 - Análise *in silico* das interações da creatina kinase tipo M (CKM). GAMT (guanidinoacetato de N-metiltransferase); CKMT2 (creatina quinase tipo S); CKMT1B (creatina quinase do tipo U, mitocondrial); MYOD1 (proteína de determinação de mioblastos 1); MEF2D (fator potenciador específico de miócito 2D); ACTN4 (alfa-actinina-4); ACTN3 (actina); ACTN1 (alfa-actinina-1); ATCN2 (alfa-actinina-2).



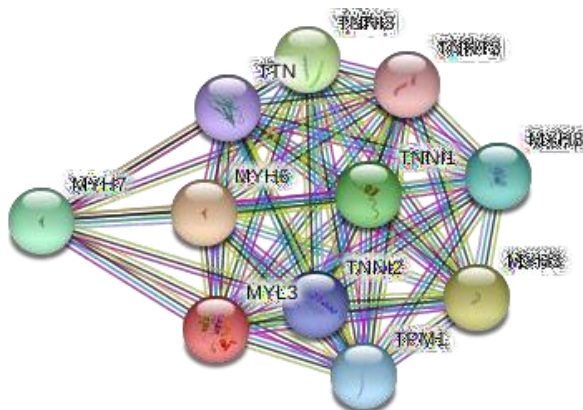
Fonte: Plataforma STRING (<http://stringdb.org>)

Figura 7 - Análise *in silico* das interações da creatina kinase tipo S (CKMT2). GAMT (guanidinoacetato de N-metiltransferase); CKM (creatina quinase tipo M); CKMT1B (creatina quinase do tipo U, mitocondrial); ALDOA (frutose-bisfosfato aldolase A); MIB2 (ubiquitina); MIB1 (ubiquitina); MB (mioglobina); COX6A2 (citocromo); HSPA13 (proteína do choque térmico); LDHC (L-lactato desidrogenase isoforma da cadeia C).



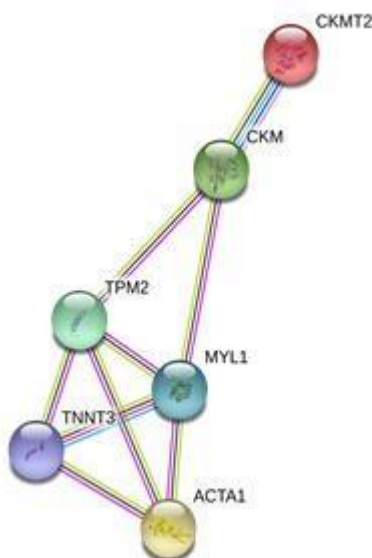
Fonte: Plataforma STRING (<http://stringdb.org>)

Figura 8 - Análise *in silico* das interações da tropinina T (TNNT1). GAMT (guanidinoacetato de N-metiltransferase); CKM (creatina quinase tipo M); CKMT1B (creatina quinase do tipo U, mitocondrial); ALDOA (frutose-bisfosfato aldolase A); MIB2 (ubiquitina); MIB1(ubiquitina); MB (mioglobina); COX6A2 (citocromo); HSPA13 (proteína do choque térmico); LDHC (L-lactato desidrogenase isoforma da cadeia C).



Fonte: Plataforma STRING (<http://stringdb.org>)

Figura 9 - Análise *in silico* das interações da troponina T (TNNT3); creatina quinase tipo S (CKMT2); creatina quinase tipo M (CKM); actina, músculo esquelético alfa (ACTA1); miosina de cadeia leve (MYL1) e cadeia beta de tropomiosina (TPM2).



Fonte: Plataforma STRING (<http://stringdb.org>)

5 DISCUSSÃO

O presente estudo, apresentando uma abordagem proteômica unidimensional, permitiu a identificação de 263 proteínas do músculo *Longissimus dorsi* de bovinos Nelore e mestiços de origem leiteira, sendo um trabalho inovador – já que na literatura são escassas as pesquisas envolvendo esse tema. Vinte bandas apresentaram diferença estatística entre os tratamentos, sendo encontradas 141 proteínas. Dentre as proteínas mais expressas entre as bandas diferenciais, destacam-se: troponina T (TNNT3); creatina quinase tipo S (CKMT2); creatina quinase tipo M (CKM); actina (ACTA1); miosina de cadeia leve (MYL1); cadeia beta de tropomiosina (TPM2); piruvato quinase (PKM) e colágeno (COL1A1).

Miosina, uma proteína do sistema contrátil, consiste de duas cadeias pesadas e quatro isoformas de cadeia leve (MUROYA *et al.*, 2007) e é concomitantemente uma proteína estrutural e uma enzima, sendo responsável pela atividade ATPase (DUBOWITZ, 1985). Primeiramente, foi identificada por Hoh (1975) em sua forma nativa pelo método de eletroforese em gel de poliacrilamida. Diferentes isoformas das cadeias leves e pesadas da molécula de miosina foram identificadas pela técnica de eletroforese bidimensional (2D), exibindo pesos moleculares que variavam entre 16 e 27 kDa., para as cadeias leves, e entre 200 kDa e 204 kDa, para as cadeias pesadas (BARANY; BARANY; GIOMETTI, 1995). A miosina de cadeia leve é uma proteína ligada ao aparato contrátil do músculo esquelético, ligada à miosina de cadeia pesada e à actina, e possui um importante papel na estrutura da fibra muscular, sendo relatada na literatura que a intensidade de *post mortem* da miosina de cadeia leve pode ter relação com a maciez (LAMETSCH *et al.*, 2003). A liberação desta proteína pode estar provavelmente relacionada com a lesão celular pré-abate e várias causas podem estar envolvidas como o estresse ocasionado no momento do abate. Fato este que pode explicar a maior expressão dessa proteína principalmente em animais inteiros, devido à ação da testosterona. Diversas isoformas da miosina foram encontradas no presente trabalho. Isoformas são proteínas muito similares, com ligeiras alterações em suas sequências de aminoácidos, capazes de substituir umas as outras com pequenas diferenças estruturais e funcionais (REGGIANI; BOTTINELLI; STIENEN, 2000).

É interessante salientar que através do controle coordenado de miosina de ação rápida (miosina tipo 1 (MYH1) ou miosina tipo 4 (MYH4)) e genes sarcoméricos rápidos (incluindo as troponinas, proteínas carreadoras de ATP e piruvato), associados nas miofibrilas, podem promover a inibição do tipo de miosina de ação lenta e aumentar a expressão gênica do tipo rápido, favorecendo o encurtamento dos sarcômeros e,

consequentemente, os animais apresentarão carnes mais rígidas (ZHAO *et al.*, 2011), representando, dessa forma, o comportamento que ocorre em animais Nelores (zebuínos), os quais apresentam menor deposição de gordura intramuscular e de cobertura, que estão associadas diretamente a este tipo de proteína de ação rápida (BACKES *et al.*, 2010). Segundo estudo feito por Crouse *et al.* (1989), a menor fragmentação da miofibrila talvez seja a principal causa da diferença na maciez e por existir maior quantidade de tecidos conjuntivos em animais zebuínos que europeus. Contrariando os estudos feitos por Johnson *et al.* (1990), que não observaram diferenças nas quantidades de tecido conjuntivo entre animais Brahman e Angus.

A troponina também está entre as proteínas expressas diferencialmente no trabalho. Consiste em uma proteína composta de três subunidades, uma com afinidade à tropomiosina, outra com afinidade à actina e, a última, com massa molecular de afinidade pelo cálcio (troponina C) (MCARDLE *et al.*, 2003), apresentando altas correlações entre *pós-mortem* com a degradação da troponina T e força de cisalhamento (WHEELER; KOOHMARAIE, 1999). A tropomiosina também está na lista de proteínas estruturais do músculo esquelético encontradas por eletroforese e consiste de duas sub-unidades, que são classificadas de acordo com sua mobilidade eletroforética na SDS-PAGE em α (rápida) e β (lenta). A forma α apresenta uma isoforma nas fibras de contração rápida e outra nas fibras de contração lenta, enquanto a forma β é comum entre os tipos de fibra (MUTHUCHAMY *et al.*, 1997; ARRUDA *et al.*, 2014). A união das proteínas estruturais actina, tropomiosina e a troponina são responsáveis pela formação dos filamentos finos que, ao interagir com os filamentos grossos de miosina, promovem o processo de contração muscular. As proteínas identificadas nesse experimento estão expressas de acordo com os achados de Carvalho *et al.* (2014), estudando proteínas estruturais associadas à maciez da carne em bovinos de corte da raça Nelore.

Provavelmente, as proteínas estruturais encontradas são resultantes da proteólise, pelo fato de estas proteínas estarem associadas à fração miofibrilar insolúvel, sendo geralmente produtos da degradação das calpaínas. A literatura indica biomarcadores detectados durante as primeiras 48h pós-abate que incluem proteínas estruturais (actina, miosina e troponina T), assim como enzimas metabólicas, sendo este acúmulo específico relacionado com a maciez da carne (LAMETSCH *et al.*, 2002; 2003).

A piruvato quinase (PKM) teve expressão diferente entre os grupos experimentais. Trata-se tipicamente de uma enzima alostérica, que participa com uma maior função no controle do fluxo metabólico da frutose-1-6 bifosfato a piruvato, o qual está

envolvido em uma variedade de rotas metabólicas, indicando que esta enzima pode ser considerada chave não somente para a rota glicolítica, mas também para o metabolismo celular (MATTEVI *et al.*, 1996). A maior intensidade na concentração e de atividade da PKM denota claramente um maior metabolismo glicolítico do tecido muscular, característica esta detectada com maior proporção de fibras musculares de contração rápida e de metabolismo glicolítico, as fibras FG (fast glycolytic) ou Type Ix (BALDASSINI *et al.*, 2013). Os animais inteiros, especialmente os da raça Nelore, apresentam crescimento hipertrófico muscular mais acelerado comparado aos castrados, devido à ação anabolizante da testosterona. Conseqüentemente, possuem maior concentração de fibras do tipo Ix (PICARD; CASSAR- MALEK, 2009) e maior expressão da piruvato quinase, comprovando a capacidade do músculo esquelético em se adaptar a diversas situações por mudanças qualitativas e quantitativas no suprimento energético e catabólico, especialmente com respeito ao aumento na capacidade das vias metabólicas oxidativas.

Dentre as proteínas de mais destaque que podem estar envolvidas no efeito da técnica de imunocastração, está a creatina quinase tipo M (CKM) e creatina quinase do tipo S (CKMT2). A enzima creatina quinase é uma enzima encontrada no citoplasma de músculos cardíacos e esqueléticos, tendo sua atividade elevada em situações de estresse. Ela é responsável por catalisar a via mais rápida de produção de energia na forma de Adenosina Tri-Fosfato (ATP) pela conversão de fosfocreatina à creatina com liberação de grupamentos fosfatos (MITCHELL; HEFFRON, 1982). Além disso, ligam-se a outras proteínas que desempenham papel de controle sobre os níveis de progesterona circulante. Nos espermatozoides humanos, o influxo de Ca^{2+} induzido pela progesterona é mediado pelo CatSper, um canal de Ca^{2+} específico do espermatozoide. Um influxo de Ca^{2+} é significativamente associado e mais prevalente em homens com parâmetros anormais de sêmen e está associado à redução da capacidade de fertilização (LEE *et al.*, 1998). Baseada nessa informação, é possível dizer que os animais imunocastrados apresentam redução drástica em seus níveis de andrógenos, possibilitando assim correlacionar o papel desta proteína à menor expressão observada nos animais imunocastrados para ambas as raças.

A quantidade de colágeno insolúvel no tecido conjuntivo de animais inteiros é, segundo estudos feitos por Burson *et al.* (1986) e Gerrard *et al.* (1987), o que diferencia na maciez da carne de animais inteiros e castrados, possuindo uma carne com menor teor de marmoreio os animais que não passaram pela castração. Animais inteiros, eventualmente, podem apresentar carne mais macia que os castrados (VAZ *et al.*, 2001). Isso se explica em função de os animais inteiros serem mais propensos ao estresse pré-abate, fator que resulta na

diminuição do glicogênio do organismo que, posteriormente, irá dificultar a redução do pH *post-mortem*, além do nível de Ca livre incrementar rapidamente. Nessa circunstância, com alto pH e alta concentração de Ca, ocorre a maior atividade das calpaínas e, conseqüentemente, leva a maciez da carne (CENA *et al.*, 1992). Esta pesquisa contraria o estudo feito por Wheeler *et al.* (1990) e Morgan *et al.* (1993), quando argumentaram que animais inteiros possuem maior concentração de calpastatina no músculo, inibindo a atuação das enzimas proteolíticas das calpaínas, tendo como reflexo uma carne mais rígida. Em estudo feito por Koohmaraie (1992), foi atribuída a maior parte (85%) do processo de amaciamento da carne às variações nas alterações *post-mortem*, ou seja, no processo enzimático conhecido como maturação.

6 CONCLUSÃO

A castração imunológica mostrou-se como uma alternativa viável em relação à castração cirúrgica, com destaque para a eliminação de intervenção cirúrgica. Isso favorece o bem-estar animal, facilita o manejo, diminui gastos com o pós-operatório, dentre outras vantagens.

A análise do proteoma é um método bem sucedido para identificar proteínas marcadoras de predição da qualidade da carne. Neste estudo, as proteínas identificadas são altamente relevantes para o processo de maciez da carne como pode ser visto pelos resultados.

A expressão aumentada das proteínas piruvato quinase (PKM) e miosina de cadeia leve (MYL1) são candidatas a marcadores para a carne de animais inteiros de ambas as raças, assim como a supressão da expressão da enzima de quebra do glicogênio (AGL). Houve uma expressão maior das proteínas beta-enolase (ENO3), creatina quinase tipo M (CKM), frutose bifosfato (ALDOA) em animais castrados, especialmente nos mestiços.

São necessários mais estudos no intuito de elucidar essas complexas interações entre as vias metabólicas, a fim de identificar as atividades enzimáticas de cada parte do metabolismo celular para tentar elucidar este complexo metabólico.

REFERÊNCIAS

- AMATAIAKUL-CHANTLER, S. *et al.* Immunocastration of *Bos indicus* x Brown Swiss bulls in feedlot with gonadotropin-releasing hormone vaccine Bopriva provides improved performance and meat quality. **Journal of Animal Science**, v. 90, p. 3718-3728, 2012.
- AMATAYAKUL-CHANTLER, S., HOE, F., JACKSON, J. A., ROCA, R. O., STEGNER, J.E., KING, V., HOWARD, R., LOPEZ, J., WALKER, J. Effects on performance and carcass and meat quality attributes following immunocastration with the gonadotropin releasing factor vaccine Bopriva or surgical castration of *Bos indicus* bulls raised on pasture in Brazil. **Meat Sci** 95: 78-84, 2013.
- ARRUDA, P. C. *et al.*, Efeitos de diferentes fontes de lipídeos sobre as características de carcaça, perfil lipídico e proteoma do Longissimus Dorsi De cordeiros deslanados. [s.l.] 2014.
- BACKES, A. A., PAULINO, M. F., ALVES, D. A., VALADARES FILHO, S. C. Relative size of the internal organs and gastrointestinal tract of dairy crossbreeds and zebu steers in fattening. **Ciência Rural**, 2010; 40(5): 1160-1165.
- BALDASSINI, W. A. *et al.*, ABORDAGEM BIOANALÍTICA E FÍSICO-QUÍMICA DA QUALIDADE DE CARNE EM BOVINOS NELORE (*Bos indicus*) SELECIONADOS PARA PRODUÇÃO. [s. l.] 2013
- BÁRÁNY, K.; BÁRÁNY, M.; GIOMETTI, C. S. Polyacrilamide gel electrophoretic methods in separation of structural muscle proteins. **Journal of Chromatography A**. v. 698, p. 301- 32, 1995.
- BHATIA, V. N. *et al.* Software tool for researching annotations of proteins: open-source protein annotation software with data visualization. **Analytical chemistry**, v. 81, n. 23, p. 9819–23, 1 dez. 2009.
- BRADFORD, M. M. A rapid and sensitive method for the quantization of microgram quantities of protein utilizing the principle of dye binding. **Anal Biochem**, 1976;72: 248–254.
- BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Circular nº 002, de 29 de setembro de 2011. **Abate de Bovinos Castrados Imunologicamente**. Brasília, 2011.
- BURSON, D.E.; HUNT, M.C.; UNRUH, J.A. Proportion of types I and III collagen in Longissimus collagen from bulls and steers. **Journal of Animal Science**, v. 63, n. 2, p. 453-456, 1986.
- CARVALHO, M. E., GASPARIN, G., POLETI, M.D., ROSA, J.C.C.B., LABATE, C. A., & NASSU, R.T., Heat shock and structural proteins associated with meat tenderness in Nellore beef cattle, a *Bos indicus* breed. **Meat Science**, 96, 1318–1324. 2014.
- CENA, P.; JAIME, I.; BELTRAN, J.A. Proteolytic activity of isolated calpains on myofibrils under the conditions of pH, Ca²⁺ concentration and temperature existing in postmortem muscle. **Zeitschrift für Lebensmittel Untersuchung und Forschung**, v. 194, n. 5, p. 248- 251, 1992.

COSTA, C.; MEIRELLES, P. R. L.; SAVASTANO, S.; ARRIGONI, M. B.; SILVEIRA, A. C., ROÇA, R. O., MOURÃO, G. B. Efeito da castração sobre a qualidade da carne de bovinos superprecoces. **Veterinária e Zootecnia**, 14(1):115-123. 2007.

CROUSE, J.D., CUNDIFF, L.V., KOCH, R.M. Comparisons of *Bos indicus* and *Bos taurus* inheritance for carcass beef characteristics and meat palatability. **Journal of Animal Science**, v. 67, n.10, p. 2661-2668, 1989.

D'OCCHIO, M. J., ASPDEN, W. J., TRIGG, T. E. Sustained testicular atrophy in bulls actively immunized against GnRH: potential to control carcass characteristics. **Anim Reprod Sci** 66: 47-58. 2001.

DRANSFIELD, E. Modeling postmortem tenderization. IV - Role of calpain and calpastatin conditioning. **Meat Science**, v. 34, n. 2, p. 217- 234, 1993.

DUBOWITZ, V. **Muscle Biopsy A Practical Approach**. 2. ed.. London; Bailliere Tindall, 1985.

FEIJÓ, G. L. D. Castração de bovinos de corte: a decisão é do produtor. **Boletim informativo, CNPGC/EMBRAPA**. 1998.

FERNANDES, C. C. L., RODRIGUEZ-VILLAMIL, P., VASCONCELOS, F. R. et al. Proteome of the periovarian oviduct and uterus of goats as related to nutritional balance. **Reprod Dom Anim**. 2018.

FREITAS, A. K. *et al.* Características de carcaças de bovinos Nelore inteiros vs castrados em duas idades, terminados em confinamento. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.37, n.6, p.1055–1062, 2008.

GEARY, T. W., WELLS, K. J., AVILA, D. M., AVILA, J. *et al.* Effects of immunization against luteinizing hormone releasing hormone and treatment with trenbolone acetate on reproductive function of beef bulls and steers. **Journal of Animal Science**, 2011; 89: 2086–2095.

GERRARD, D.E., JONES, S.J., ABERLE, E.D. Collagen stability, testosterone secretion and meat tenderness in growing bulls and steers. **Journal of Animal Science**, v. 65, n. 5, p. 1236-1242, 1987.

GOLL, D. E., TAYLOR, R. G., CHRISTIANSEN, J. A. Role of proteinases and protein turnover in muscle growth and meat quality. In: ANNUAL MEAT CONFERENCE, 44, 1992, Chicago. Proceedings. Chicago: **National Livestock and Meat Board**, 1992. p. 25-36.

HADLICH, J. C. *et al.*, Maciez da carne bovina e sua relação como crescimento e os tipos de fibra musculares. **Ver. Acad. Ciênc. Agrár. Ambient**. 2013; 11(4): 421-430.

HENNESSY, D., Improvac® mode of action. **Technical Bulletin**, Apr. 2008.

HOH, F. Y. Neural regulation of mammalian fast and slow muscle myosins. Electrophoretic analysis. **Biochemistry**, v. 14, n. 4, p. 742–747, 1975.

HOPKINS, D. L., THOMPSON, J. M. The degradation of myofibrillar proteins in beef and lamb meat using denaturing electrophoresis – an overview. **Journal of Muscle Foods** 13, 81–102, 2002.

JANETT, F. *et al.* Effect of vaccination against gonadotropin-releasing factor (GnRF) with Bopriva® in the prepubertal bull calf. **Animal Reproduction Science**, v. 131, p. 72-80, 2012.

JOHNSON, D.D., HUFFMAN, R.D., WILLIAMS, S.E. Effects of percentage Brahman and Angus breeding, age-season of feeding and slaughter end point on meat palatability and muscle characteristics. **Journal of Animal Science**, v. 68, n. 7, p. 1980-1986, 1990.

KOOHMARAIE, M. Muscle proteinases and meat aging. **Meat Science**, v. 36, n. 3, 1994.

KOOHMARAIE, M. Role of the neutral proteinases in postmortem muscle protein degradation and meat tenderness. In: RECIPROCAL MEAT CONFERENCE, 45., 1992, Knoxville.

Proceedings... Knoxville: **American Meat Science Association**, 1992. p. 63-71.

LAGE, J. F. REDVET. **Revista eletrônica de Veterinária**. 2009. ISSN: 1695-7504 2009 Vol. 10, Nº 12.

LAMETSCH, R., KARLSSON, A., ROSENVOLD, K., ANDERSEN, H. J., ROEPSTORFF, P., & BENDIXEN, E. Postmortem proteome changes of porcine muscle related to tenderness. **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, 51(24), 6992–6997. 2003.

LAMETSCH, R., ROEPSTORFF, P., & BENDIXEN, E. Identification of protein degradation during post-mortem storage of pig meat. **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, 50, 5508–5512. 2002.

LEE, H., KIM, J. H., CHAE, Y. J., OGAWA, H., LEE, M. H., GERTON, G. L. Creatine synthesis and transport systems in the male rat reproductive tract. **Biol Reprod**. 1998

LISTRAT, A., LEBRET, B., LOUVEAU, I. *et al.* How Muscle Structure and Composition Influence Meat and Flesh Quality. **The Scientific World Journal**. 2016;2016:3182746. doi:10.1155/2016/3182746.

LUCHIARI FILHO, A. **Pecuária da carne bovina**. São Paulo: Luchiari Filho, 2000.

MARTINS, J. A. M. *et al.* Major heparin-binding proteins of the seminal plasma from Morada Nova rams. **Small Ruminant Research**, 2013;113(1):115–127.

MATTEVI, A., BOLOGNESI, M., VALENTINI, G. The allosteric regulation of pyruvate kinase. **Federation of European Biochemical Societies Letters**. 1996.

MCARDLE, W. D., KATCH, F. I., KATCH, V. L. *Fisiologia do Exercício : Energia, Nutrição e Desempenho Humano*. 5. ed. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, 2003.

MITCHELL, G., HEFFRON, J. J. A. Porcine stress syndromes. **Advances in Food Research**, New York, v. 28, p. 167-230, 1982.

- MORGAN, J.B., WHELLER, T.L., KOOHMARAIE, M. Effect of castration on myofibrillar protein turnover, endogenous proteinase activities, and muscle growth in bovine skeletal. **Journal of Animal Science**. 1993.
- MOURA, A. A., KOC, H.; CHAPMAN, D. A., KILLIAN GJ. Identification of accessory sex gland fluid proteins as related to fertility indexes of dairy bulls: a proteomic approach. **Journal of Andrology**, Schaumburg, v.27, p.201–211, 2006a.
- MUROYA, S., NAKAJIMA, I., CHIKUNI, K. Amino acid sequences of multiple fast and slow troponin T isoforms expressed in adult bovine skeletal muscles. **Journal of Animal Science**, v. 81, p. 1185- 1192, 2007
- MUTHUCHAMY, M.; RETHINASAMY, P.; WIECZOREK, D. F. Tropomyosin structure and function. **New insights**. Trends Cardiovasc Med. v. 7, n. 4 p. 124-8. 1997.
- OUALI, A., TALMANT, A. Calpains and calpastatin distribution in bovine, porcine and ovine skeletal muscles. **Meat Sci**. 1990;28(4):331–48
- PICARD, B., & CASSAR-MALEK, I. (2009). Evidence for expression of IIb myosin heavy chain isoform in some skeletal muscles of Blonde d'Aquitaine bulls. **Meat Science**, 82, 30- 36.
- PORTO, J. C. A. *et al.* Desempenho e características de carcaça de bovinos F1 pardo suíço corte x nelore, inteiros ou castrados em diferentes idades, Campo Grande: **Embrapa Gado de Corte**, 2000.
- PRICE, E. O. *et al.* Aggressive behavior is reduced in bulls actively immunized against gonadotropin-releasing hormone. **Journal of Animal Science**, v. 81, p. 411-415, 2003.
- REGGIANI, C., BOTTINELLI, R., STIENEN, G. J. M. Sarcomeric myosin isoforms: fine tuning of a molecular motor. **News Physiol. Sci**. v.15, p. 26-33, 2000.
- REGO, J. P. A. *et al.* Seminal plasma proteome of electroejaculated Bos indicus bulls. **Animal Reproduction Science**, v. 148, n. 1–2, p. 1–17, 2014.
- RESTLE, J., ALVES FILHO, D. C., FATURI, C. *et al.* Desempenho na fase de crescimento de machos bovinos inteiros ou castrados de diferentes grupos genéticos. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 29, n. 4, p. 1036-1043, 2000a.
- RESTLE, J., VAZ, F. N. V., FEIJÓ, G. L. D., BRONDANI, I. L., ALVES FILHO, D. C., BERNARDES, R. C., FATURI, C., PACHECO, P. S. Características de Carcaça de Bovinos de Corte Inteiros ou Castrados de Diferentes Composições Raciais Charolês x Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 29(5):1371- 1379, 2000b.
- ROÇA, R. O. *et al.* Immunocastration of male cattle on pasture and its effect on meat quality. **In: Reunión latinoamericana de producción animal**, 12, 2011b, Montevideo. Anais, Montevideo: ALPA, 2011.
- RODRIGUES, M. A. M. *et al.* Seminal plasma proteins and their relationship with sperm motility in Santa Ines rams. **Small Ruminant Research**, 2013;109 (2–3): 94– 100.

SGARBIERI, V. C. **Proteínas em alimentos protéicos**. São Paulo, SP: Varela, 1996.

SNEL, B., LEHMANN, G., BORK, P., HUYNEN, M. A. STRING: a web-server to retrieve and display the repeatedly occurring neighbourhood of a gene. **Nucleic Acids Research**, 2000; 28(18):15 3442–3444.

SOUZA, C. E. *et al.* Proteomic analysis of the reproductive tract fluids from tropically-adapted Santa Ines rams. **Journal of Proteomics**, v. 75, n. 14, p. 4436-56, Jul 19 2012.

VAN TILBURG, M. F. *et al.* Membrane-associated proteins of ejaculated sperm from Morada Nova rams, **Theriogenology**, v. 79, p. 1247-1261, 2013.

VAZ, F.N., RESTLE, J., FEIJÓ, G.L.D. Qualidade e composição química da carne de bovinos de corte inteiros ou castrados de diferentes grupos genéticos Charolês x Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 30, n. 2, p. 518-525, 2001.

WHEELER, T. L., AND M. KOOHMARAIE. The extent of proteolysis is independent of sarcomere length in lamb longissimus and psoas major. *J. Anim. Sci.* 77:2444–2451, 1999.

WHEELER, T.L., SAVELL, J.W., CROOS, H.R. Mechanisms associated with the variation in tenderness of meat from Brahman and Hereford cattle. **Journal of Animal Science**, v. 68, n. 12, p. 4206-4220, 1990.

ZANELLA, R. *et al.* Características testiculares de touros imunizados com vacina anti-hormônio liberador do hormônio luteinizante. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.44, n.10, p.1359-1363, 2009.

ZHAO, X. *et al.* Comparative analyses by sequencing of transcriptomes during skeletal muscle development between pig breeds differing in muscle growth rate and fatness. **PLoS One**. 2011, v.6, n.5, p.19774.

APÊNDICE A – PROTEÍNAS IDENTIFICADAS POR ESPECTROMETRIA DE MASSA DO MÚSCULO *LONGISSIMUS DORSI* DE BOVINOS DE CORTE INTEIROS E IMUNO CASTRADOS EM SISTEMA DE SUPLEMENTAÇÃO À PASTO

Proteína	Número de acesso (Uniprot)	Nome do gene	MS/MS escore da proteína	Cobertura (%)	Peptídeos	Escore do íon	m/z	z
Banda 1								
Alpha-S1-casein	CASA1_BOVIN	CSN1S1	51	4	⁽¹⁰⁶⁾ YLGYLEQLLR ⁽¹¹⁵⁾	51	634.3541	2
Phosphoglucomutase-1	PGM1_BOVIN	PGM1	40	4	⁽²⁸⁾ VFQSSSNYAENFIQSIISTVEPAQR ⁽⁵²⁾	40	939.1381	3
Myosin-2	F1MRC2_BOVIN	MYH2	1232	27	⁽⁷⁴⁾ EDQVFPMPNPPK ⁽⁸⁴⁾	45	659.3113	2
					⁽¹⁷¹⁾ ENQSILITGESGAGK ⁽¹⁸⁵⁾	78	752.3670	2
					⁽²¹⁵⁾ IQGTLEDQIISANPLLEAFGNAK ⁽²³⁷⁾	58	814.7642	3
					⁽²¹⁵⁾ IQGTLEDQIISANPLLEAFGNAK ⁽²³⁷⁾	62	1221.6436	2
					⁽²⁶¹⁾ IQGTLEDQIISANPLLEAFGNAK ⁽²⁷³⁾	82	733.3702	2
					⁽³⁵⁵⁾ LTGAVMHYGNLK ⁽³⁶⁶⁾	32	660.3422	2
					⁽⁴¹⁷⁾ GQTVEQVTNAV GALAK ⁽⁴³²⁾	81	793.4305	2
					⁽⁶¹⁹⁾ TLAFLFSGTPTGDSEASGGTK ⁽⁶³⁹⁾	105	1022.5051	2
					⁽⁶⁴⁶⁾ GSSFQTVSALFR ⁽⁶⁵⁷⁾	82	650.3226	2
					⁽⁶⁸⁵⁾ TPGAMEHELVLHQLR ⁽⁶⁹⁹⁾	121	437.4666	4
					⁽⁶⁸⁵⁾ TPGAMEHELVLHQLR ⁽⁶⁹⁹⁾	76	582.9567	3
					⁽⁷²⁹⁾ VLNASAIPEGQYIDSK ⁽⁷⁴⁴⁾	60	852.9344	2
⁽⁷⁵⁰⁾ LLASIDIDHTQYK ⁽⁷⁶²⁾	37	758.8988	2					
⁽⁷⁷²⁾ AGLLGLEEMR ⁽⁷⁸²⁾	61	609.3251	2					
⁽⁹⁵⁸⁾ DIDDLELTLAK ⁽⁹⁶⁸⁾	61	623.3026	2					
⁽⁹⁸²⁾ NLTEEMAGLDETIK ⁽⁹⁹⁶⁾	85	825.8806	2					
⁽¹⁰⁰³⁾ ALQEAHQQTLDLQAEEDKVNTLTK ⁽¹⁰²⁷⁾	47	710.6019	4					

(1120)IEELEEIEAER ⁽¹¹³¹⁾	64	744.8555	2
(1155)LEEAGGATSAQIEMNK ⁽¹¹⁷⁰⁾	76	832.8795	2
(1182)DLEEATLQHEATAAALR ⁽¹¹⁹⁸⁾	47	613.6436	3
(1182)DLEEATLQHEATAAALR ⁽¹¹⁹⁸⁾	40	613.9713	3
(1227)SEMKMEIDDLASNVETISK ⁽¹²⁴⁵⁾	48	724.6715	3
(1285)LQTESGEFSR ⁽¹²⁹⁴⁾	60	577.2520	2
(1350)EQYEEEQESK ⁽¹³⁵⁹⁾	42	649.7717	2
(1369)ANTEVAQWR ⁽¹³⁷⁷⁾	65	537.7709	2
(1378)TKYETDAIQR ⁽¹³⁸⁷⁾	72	612.8145	2
(1426)LQNEVEDLMLDVER ⁽¹⁴³⁹⁾	75	859.9210	2
(1426)LQNEVEDLMLDVER ⁽¹⁴³⁹⁾	94	859.9227	2
(1426)LQNEVEDLMLDVER ⁽¹⁴³⁹⁾	75	860.4099	2
(1509>NLQQEISDLTEQIAEGGK ⁽¹⁵²⁶⁾	55	658.3246	3
(1509>NLQQEISDLTEQIAEGGK ⁽¹⁵²⁶⁾	99	986.9838	2
(1509>NLQQEISDLTEQIAEGGKR ⁽¹⁵²⁷⁾	100	710.3552	3
(1509>NLQQEISDLTEQIAEGGKR ⁽¹⁵²⁷⁾	65	710.6895	3
(1543)SEIQAALEEAEEASLEHEEGK ⁽¹⁵⁶²⁾	75	723.9925	3
(1543)SEIQAALEEAEEASLEHEEGK ⁽¹⁵⁶²⁾	84	1085.5173	2
(1598)VVESMQTMLDAEIR ⁽¹⁶¹¹⁾	72	827.3977	2
(1657)DTQIHLDDALR ⁽¹⁶⁶⁷⁾	72	648.8149	2
(1668)GQEDLKEQLAMVER ⁽¹⁶⁸¹⁾	81	554.6037	3
(1668)GQEDLKEQLAMVER ⁽¹⁶⁸¹⁾	100	831.4096	2
(1683)ANLLQAEIEELR ⁽¹⁶⁹⁴⁾	76	700.3768	2
(1706)IAEQELLDASER ⁽¹⁷¹⁷⁾	81	687.3428	2
(1734)KLETDTIQIGEMEDILQEAR ⁽¹⁷⁵⁴⁾	69	826.0802	3
(1763)AITDAAMMAEELKK ⁽¹⁷⁷⁶⁾	59	518.5826	3
(1763)AITDAAMMAEELKK ⁽¹⁷⁷⁶⁾	75	777.3762	2
(1777)EQDTS AHLER ⁽¹⁷⁸⁶⁾	83	593.2772	2
(1802)LDEAEQLALK ⁽¹⁸¹¹⁾	60	565.7766	2
(1826)ELEGEVESEQK ⁽¹⁸³⁶⁾	56	638.7984	2
(1903)KLQHELEEAER ⁽¹⁹¹⁴⁾	70	504.2486	3

Myosin-7	MYH7_BOVIN	MYH7	551	16	(1904)LQHELEEEAER ⁽¹⁹¹⁴⁾	56	691.8314	2
					(1915)ADIAESQVNK ⁽¹⁹²⁴⁾	38	537.7738	2
					(170)ENQSILITGESGAGK ⁽¹⁸⁴⁾	78	752.3670	2
					(191)VIQYFAVIAAIGDR ⁽²⁰⁴⁾	93	768.4340	2
					(258)LASADIETYLLEK ⁽²⁷⁰⁾	82	733.3702	2
					(384)SAYLMGLNSADLLK ⁽³⁹⁷⁾	35	756.3948	2
					(414)GQNVQQVVYAK ⁽⁴²⁴⁾	52	617.3299	2
					(724)ILNPAAIPEGQFIDSR ⁽⁷³⁹⁾	59	870.9656	2
					(767)AGLLGLLEEMR ⁽⁷⁷⁷⁾	61	609.3251	2
					(953)DIDDLELTLAK ⁽⁹⁶³⁾	61	623.3026	2
					(998)ALQEAHQALDDLQAEEDKVNTLTK ⁽¹⁰²²⁾	36	702.8518	4
					(1115)IEELEELEAER ⁽¹¹²⁶⁾	64	744.8555	2
					(1177)DLEEATLQHEATAAALR ⁽¹¹⁹³⁾	47	613.6436	3
					(1177)DLEEATLQHEATAAALR ⁽¹¹⁹³⁾	40	613.9713	3
					(1373)TKYETDAIQR ⁽¹³⁸²⁾	72	612.8145	2
					(1397)LQDAEEAVEAVNAK ⁽¹⁴¹⁰⁾	98	743.8679	2
					(1421)LQNEIEDLMVDVER ⁽¹⁴³⁴⁾	75	859.9210	2
					(1421)LQNEIEDLMVDVER ⁽¹⁴³⁴⁾	75	860.4099	2
					(1504)NLQEEISDLTEQLGSSGK ⁽¹⁵²¹⁾	48	974.4833	2
					(1652)DTQIQLDDAVR ⁽¹⁶⁶²⁾	56	637.3178	2
(1678)NNLLQAELEELR ⁽¹⁶⁸⁹⁾	40	721.3844	2					
(1690)AVVEQTER ⁽¹⁶⁹⁷⁾	50	466.2433	2					
(1700)KLAEQELIETSER ⁽¹⁷¹²⁾	73	773.4106	2					
(1758)AITDAAMMAEELKK ⁽¹⁷⁷¹⁾	59	518.5826	3					
(1758)AITDAAMMAEELKK ⁽¹⁷⁷¹⁾	75	777.3762	2					
(1772)EQD TSAHLER ⁽¹⁷⁸¹⁾	83	593.2772	2					
(1797)LDEAEQIALK ⁽¹⁸⁰⁶⁾	60	565.7766	2					
(1881)QAEAEQANTNLSK ⁽¹⁸⁹⁵⁾	65	831.3901	2					
(1910)ADIAESQVNK ⁽¹⁹¹⁹⁾	38	537.7738	2					
(74)EDQVFPMPPK ⁽⁸⁴⁾	45	659.3113	2					
(171)ENQSILITGESGAGK ⁽¹⁸⁵⁾	78	752.3670	2					
Myosin-1	MYH1_BOVIN	MYH1	1347	30				

(215)	MQGTLEDQIISANPLLEAFGNAK ⁽²³⁷⁾	82	826.0816	3
	(261)LASADIETYLLEK ⁽²⁷³⁾	82	733.3702	2
	(355)LTGAVMHYGNLK ⁽³⁶⁶⁾	32	660.3422	2
	(387)AAYLQGLNSADLLK ⁽⁴⁰⁰⁾	62	738.8977	2
	(600)NKDPLNETVVGLYQK ⁽⁶¹⁴⁾	54	859.4670	2
(619)	TLALLFSGPASGEAEGGPK ⁽⁶³⁷⁾	93	901.4598	2
	(644)GSSFQTVSALFR ⁽⁶⁵⁵⁾	82	650.3226	2
	(683)TPGAMEHELVLHQLR ⁽⁶⁹⁷⁾	121	437.4666	4
	(683)TPGAMEHELVLHQLR ⁽⁶⁹⁷⁾	76	582.9567	3
	(727)VLNASAIPEGQFIDSK ⁽⁷⁴²⁾	56	844.9383	2
	(770)AGLLGLLEEMR ⁽⁷⁸⁰⁾	61	609.3251	2
	(956)DIDDLELTLAK ⁽⁹⁶⁶⁾	61	623.3026	2
	(980)NLTEEMAGLDETIAK ⁽⁹⁹⁴⁾	85	825.8806	2
(1001)	ALQEAHQQTLLDDLQAEEDKVNTLTK ⁽¹⁰²⁵⁾	47	710.6019	4
	(1064)LAQUESTMDIENDKQQLDEK ⁽¹⁰⁸²⁾	78	751.0161	3
	(1118)IEEEEEIEAER ⁽¹¹²⁹⁾	64	744.8555	2
	(1153)LEEAGGATSAQIEMNK ⁽¹¹⁶⁸⁾	76	832.8795	2
	(1180)DLEEATLQHEATAAALR ⁽¹¹⁹⁶⁾	47	613.6436	3
	(1180)DLEEATLQHEATAAALR ⁽¹¹⁹⁶⁾	40	613.9713	3
(1225)	SEMKMEIDDLASNMETVSK ⁽¹²⁴³⁾	46	735.9886	3
	(1254)ALEDQLSELK ⁽¹²⁶³⁾	48	573.2881	2
	(1283)LQTESGFEFSR ⁽¹²⁹²⁾	60	577.2520	2
	(1330)SALAHALQSAR ⁽¹³⁴⁰⁾	63	562.8017	2
(1348)	EQYEEEQEGKAELQR ⁽¹³⁶²⁾	56	622.6213	3
	(1376)TKYETDAIQR ⁽¹³⁸⁵⁾	72	612.8145	2
	(1400)LQDAEEHVEAVNAK ⁽¹⁴¹³⁾	98	776.8873	2
	(1424)LQNEVEDLMIDVER ⁽¹⁴³⁷⁾	75	859.9210	2
	(1424)LQNEVEDLMIDVER ⁽¹⁴³⁷⁾	94	859.9227	2
	(1424)LQNEVEDLMIDVER ⁽¹⁴³⁷⁾	75	860.4099	2
(1507)	NLQQEISDLTEQIAEGGK ⁽¹⁵²⁴⁾	55	658.3246	3
(1507)	NLQQEISDLTEQIAEGGK ⁽¹⁵²⁴⁾	99	986.9838	2

					(1507)NLQQEISDLTEQIAEGGKR ⁽¹⁵²⁵⁾	100	710.3552	3
					(1507)NLQQEISDLTEQIAEGGKR ⁽¹⁵²⁵⁾	65	710.6895	3
					(1541)SEIQAALEEEAEASLEHEEGK ⁽¹⁵⁶⁰⁾	75	723.9925	3
					(1541)SEIQAALEEEAEASLEHEEGK ⁽¹⁵⁶⁰⁾	84	1085.5173	2
					(1596)IVESMQSTLDAEIR ⁽¹⁶⁰⁹⁾	106	804.4034	2
					(1655)DTQIHLDDALR ⁽¹⁶⁶⁵⁾	72	648.8149	2
					(1666)GQEDLKEQLAMVER ⁽¹⁶⁷⁹⁾	81	554.6037	3
					(1666)GQEDLKEQLAMVER ⁽¹⁶⁷⁹⁾	100	831.4096	2
					(1681)ANLLQAEIEELR ⁽¹⁶⁹²⁾	76	700.3768	2
					(1704)IAEQELLDASER ⁽¹⁷¹⁵⁾	81	687.3428	2
					(1732)KLETDITQIQGEMEDIQEAR ⁽¹⁷⁵²⁾	69	826.0802	3
					(1761)AITDAAMMAEELKK ⁽¹⁷⁷⁴⁾	59	518.5826	3
					(1761)AITDAAMMAEELKK ⁽¹⁷⁷⁴⁾	75	777.3762	2
					(1775)EQDTS AHLER ⁽¹⁷⁸⁴⁾	83	593.2772	2
					(1800)LDEAEQLALK ⁽¹⁸⁰⁹⁾	60	565.7766	2
					(1824)ELEGEVESEQK ⁽¹⁸³⁴⁾	56	638.7984	2
					(1901)KLQHELEEEAER ⁽¹⁹¹²⁾	70	504.2486	3
					(1902)LQHELEEEAER ⁽¹⁹¹²⁾	56	691.8314	2
					(1913)ADIAESQVNK ⁽¹⁹²²⁾	38	537.7738	2
Beta-casein	CASB_BOVIN	CSN2	90	8	(199)DMPIQAFLLYQEPVLPVPR ⁽²¹⁷⁾	49	729.3923	3
					(199)DMPIQAFLLYQEPVLPVPR ⁽²¹⁷⁾	78	1093.5967	2
Banda 2								
Actin, aortic smooth muscle	ACTA_BOVIN	ACTA2	82	4	(241)SYELPDGQVITIGNER ⁽²⁵⁶⁾	82	895.954	2
Glyceraldehyde-phosphate-dehydrogenase, partial	G3P_BOVIN	GAPDH GAPD	75	4	(189)GAAQNIIPASTGAAK ⁽²⁰³⁾	75	685.3314	2
Pyruvate kinase 2 protein, partial	Q3ZC87_BOVIN	PKM2	93	2	(265)FGVEQNVDMMVFASFIR ⁽²⁸⁰⁾	93	937.9659	2
PREDICTED: Myomesin-2 isoform X2	Q32LP3_BOVIN	MYOM2	650	8	(111)YQSMVAAYGEAK ⁽¹²²⁾	60	667.3077	2
					(472)YPVTGLFEGR ⁽⁴⁸¹⁾	77	569.7967	2
					(501)VSEAVAALDPVDLR ⁽⁵¹⁴⁾	63	727.8967	2
					(716)AVNAVGTSENSQESDVIK ⁽⁷³³⁾	85	924.4581	2
					(766)FSGGSPILGYYVDKR ⁽⁷⁸⁰⁾	68	553.6182	3

Myosin-2	MYH2_BOVIN	MYH2	1699	14	(799)ILTVEGLTEGSLYEFK ⁽⁸¹⁴⁾	73	899.9818	2
					(1129)SQSSLVLIGDAFK ⁽¹¹⁴¹⁾	93	682.8752	2
					(1237)GQDVSTLEIAGK ⁽¹²⁴⁸⁾	73	609.3222	2
					(1249)VYEDMILAMSR ⁽¹²⁵⁹⁾	66	680.3188	2
					(646)GSSFQTVSALFR ⁽⁶⁵⁷⁾	80	650.3393	2
					(772)AGLLGLLEEMR ⁽⁷⁸²⁾	63	609.3305	2
					(931)AEDEEEINAELTAK ⁽⁹⁴⁴⁾	91	781.3674	2
					(958)DIDDLELTLAK ⁽⁹⁶⁸⁾	61	623.3317	2
					(982>NLTEEMAGLDETIK ⁽⁹⁹⁶⁾	82	825.9015	2
					(1099)IEDEQALGIQLQK ⁽¹¹¹¹⁾	66	742.9015	2
					(1120)IEELEEIEAER ⁽¹¹³¹⁾	73	744.8536	2
					(1155)LEEAGGATSAQIEMNK ⁽¹¹⁷⁰⁾	88	832.8889	2
					(1182)DLEEATLQHEATAAALR ⁽¹¹⁹⁸⁾	70	613.6337	3
					(1182)DLEEATLQHEATAAALR ⁽¹¹⁹⁸⁾	117	919.9663	2
(1201)HADSVAELGEQIDNLQR ⁽¹²¹⁷⁾	68	632.3093	3					
(1285)LQTESGEFSR ⁽¹²⁹⁴⁾	60	577.2753	2					
(1378)TKYETDAIQR ⁽¹³⁸⁷⁾	63	612.8132	2					
(1426)LQNEVEDLMLDVER ⁽¹⁴³⁹⁾	103	859.9204	2					
(1491)NAYEESLDQLETLKR ⁽¹⁵⁰⁵⁾	79	859.9204	3					
(1491)NAYEESLDQLETLKR ⁽¹⁵⁰⁵⁾	61	904.9600	2					
(1509>NLQQEISDLTEQIAEGGK ⁽¹⁵²⁶⁾	87	986.9954	2					
(1509>NLQQEISDLTEQIAEGGK ⁽¹⁵²⁷⁾	95	710.3591	3					
(1509>NLQQEISDLTEQIAEGGK ⁽¹⁵²⁷⁾	58	1065.0533	2					
(1683)ATLEQTER ⁽¹⁶⁹⁴⁾	72	699.8796	2					
(1695)ATLEQTER ⁽¹⁷⁰²⁾	73	474.2430	2					
(1705)KIAEQELLDASER ⁽¹⁷¹⁷⁾	98	751.3977	2					
(1734)KLETDTIQIGEMEDILQEAR ⁽¹⁷⁵⁴⁾	81	826.0785	3					
(1777)EQDTS AHLER ⁽¹⁷⁸⁶⁾	64	593.2777	2					
(1904)LQHELEEAER ⁽¹⁹¹⁴⁾	60	691.8312	2					
(619)TLALLFSGPASGEAEGGPK ⁽⁶³⁷⁾	64	901.4752	2					
(644)GSSFQTVSALFR ⁽⁶⁵⁵⁾	80	650.3393	2					
Myosin-1	MYH1_BOVIN	MYH1	1764	15				

					(770)GSSFQTVSALFR ⁽⁷⁸⁰⁾	63	609.3305	2
					(929)AEDEEEINAELTAK ⁽⁹⁴²⁾	91	781.3674	2
					(956)DIDDLELTLAK ⁽⁹⁶⁶⁾	61	623.3317	2
					(980)NLTEEMAGLDETIAK ⁽⁹⁹⁴⁾	82	825.9015	2
					(1064)LAQESTMDIENDKQQLDEK ⁽¹⁰⁸²⁾	72	751.0169	3
					(1118)IEELEEIEAER ⁽¹¹²⁹⁾	73	744.8536	2
					(1153)LEEAGGATSAQIEMNK ⁽¹¹⁶⁸⁾	88	832.8889	2
					(1180)DLEEATLQHEATAAALR ⁽¹¹⁹⁶⁾	70	613.6337	3
					(1180)DLEEATLQHEATAAALR ⁽¹¹⁹⁶⁾	117	919.9663	2
					(1199)HADSVaelGEQIDNLQR ⁽¹²¹⁵⁾	68	632.3093	3
					(1283)LQTESGEFSR ⁽¹²⁹²⁾	60	577.2753	2
					(1376)TKYETDAIQR ⁽¹³⁸⁵⁾	63	612.8132	2
					(1424)LQNEVEDLMIDVER ⁽¹⁴³⁷⁾	103	859.9204	2
					(1489)NAYEESLDQLETLKR ⁽¹⁵⁰³⁾	79	603.6340	3
					(1489)NAYEESLDQLETLKR ⁽¹⁵⁰³⁾	61	904.9600	2
					(1507)NLQQEISDLTEQIAEGGK ⁽¹⁵²⁴⁾	87	986.9954	2
					(1507)NLQQEISDLTEQIAEGGK ⁽¹⁵²⁵⁾	95	710.3591	3
					(1507)NLQQEISDLTEQIAEGGK ⁽¹⁵²⁵⁾	58	1065.0533	2
					(1681)ANLLQAEIEELR ⁽¹⁶⁹²⁾	72	699.8796	2
					(1693)ATLEQTER ⁽¹⁷⁰⁰⁾	73	474.2430	2
					(1703)KIAEQELLDASER ⁽¹⁷¹⁵⁾	98	751.3977	2
					(1732)KLETDITQIQGEMEDIQEAR ⁽¹⁷⁵²⁾	81	826.0785	3
					(1775)EQDTS AHLER ⁽¹⁷⁸⁴⁾	64	593.2777	2
					(1902)LQHELEEAER ⁽¹⁹¹²⁾	60	691.8312	2
Myosin-binding protein C, fast-type, partial	L8HZG4_9CETA	M91_17580	288	4	(171)SDTAGELDFSGLLK ⁽¹⁸⁴⁾	61	726.8664	2
					(223)IAFQYGITDLR ⁽²³³⁾	95	648.8491	2
					(432)QLEVLQDIADLTVK ⁽⁴⁴⁵⁾	65	792.9448	2
					(614)VTNPVGEDVASILLK ⁽⁶²⁸⁾	74	777.9425	2
TPA: Myomesin 1, 185kDa isoform 1	MYOM1_BOVIN	MYOM1	473	5	(21)DLSTTMSQYQQEK ⁽³³⁾	64	787.8571	2
					(124)SLLSGEEKENLPSDYMVPIFSGR ⁽¹⁴⁶⁾	67	862.0925	3
					(147)QVHVSGITDTEEQR ⁽¹⁶⁰⁾	74	799.8937	2

					(541)FPVTGLIEGR ⁽⁵⁵⁰⁾	69	544.7927	2
					(541)FPVTGLIEGR ⁽⁵⁵⁰⁾	69	545.3002	2
					(1050)DYVPTEDSPR ⁽¹⁰⁵⁹⁾	66	589.7680	2
					(1344)IQSTAEGIR ⁽¹³⁵²⁾	67	487.7646	2
					(1353)LYSFVTTYVDDLK ⁽¹³⁶⁵⁾	71	813.4132	2
Glycogen debranching enzyme	F1MHT1_BOVIN	AGL	80	0	(899)LTLAELNQVLYR ⁽⁹¹⁰⁾	106	716.9124	2
Banda 3								
Glycogen debranching enzyme, partial	L8HW90_9CETA	M91_07297	80	0	(899)LTLAELNQVLYR ⁽⁹¹⁰⁾	80	716.9124	2
Glycogen phosphorylase, brain form	PYGB_BOVIN	PYGB	65	2	(294)LKQEYFVVAATLQDIIR ⁽³¹⁰⁾	65	669.7106	3
TPA: Collagen, type VI, alpha 3-like isoform 1	CO1A1_BOVIN	COL1A1	63	0	(1403)LLTPLTTLTAGQIQQLLASTR ⁽¹⁴²³⁾	65	1120.1646	2
PREDICTED: Myosin-1 isoform X2	MYOM1_BOVIN	MYOM1	2404	23	(619)TLALLFSGPASGEAEGGPK ⁽⁶³⁷⁾	64	901.4763	2
					(644)GSSFQTVSALFR ⁽⁶⁵⁵⁾	94	650.3373	2
					(683)TPGAMEHELVLHQLR ⁽⁶⁹⁷⁾	66	582.9653	3
					(770)AGLLGLLEEMRDEK ⁽⁷⁸³⁾	78	795.4129	2
					(880)MVTLTQEKNDLQLQVQSEADALADAEER ⁽⁹⁰⁷⁾	81	1054.5184	3
					(980>NLTEEMAGLDETIAK ⁽⁹⁹⁴⁾	74	817.9057	2
					(980>NLTEEMAGLDETIAK ⁽⁹⁹⁴⁾	83	825.8850	2
					(1001)ALQEAHQQTLLDDLQAEEDKVNTLTK ⁽¹⁰²⁵⁾	58	710.3650	4
					(1001)ALQEAHQQTLLDDLQAEEDKVNTLTK ⁽¹⁰²⁵⁾	58	710.6020	4
					(1028)TKLEQQVDDLEGSLEQEK ⁽¹⁰⁴⁵⁾	70	697.0090	3
					(1064)LAQESTMDIENDKQQLDEK ⁽¹⁰⁸²⁾	85	751.0182	3
					(1153)LEEAGGATSAQIEMNK ⁽¹¹⁶⁸⁾	69	832.8890	2
					(1180>DLEEATLQHEATAAALR ⁽¹¹⁹⁶⁾	62	613.6262	3
					(1180>DLEEATLQHEATAAALR ⁽¹¹⁹⁶⁾	102	919.9507	2
					(1199)HADSVaelGEQIDNLQR ⁽¹²¹⁵⁾	93	632.3066	3
					(1229)MEIDDLASNMETVSK ⁽¹²⁴³⁾	63	857.8830	2
					(1283)LQTESGEFSR ⁽¹²⁹²⁾	59	577.2678	2
					(1376)TKYETDAIQR ⁽¹³⁸⁵⁾	78	612.8132	2
					(1400)LQDAEEHVEAVNAK ⁽¹⁴¹³⁾	97	776.8870	2

Myosin-8

F1N775_BOVIN

MYH8

1553

13

(1424)	LQNEVEDLMIDVER ⁽¹⁴³⁷⁾	90	859.9116	2
(1424)	LQNEVEDLMIDVER ⁽¹⁴³⁷⁾	103	859.9205	2
(1489)	NAYEESLDQLETLKR ⁽¹⁵⁰³⁾	86	603.6279	3
(1489)	NAYEESLDQLETLKR ⁽¹⁵⁰³⁾	114	904.9602	2
(1507)	NLQQEISDLTEQIAEGGK ⁽¹⁵²⁴⁾	66	658.3252	3
(1507)	NLQQEISDLTEQIAEGGK ⁽¹⁵²⁴⁾	98	986.9889	2
(1507)	NLQQEISDLTEQIAEGGK ⁽¹⁵²⁴⁾	98	987.4744	2
(1507)	NLQQEISDLTEQIAEGGK ⁽¹⁵²⁴⁾	58	987.4885	2
(1507)	NLQQEISDLTEQIAEGGKR ⁽¹⁵²⁵⁾	81	1065.0446	2
(1507)	NLQQEISDLTEQIAEGGKR ⁽¹⁵²⁵⁾	95	710.6883	3
(1507)	NLQQEISDLTEQIAEGGKR ⁽¹⁵²⁵⁾	78	710.6886	3
(1541)	SEIQAALEEAASLEHEEGK ⁽¹⁵⁶⁰⁾	75	723.9883	3
(1541)	SEIQAALEEAASLEHEEGK ⁽¹⁵⁶⁰⁾	64	1085.5194	2
(1596)	IVESMQSTLDAEIR ⁽¹⁶⁰⁹⁾	106	804.3980	2
(1620)	KMEGDLNEMEIQLNHANR ⁽¹⁶³⁷⁾	69	544.2484	4
(1620)	KMEGDLNEMEIQLNHANR ⁽¹⁶³⁷⁾	81	725.3351	3
(1681)	ANLLQAEIEELR ⁽¹⁶⁹²⁾	72	699.8612	2
(1681)	ANLLQAEIEELR ⁽¹⁶⁹²⁾	64	700.3735	2
(1703)	KIAEQELLDASER ⁽¹⁷¹⁵⁾	105	751.3781	2
(1716)	VQLLHTQNTSLINTK ⁽¹⁷³⁰⁾	88	855.4771	2
(1732)	KLETDITQIQGEMEDIQEAR ⁽¹⁷⁵²⁾	95	826.0802	3
(1761)	AITDAAMMAEELKK ⁽¹⁷⁷⁴⁾	86	777.3796	2
(1775)	EQDTS AHLER ⁽¹⁷⁸⁴⁾	83	593.2767	2
(644)	GSSFQTVSALFR ⁽⁶⁵⁵⁾	94	650.3373	2
(683)	TPGAMEHELVLHQLR ⁽⁶⁹⁷⁾	66	582.9653	3
(770)	AGLLGLLEEMRDEK ⁽⁷⁸³⁾	78	795.4129	2
(1153)	LEEAGGATSAQIEMNK ⁽¹¹⁶⁸⁾	69	832.8890	2
(1180)	DLEEATLQHEATAAALR ⁽¹¹⁹⁶⁾	62	613.6262	3
(1180)	DLEEATLQHEATAAALR ⁽¹¹⁹⁶⁾	102	919.9507	2
(1199)	HADSV AELGEQIDNLQR ⁽¹²¹⁵⁾	93	632.3066	3
(1376)	TKYETDAIQR ⁽¹³⁸⁵⁾	78	612.8132	2

Myosin-2

F1MRC2_BOVIN

MYH2

2114

19

(1400)LQDAEEHVEAVNAK ⁽¹⁴¹³⁾	97	776.8870	2
(1424)LQNEVEDLMLDVER ⁽¹⁴³⁷⁾	90	859.9116	2
(1424)LQNEVEDLMLDVER ⁽¹⁴³⁷⁾	103	859.9205	2
(1489)NAYEESLDQLETLKR ⁽¹⁵⁰³⁾	86	603.6279	3
(1489)NAYEESLDQLETLKR ⁽¹⁵⁰³⁾	114	904.9602	2
(1507)NLQQEISDLTEQIAEGGK ⁽¹⁵²⁴⁾	66	658.3252	3
(1507)NLQQEISDLTEQIAEGGK ⁽¹⁵²⁴⁾	98	986.9889	2
(1507)NLQQEISDLTEQIAEGGK ⁽¹⁵²⁴⁾	98	987.4744	2
(1507)NLQQEISDLTEQIAEGGK ⁽¹⁵²⁴⁾	58	987.4885	2
(1596)VVETMQSTLDAEIR ⁽¹⁶⁰⁹⁾	71	804.3980	2
(1620)KMEGDLNEMEIQLNHANR ⁽¹⁶³⁷⁾	69	544.2484	4
(1620)KMEGDLNEMEIQLNHANR ⁽¹⁶³⁷⁾	81	725.3351	3
(1681)ANLLQAEIEELR ⁽¹⁶⁹²⁾	72	699.8612	2
(1681)ANLLQAEIEELR ⁽¹⁶⁹²⁾	64	700.3735	2
(1703)KIAEQELLDASER ⁽¹⁷¹⁵⁾	105	751.3781	2
(1716)VQLLHTQNTSLINTK ⁽¹⁷³⁰⁾	88	855.4771	2
(1761)AITDAAMMAEELKK ⁽¹⁷⁷⁴⁾	86	777.3796	2
(1775)EQD TSAHLER ⁽¹⁷⁸⁴⁾	83	593.2767	2
(646)GSSFQTVSALFR ⁽⁶⁵⁷⁾	94	650.3373	2
(685)TPGAMEHELVLHQLR ⁽⁶⁹⁹⁾	66	582.9653	3
(772)AGLLGLLEEMRDEK ⁽⁷⁸⁵⁾	78	795.4129	2
(982)NLTEEMAGLDETIAR ⁽⁹⁹⁶⁾	74	817.9057	2
(982)NLTEEMAGLDETIAR ⁽⁹⁹⁶⁾	83	825.8850	2
(1003)ALQEAHQQTLDLQAEEDKVNTLTK ⁽¹⁰²⁷⁾	58	710.3650	4
(1003)ALQEAHQQTLDLQAEEDKVNTLTK ⁽¹⁰²⁷⁾	58	710.6020	4
(1030)TKLEQQVDDLEGSLEQEK ⁽¹⁰⁴⁷⁾	70	697.0090	3
(1099)IEDEQALGIQLQK ⁽¹¹¹¹⁾	65	742.8867	2
(1155)LEEAGGATSAQIEMNK ⁽¹¹⁷⁰⁾	69	832.8890	2
(1182)DLEEATLQHEATAAALR ⁽¹¹⁹⁸⁾	62	613.6262	3
(1182)DLEEATLQHEATAAALR ⁽¹¹⁹⁸⁾	102	919.9507	2
(1201)HADSV AELGEQIDNLQR ⁽¹²¹⁷⁾	93	632.3066	3

Myosin-binding protein C, slow-
type A6QP89_BOVIN MYBPC1 414 6

(1285) LQTESGEFSR ⁽¹²⁹⁴⁾	59	577.2678	2
(1378) TKYETDAIQR ⁽¹³⁸⁷⁾	78	612.8132	2
(1426) LQNEVEDLMLDVER ⁽¹⁴³⁹⁾	90	859.9116	2
(1426) LQNEVEDLMLDVER ⁽¹⁴³⁹⁾	103	859.9205	2
(1491) NAYEESLDQLETLKR ⁽¹⁵⁰⁵⁾	86	603.6279	3
(1491) NAYEESLDQLETLKR ⁽¹⁵⁰⁵⁾	114	904.9602	2
(1509) NLQQEISDLTEQIAEGGK ⁽¹⁵²⁶⁾	66	658.3252	3
(1509) NLQQEISDLTEQIAEGGK ⁽¹⁵²⁶⁾	98	986.9889	2
(1509) NLQQEISDLTEQIAEGGK ⁽¹⁵²⁶⁾	98	987.4744	2
(1509) NLQQEISDLTEQIAEGGK ⁽¹⁵²⁶⁾	58	987.4885	2
(1509) NLQQEISDLTEQIAEGGKR ⁽¹⁵²⁷⁾	81	1065.0446	2
(1509) NLQQEISDLTEQIAEGGKR ⁽¹⁵²⁷⁾	95	710.6883	3
(1509) NLQQEISDLTEQIAEGGKR ⁽¹⁵²⁷⁾	78	710.6886	3
(1543) SEIQAALEEEAEASLEHEEGK ⁽¹⁵⁶²⁾	75	723.9883	3
(1543) SEIQAALEEEAEASLEHEEGK ⁽¹⁵⁶²⁾	64	1085.5194	2
(1598) VVESMQTMLDAEIR ⁽¹⁶¹¹⁾	73	827.3998	2
(1622) KMEGDLNEMEIQLNHANR ⁽¹⁶³⁹⁾	69	544.2484	4
(1622) KMEGDLNEMEIQLNHANR ⁽¹⁶³⁹⁾	81	725.3351	3
(1683) ANLLQAEIEELR ⁽¹⁶⁹⁴⁾	72	699.8612	2
(1683) ANLLQAEIEELR ⁽¹⁶⁹⁴⁾	64	700.3735	2
(1705) KIAEQELLDASER ⁽¹⁷¹⁷⁾	105	751.3781	2
(1718) VQLLHTQNTSLINTK ⁽¹⁷³²⁾	88	855.4771	2
(1734) KLETDITQIQGEMEDILQEAR ⁽¹⁷⁵⁴⁾	95	826.0802	3
(1763) AITDAAMMAEELKK ⁽¹⁷⁷⁶⁾	86	777.3796	2
(1777) EQD TSAHLER ⁽¹⁷⁸⁶⁾	83	593.2767	2
(1886) QAEEAEEQSNTNLSK ⁽¹⁹⁰⁰⁾	59	839.3861	2
(235) SGEQDDAGELDFSGLLK ⁽²⁵²⁾	82	919.4334	2
(282) IAFQYGITDLR ⁽²⁹²⁾	111	648.8391	2
(465) ADSAEYSVMTTGGQSSAK ⁽⁴⁸²⁾	74	903.4030	2
(946) NSETDTIVFIR ⁽⁹⁵⁶⁾	63	647.8312	2
(1045) TSATITELVIGNEYFR ⁽¹⁰⁶¹⁾	88	989.0103	2

Banda 4

Beta-enolase	ENOB_BOVIN	ENO3	58	4	(33)AAVPSGASTGIYEALRLR ⁽⁵⁰⁾	58	902.9822	2
Myosin-binding protein C, fast-type, partial	L8HZG4_9CETA	M91_17580	57	1	(614)VTNPVGEDVASILLK ⁽⁶²⁸⁾	59	777.4280	2
Pyruvate kinase 2 protein, partial	Q3ZC87_BOVIN	PKM2	57	2	(265)FGVEQNVDMMVFASFIR ⁽²⁸⁰⁾	57	937.9644	2
Alpha-enolase	ENOA_BOVIN	ENO1	58	4	(33)AAVPSGASTGIYEALRLR ⁽⁵⁰⁾	58	902.9822	2
PREDICTED: LOW QUALITY PROTEIN: Myosin-4	E1BP87_BOVIN	MYH4	907	9	(929)AEDEEEINAELTAK ⁽⁹⁴²⁾	86	781.3667	2
					(1028)TKLEQQVDDLEGSLEQEK ⁽¹⁰⁴⁵⁾	66	697.0108	3
					(1153)LEEAGGATSAQIEMNK ⁽¹¹⁶⁸⁾	65	832.8983	2
					(1234)MEIDDLASNMETVSK ⁽¹²⁴⁸⁾	69	857.8837	2
					(1314)QAFTQQIEELKR ⁽¹³²⁵⁾	66	497.5951	3
					(1429)LQNEVEDLMLDVER ⁽¹⁴⁴²⁾	80	859.9197	2
					(1429)LQNEVEDLMLDVER ⁽¹⁴⁴²⁾	88	859.9201	2
					(1429)LQNEVEDLMLDVER ⁽¹⁴⁴²⁾	103	859.9228	2
					(1429)LQNEVEDLMLDVER ⁽¹⁴⁴²⁾	88	860.4171	2
					(1494)NAYEESLDQLETLK ⁽¹⁵⁰⁷⁾	59	826.9040	2
					(1625)KMEGDLNEMEIQLNHANR ⁽¹⁶⁴²⁾	94	725.3358	3
					(1660)DTQLHLDDAIR ⁽¹⁶⁷⁰⁾	71	648.8215	2
					(1737)KLETDTIQGEMEDILQEAR ⁽¹⁷⁵⁷⁾	94	826.0794	2
					(1737)KLETDTIQGEMEDILQEAR ⁽¹⁷⁵⁷⁾	62	1238.6272	3
					(1857)ELTYQTEEDR ⁽¹⁸⁶⁶⁾	67	642.2911	2
					(1906)KLQHELEEAEER ⁽¹⁹¹⁷⁾	88	755.8798	2
Myosin-1	MYH1_BOVIN	MYH1	2250	19	(929)AEDEEEINAELTAK ⁽⁹⁴²⁾	86	781.3667	2
					(980)NLTEEMAGLDETIK ⁽⁹⁹⁴⁾	76	825.8825	2
					(1028)TKLEQQVDDLEGSLEQEK ⁽¹⁰⁴⁵⁾	66	697.0108	3
					(1153)LEEAGGATSAQIEMNK ⁽¹¹⁶⁸⁾	65	832.8983	2
					(1180)DLEEATLQHEATAAALR ⁽¹¹⁹⁶⁾	58	613.6368	3
					(1199)HADSVaelGEQIDNLQR ⁽¹²¹⁵⁾	96	632.3086	3
					(1229)MEIDDLASNMETVSK ⁽¹²⁴³⁾	69	857.8837	2

(1283)LQTESGEFSR ⁽¹²⁹²⁾	60	577.2740	2
(1309)QAFTQQIEELKR ⁽¹³²⁰⁾	66	497.5951	3
(1424)LQNEVEDLMIDVER ⁽¹⁴³⁷⁾	80	859.9197	2
(1424)LQNEVEDLMIDVER ⁽¹⁴³⁷⁾	88	859.9201	2
(1424)LQNEVEDLMIDVER ⁽¹⁴³⁷⁾	103	859.9228	2
(1424)LQNEVEDLMIDVER ⁽¹⁴³⁷⁾	88	860.4171	2
(1489)NAYEESLDQLETLK ⁽¹⁵⁰²⁾	59	826.9040	2
(1507)NLQQEISDLTEQIAEGGK ⁽¹⁵²⁴⁾	58	658.3305	3
(1507)NLQQEISDLTEQIAEGGK ⁽¹⁵²⁴⁾	99	986.9994	2
(1507)NLQQEISDLTEQIAEGGK ⁽¹⁵²⁴⁾	58	658.6550	3
(1507)NLQQEISDLTEQIAEGGK ⁽¹⁵²⁴⁾	99	987.4863	2
(1507)NLQQEISDLTEQIAEGGKR ⁽¹⁵²⁵⁾	95	710.3508	3
(1507)NLQQEISDLTEQIAEGGKR ⁽¹⁵²⁵⁾	88	1065.0509	2
(1507)NLQQEISDLTEQIAEGGKR ⁽¹⁵²⁵⁾	82	710.6848	3
(1541)SEIQAALIEEAEASLEHEEGK ⁽¹⁵⁶⁰⁾	112	724.0074	3
(1541)SEIQAALIEEAEASLEHEEGK ⁽¹⁵⁶⁰⁾	84	1085.5180	2
(1596)IVESMQSTLDAEIR ⁽¹⁶⁰⁹⁾	106	804.4000	2
(1620)KMEGDLNEMEIQLNHANR ⁽¹⁶³⁷⁾	94	725.3358	3
(1655)DTQIHLDDALR ⁽¹⁶⁶⁵⁾	71	648.8215	2
(1666)GQEDLKEQLAMVER ⁽¹⁶⁷⁹⁾	64	554.6025	3
(1666)GQEDLKEQLAMVER ⁽¹⁶⁷⁹⁾	87	831.4131	2
(1680)RANLLQAEIEELR ⁽¹⁶⁹²⁾	67	777.9358	2
(1681)ANLLQAEIEELR ⁽¹⁶⁹²⁾	72	699.8520	2
(1693)ATLEQTER ⁽¹⁷⁰⁰⁾	60	474.2396	2
(1704)IAEQELLDASER ⁽¹⁷¹⁵⁾	92	687.3484	2

⁽¹⁷³²⁾ KLETDITQIQGEMEDIIQEAR ⁽¹⁷⁵²⁾	94	826.0794	3
⁽¹⁷³²⁾ KLETDITQIQGEMEDIIQEAR ⁽¹⁷⁵²⁾	62	1238.6272	2
⁽¹⁷⁶¹⁾ AITDAAMMAEELKK ⁽¹⁷⁷⁴⁾	71	777.3841	2
⁽¹⁷⁷⁵⁾ EQD TSAHLER ⁽¹⁷⁸⁴⁾	71	593.2769	2
⁽¹⁸²²⁾ VRELEGEVESEQK ⁽¹⁸³⁴⁾	90	766.3870	2
⁽¹⁸⁵²⁾ ELTYQTEEDR ⁽¹⁸⁶¹⁾	67	642.2911	2
⁽¹⁸⁸⁴⁾ QAEEAEEQSNVNL SK ⁽¹⁸⁹⁸⁾	60	838.3959	2
⁽¹⁹⁰¹⁾ KLQHELEEA EER ⁽¹⁹¹²⁾	88	755.8798	2
⁽²⁴¹⁾ SYELPDGQVITIGNER ⁽²⁵⁶⁾	63	895.9548	2
⁽¹⁹⁹⁾ GAAQNIIPASTGAAK ⁽²¹³⁾	65	685.3748	2
⁽²⁵⁷⁾ DFNVGGYIQA VLDR ⁽²⁷⁰⁾	95	783.9020	2
⁽²⁹⁴⁾ LKQEYFVVAATLQDIIR ⁽³¹⁰⁾	80	669.7130	3
⁽⁵⁰⁸⁾ IGEEYIADLDQLR ⁽⁵²⁰⁾	77	767.8926	2
⁽⁵²²⁾ LLSYVDDSFIR ⁽⁵³³⁾	87	728.8706	2
⁽¹⁹²⁾ VIQYFATI AVTGEK ⁽²⁰⁵⁾	80	770.4287	2
⁽⁶¹⁹⁾ TLALLFSGPASGEAEGGPK ⁽⁶³⁷⁾	89	901.4760	2
⁽⁶²⁾ AGTQIENIEEDFR ⁽⁷⁴⁾	67	761.3651	2
⁽¹²¹⁾ LVSIGAE EIVDGNLK ⁽¹³⁵⁾	76	778.9328	2
⁽¹³⁶⁾ MTLGM IWTIILR ⁽¹⁴⁷⁾	80	740.4100	2
⁽¹⁴⁸⁾ FAIQDISVEETS AK ⁽¹⁶¹⁾	86	769.3912	2
⁽²⁰⁰⁾ HRPDLIDYAK ⁽²⁰⁹⁾	67	614.3265	2
⁽²³⁵⁾ MLDAEDIVNTPKPDEK ⁽²⁵⁰⁾	57	610.9611	3
⁽²⁹⁶⁾ LASELLEWIR ⁽³⁰⁵⁾	70	615.3485	2
⁽³¹⁵⁾ VGEP S MSAMQR ⁽³²⁵⁾	65	612.7703	2
⁽³⁷⁴⁾ LVSDIANAWR ⁽³⁸³⁾	83	572.8067	2
⁽⁴³⁵⁾ DYETASLQEV R ⁽⁴⁴⁵⁾	78	655.8123	2
⁽⁴⁵⁰⁾ RHEAFESDLAAHQDR ⁽⁴⁶⁴⁾	60	446.2067	4
⁽⁵¹⁷⁾ LLETIDQLQLEFAR ⁽⁵³⁰⁾	89	844.9697	2

Banda 5

Actin, aortic smooth muscle	ACTA_BOVIN	ACTA2	63	4
Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase	G3P_BOVIN	GAPDH	65	4
Glycogen phosphorylase, muscle form	PYGM_BOVIN	PYGM	337	6
Myosin-1	MYH1_BOVIN	MYH1	165	1
Alpha-actinin-3	ACTN3_BOVIN	ACTN3	1347	25

					(629)DQMLQEELTR ⁽⁶³⁸⁾	79	639.8028	2
					(670)LAAGMAGSLEEQMAGLR ⁽⁶⁸⁶⁾	110	868.9230	2
					(729)VGWEQLLSIAR ⁽⁷⁴⁰⁾	60	686.8815	2
					(741)TINEVENQVLTR ⁽⁷⁵²⁾	84	708.3796	2
					(756)GLSQEQLNEFR ⁽⁷⁶⁶⁾	81	660.8265	2
					(844)ILAGDKNYITAEELR ⁽⁸⁵⁸⁾	75	569.3048	3
					(844)ILAGDKNYITAEELR ⁽⁸⁵⁸⁾	68	853.4641	2
Alpha-actinin-2	ACTN2_BOVIN	ACTN2	748	13	(55)AGTQIENIEEDFR ⁽⁶⁷⁾	67	761.3651	2
					(114)LVSIGAEIIVDGNVK ⁽¹²⁸⁾	61	771.9260	2
					(129)MTLGMWITIILR ⁽¹⁴⁰⁾	80	740.4100	2
					(141)FAIQDISVEETSAK ⁽¹⁵⁴⁾	86	769.3912	2
					(272)VLAVNQENER ⁽²⁸¹⁾	71	586.3055	2
					(289)LASELLEWIR ⁽²⁹⁸⁾	70	615.3485	2
					(585)VIQSYSIR ⁽⁵⁹²⁾	62	483.2710	2
					(593)ISSNPYSTVTVDIIR ⁽⁶⁰⁸⁾	114	884.4468	2
					(734)TINEVETQILTR ⁽⁷⁴⁵⁾	75	708.8882	2
					(749)GITQEQMNEFR ⁽⁷⁵⁹⁾	67	684.8143	2
Banda 6								
Pyruvate kinase 2 protein, partial	Q3ZC87_BOVIN	PKM2	81	2	(265)FGVEQNVDMMVFASFIR ⁽²⁸⁰⁾	81	937.9652	2
Glycogen phosphorylase, muscle form	PYGM_BOVIN	PYGM	416	9	(18)GLAGVENVTELKK ⁽³⁰⁾	65	679.3878	2
					(257)DFNVGGYIQAVALDR ⁽²⁷⁰⁾	61	783.9015	2
					(294)LKQEYFVVAATLQDIIR ⁽³¹⁰⁾	83	669.7097	3
					(400)HLQIYEINQR ⁽⁴¹⁰⁾	66	713.8944	2
					(415)VAAAFPGDVDR ⁽⁴²⁵⁾	66	559.2803	2
					(522)LLSYVDDSFIR ⁽⁵³³⁾	77	728.8714	2
Myosin-2	F1MRC2_BOVIN	MYH2	403	4	(192)VIQYFATIAVTGEK ⁽²⁰⁵⁾	68	770.4276	2
					(261)LASADIETYLLEK ⁽²⁷³⁾	76	733.3936	2
					(619)TLAFLFSGTPTGDSEASGGTK ⁽⁶³⁹⁾	62	1022.5060	2
					(646)GSSFQTVSALFR ⁽⁶⁵⁷⁾	81	650.3370	2
					(685)TPGAMEHELVLHQLR ⁽⁶⁹⁹⁾	63	582.9658	3

Alpha-actinin-3	ACTN3_BOVIN	ACTN3	1233	25	(1274)LINDLTTQR ⁽¹²⁸²⁾	61	537.2980	2
					(62)AGTQIENIEEDFR ⁽⁷⁴⁾	72	761.3633	2
					(121)LVSIGAEIIVDGNLK ⁽¹³⁵⁾	84	778.9321	2
					(136)MTLGMIWTIILR ⁽¹⁴⁷⁾	73	740.4069	2
					(148)FAIQDISVEETSAK ⁽¹⁶¹⁾	71	769.3934	2
					(251)AIMTYVSCFYHAFAGAEQAETAANR ⁽²⁷⁵⁾	77	932.4247	3
					(296)LASELLEWIR ⁽³⁰⁵⁾	76	615.3471	2
					(374)LVSDIANAWR ⁽³⁸³⁾	83	572.8065	2
					(435)DYETASLQEV ⁽⁴⁴⁵⁾	80	655.8120	2
					(450)RHEAFESDLAAHQDR ⁽⁴⁶⁴⁾	82	446.2056	4
					(517)LLETIDQLQLEFAR ⁽⁵³⁰⁾	60	844.9678	2
					(670)LAAGMAGSLEEQMAGLR ⁽⁶⁸⁶⁾	78	868.9218	2
					(729)VGWEQLLSIAR ⁽⁷⁴⁰⁾	70	686.8814	2
					(741)TINEVENQVLTR ⁽⁷⁵²⁾	88	708.3751	2
					(756)GLSQEQLNEFR ⁽⁷⁶⁶⁾	71	660.8293	2
					(777)NGMMEPDDFR ⁽⁷⁸⁶⁾	59	622.7318	2
					(844)ILAGDKNYITAEELR ⁽⁸⁵⁸⁾	60	569.3038	3
					(860)ELPAEQAEYCIR ⁽⁸⁷¹⁾	67	739.8521	2
					Alpha-actinin-2	ACTN2_BOVIN	ACTN2	1040
(114)LVSIGAEIIVDGNVK ⁽¹²⁸⁾	61	771.9246	2					
(129)MTLGMIWTIILR ⁽¹⁴⁰⁾	73	740.4069	2					
(141)FAIQDISVEETSAK ⁽¹⁵⁴⁾	71	769.3934	2					
(244)AIMTYVSCFYHAFAGAEQAETAANR ⁽²⁶⁸⁾	77	932.4247	3					
(289)LASELLEWIR ⁽²⁹⁸⁾	76	615.3471	2					
(384)GYEEWLLNEIR ⁽³⁹⁴⁾	80	711.3572	2					
(428)DYESTLLEVR ⁽⁴³⁸⁾	77	650.3046	2					
(585)VIQSYSIR ⁽⁵⁹²⁾	72	483.2699	2					
(593)ISSNPYSTVTVDEIR ⁽⁶⁰⁸⁾	117	884.4409	2					
(734)TINEVETQILTR ⁽⁷⁴⁵⁾	82	708.8880	2					
(749)GITQEQMNEFR ⁽⁷⁵⁹⁾	69	684.8135	2					
(821)ETADTDTAEQVIASFR ⁽⁸³⁶⁾	122	877.4193	2					

Banda 7

TPA: nebulin	Q28140_BOVIN	NEBL	54	0	(6127)ITVVQDTPEILR ⁽⁶¹³⁸⁾	58	692.3968	2
Myosin-2	MYH2_BOVIN	MYH2	438	3	(261)LASADIETYLLEK ⁽²⁷³⁾	81	733.3937	2
					(387)AAYLQSLNSADLLK ⁽⁴⁰⁰⁾	67	753.9146	2
					(417)GQTVEQVTNAVVALAK ⁽⁴³²⁾	103	793.4335	2
					(619)TLAFLFSGTPTGDSEASGGTK ⁽⁶³⁹⁾	89	1022.5060	2
					(1683)ANLLQAEIEELR ⁽¹⁶⁹⁴⁾	100	699.8831	2
Myosin-1	MYH1_BOVIN	MYH1	388	4	(215)MQGTLEDQIISANPLLEAFGNAK ⁽²³⁷⁾	70	826.0834	3
					(261)LASADIETYLLEK ⁽²⁷³⁾	81	826.0834	2
					(417)GQTVEQVYNAVVALAK ⁽⁴³²⁾	59	824.4421	2
					(619)TLALLFSGPASGEAEGGPK ⁽⁶³⁷⁾	89	901.4769	2
					(1681)ANLLQAEIEELR ⁽¹⁶⁹²⁾	100	699.8831	2
Alpha-actinin-2	ACTN2_BOVIN	ACTN2	270	4	(289)LASELLEWIR ⁽²⁹⁸⁾	83	615.3489	2
					(593)ISSSNPYSTVTVDIEIR ⁽⁶⁰⁸⁾	102	884.4444	2
					(734)TINEVETQILTR ⁽⁷⁴⁵⁾	85	708.8891	2
Aconitate hydratase, mitochondrial	ACON_BOVIN	ACO2	190	7	(145)DINQEVYNFLATAGAK ⁽¹⁶⁰⁾	61	877.4476	2
					(412)SQFTITPGSEQIR ⁽⁴²⁴⁾	63	732.3803	2
					(480)NDANPETHAFVTSPEIVTALAIAGTLK ⁽⁵⁰⁶⁾	66	927.4898	3

Banda 8

Actin, alpha cardiac muscle	ACTC_BOVIN	ACTC1	62	3	(362)QEYDEAGPSIVHR ⁽³⁷⁴⁾	62	500.9030	3
Gastrin Binding Protein-like, partial	O62831_BOVIN		66	1	(268)LTSYALSIPFVR ⁽²⁷⁹⁾	66	683.8908	2
Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase	G3P_BOVIN	GAPDH	62	4	(199)GAAQNIIPASTGAAK ⁽²¹³⁾	62	685.3719	2
Beta-enolase	ENOB_BOVIN	ENO3	84	3	(163)LAMQEFMILPVGASSFR ⁽¹⁷⁹⁾	84	964.9904	2
Glucose-6-phosphate isomerase	G6PI_BOVIN	GPI	68	2	(424)ILLANFLAQTEALMR ⁽⁴³⁸⁾	68	860.4812	2
Lamin	Q3SZI2_BOVIN	LMNA	72	1	(63)ITESEEVVSR ⁽⁷²⁾	72	574.7918	2
Succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit, mitochondrial	SDHA_BOVIN	SDHA	66	2	(453)LGANSLLDLVVFGFR ⁽⁴⁶⁶⁾	66	737.4260	2
PREDICTED: Myosin-7	MYH7_BOVIN	MYH7	280	3	(170)ENQSILITGESGAGK ⁽¹⁸⁴⁾	61	752.3900	2
					(191)VIQYFAVIAAIGDR ⁽²⁰⁴⁾	77	768.4349	2

					(258)LASADIETYLLEK ⁽²⁷⁰⁾	83	733.3801	2
					(282)DYHIFYQILSNK ⁽²⁹³⁾	61	770.8987	2
PREDICTED: LIM domain-binding protein 3 isoform X2	Q3ZBC9_BOVIN	LDB3	247	6	(22)DFNMPLTISR ⁽³¹⁾	78	605.2997	2
					(108)VVANSPANADYQER ⁽¹²¹⁾	87	767.3689	2
					(464)GAPAYTPPPPAPQVSPLAR ⁽⁴⁸²⁾	82	944.0156	2
Glycogen phosphorylase, muscle form	PYGM_BOVIN	PYGM	131	3	(294)LKQEYFVVAATLQDIIR ⁽³¹⁰⁾	57	669.7111	3
					(522)LLSYVDDSEFIR ⁽⁵³³⁾	76	728.8706	2
Myosin-2	F1MRC2_BOVIN	MYH2	612	6	(171)ENQSILITGESGAGK ⁽¹⁸⁵⁾	61	752.3900	2
					(192)VIQYFATIAVTGEK ⁽²⁰⁵⁾	77	770.4280	2
					(215)IQGTLEDQIISANPLLEAFGNAK ⁽²³⁷⁾	62	1221.6569	2
					(261)LASADIETYLLEK ⁽²⁷³⁾	83	733.3801	2
					(285)SYHIFYQITSNR ⁽²⁹⁶⁾	59	764.8836	2
					(619)TLAFLFSGTPTGDSEASGGTK ⁽⁶³⁹⁾	110	22.505	2
					(646)GSSFQTVSALFR ⁽⁶⁵⁷⁾	72	650.3363	2
					(1683)ANLLQAEIEELR ⁽¹⁶⁹⁴⁾	93	699.8836	2
Pyruvate kinase 2 protein, partial	Q3ZC87_BOVIN	PKM2	164	6	(127)EATESFASDPILYRPAVALDTK ⁽¹⁴⁹⁾	74	831.7675	3
					(265)FGVEQNVDMVFASFIR ⁽²⁸⁰⁾	92	937.9644	2
Banda 9								
Myosin-1	MYH1_BOVIN	MYH1	72	0	(261)LASADIETYLLEK ⁽²⁷³⁾	74	733.3960	2
Myosin-2	MYH2_BOVIN	MYH2	72	0	(261)LASADIETYLLEK ⁽²⁷³⁾	74	733.3960	2
Myosin-7	MYH7_BOVIN	MYH7	74	0	(258)LASADIETYLLEK ⁽²⁷⁰⁾	74	733.3960	2
Alpha-enolase	ENOA_BOVIN	ENO1	65	4	(33)AAVPSGASTGIYEALRLR ⁽⁵⁰⁾	65	902.9822	2
Dihydrolipoyllysine-residue acetyltransferase component of pyruvate dehydrogenase complex	F1N690_BOVIN	DLAT	63	2	(533)GLETIANDVVSLATK ⁽⁵⁴⁷⁾	63	765.9254	2
Glucose-6-phosphate isomerase	G6PI_BOVIN	GPI	59	2	(424)ILLANFLAQTEALMR ⁽⁴³⁸⁾	59	860.4831	2
Succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit, mitochondrial	SDHA_BOVIN	SDHA	99	2	(453)LGANSLLDLVVFGFR ⁽⁴⁶⁶⁾	99	737.4279	2
TPA: Dihydrolipoamide S-acetyltransferase-like	V6F7T1_BOVIN	DLAT	63	2	(533)GLETIANDVVSLATK ⁽⁵⁴⁷⁾	63	765.9254	2

PREDICTED: Heat shock 70 kda protein 6	F1MWU9_BOVIN	HSPA6	138	3	(28)VEILANDQGNR ⁽³⁸⁾	71	614.8165	2
					(351)LLQDFFDGR ⁽³⁵⁹⁾	67	555.7816	2
Phosphoglucosyltransferase-1	PGM1_BOVIN	PGM1	243	8	(28)VFQSSSNYAENFIQSIISTVEPAQR ⁽⁵²⁾	71	939.1375	3
					(350)IALYETPTGWK ⁽³⁶⁰⁾	60	639.8410	2
					(504)LSGTGSAGATIR ⁽⁵¹⁵⁾	114	545.7941	2
Heat shock cognate 71 kda protein	HSP7C_BOVIN	HSPA8	211	5	(26)VEIANDQGNR ⁽³⁶⁾	71	614.8165	2
					(113)SFYPEEVSSMVLTK ⁽¹²⁶⁾	77	816.9007	2
					(160)DAGTIAGLNVLRL ⁽¹⁷¹⁾	64	600.3366	2
Heat shock 70 kda protein 1A	HS71A_BOVIN	HSPA1A	344	12	(26)VEIANDQGNR ⁽³⁶⁾	71	614.8165	2
					(57)NQVALNPQNTVFDAKR ⁽⁷²⁾	62	605.6515	3
					(113)AFYPEEISSMVLTK ⁽¹²⁶⁾	66	815.9133	2
					(127)MKEIAEAYLGHPVTNAVITVPAYFNDSQR ⁽¹⁵⁵⁾	85	813.4128	4
					(160)DAGVIAGLNVLRL ⁽¹⁷¹⁾	59	599.3489	2
Pyruvate kinase 2 protein, partial	Q3ZC87_BOVIN	PKM2	176	4	(67)LDIDSPITAR ⁽⁷⁷⁾	58	599.3253	2
					(265)FGVEQNVDMVFASFIR ⁽²⁸⁰⁾	120	937.9658	2
Serum albumin protein	ALBU_BOVIN	ALB	524	13	(347)DAFLGSFLYEYSR ⁽³⁵⁹⁾	72	784.3771	2
					(347)DAFLGSFLYEYSR ⁽³⁵⁹⁾	67	784.3784	2
					(360)RHPEYAVSVLLR ⁽³⁷¹⁾	75	720.4094	2
					(421)LGEYGFQNELIVR ⁽⁴³³⁾	123	769.3894	2
					(437)KVPQVSTPTLVEVSR ⁽⁴⁵¹⁾	68	547.3124	3
					(437)KVPQVSTPTLVEVSR ⁽⁴⁵¹⁾	100	820.4677	2
					(469)MPCAEDYLSLILNR ⁽⁴⁸²⁾	87	855.9198	2
					(569)TVMENFVAFVGK ⁽⁵⁸⁰⁾	67	679.3402	2
Banda 10								
Actin, aortic smooth muscle	ACTA_BOVIN	ACTA2	60	4	(241)SYELPDGQVITIGNER ⁽²⁵⁶⁾	60	895.9563	2
Bifunctional purine biosynthesis protein PURH	PUR9_BOVIN	ATIC	84	2	(23)NLASVGLNLIASGGTAK ⁽³⁹⁾	84	793.4515	2
Glucose-6-phosphate isomerase	G6PI_BOVIN	GPI	82	2	(424)ILLANFLAQTEALMR ⁽⁴³⁸⁾	82	860.4802	2
Myc box-dependent-interacting protein 1	Q2KJ23_BOVIN	BIN1	64	3	(228)LNQNLNDVLISLEK ⁽²⁴¹⁾	64	806.9501	2
Serum albumin	ALBU_BOVIN	ALB	71	1	(286)YICDNQDTISSK ⁽²⁹⁷⁾	71	722.3261	2

Phosphoglucomutase-1	PGM1_BOVIN	PGM1	1175	36	(11)AYQDQKPGTSGLR ⁽²³⁾	80	474.2389	3
					(11)AYQDQKPGTSGLR ⁽²³⁾	87	710.8643	2
					(28)VFQSSSNYAENFIQSIISTVEPAQR ⁽⁵²⁾	118	1408.1987	2
					(28)VFQSSSNYAENFIQSIISTVEPAQR ⁽⁵²⁾	77	1408.1987	2
					(28)VFQSSSNYAENFIQSIISTVEPAQR ⁽⁵²⁾	89	939.1362	3
					(28)VFQSSSNYAENFIQSIISTVEPAQR ⁽⁵²⁾	77	1408.4705	2
					(53)QEATLVVGGDGR ⁽⁶⁴⁾	63	600.7925	2
					(53)QEATLVVGGDGR ⁽⁶⁴⁾	63	601.2799	2
					(69)EAIQLIVR ⁽⁷⁶⁾	72	471.2810	2
					(69)EAIQLIVR ⁽⁷⁶⁾	72	471.7840	2
					(86)LVIGQNGILSTPAVSCIIR ⁽¹⁰⁴⁾	64	1006.5715	2
					(181)FKPFTVEIVDSVEAYATMLR ⁽²⁰⁰⁾	57	778.0658	3
					(222)IDAMHG VVGPYVK ⁽²³⁴⁾	89	701.3608	2
					(334)SMPTSGALDR ⁽³⁴³⁾	59	525.7454	2
					(334)SMPTSGALDR ⁽³⁴³⁾	64	525.7454	2
					(350)IALYETPTGWK ⁽³⁶⁰⁾	70	639.8167	2
					(361)FFGNLMDASK ⁽³⁷⁰⁾	59	573.2660	2
					(428)YDYEEVEAEGANK ⁽⁴⁴⁰⁾	80	758.8290	2
					(471)IDNFEYSDPVDGSISR ⁽⁴⁸⁶⁾	64	907.4158	2
					(492)LLFADGSR ⁽⁴⁹⁹⁾	60	439.7221	2
(500)IIFRLSGTGSAGATIR ⁽⁵¹⁵⁾	58	540.9701	3					
(504)LSGTGSAGATIR ⁽⁵¹⁵⁾	84	545.7802	2					
(504)LSGTGSAGATIR ⁽⁵¹⁵⁾	114	545.7889	2					
(504)LSGTGSAGATIR ⁽⁵¹⁵⁾	60	545.7926	2					
(504)LSGTGSAGATIR ⁽⁵¹⁵⁾	114	545.7932	2					
(504)LSGTGSAGATIR ⁽⁵¹⁵⁾	114	545.7938	2					
(504)LSGTGSAGATIR ⁽⁵¹⁵⁾	87	545.7951	2					
(516)LYIDSYEKDLAK ⁽⁵²⁷⁾	60	729.3786	2					
(199)GAAQNIIPASTGAAK ⁽²¹³⁾	72	685.3254	2					
(233)VPTPNVSVVDLTCR ⁽²⁴⁶⁾	75	778.4676	2					
(159)VAAVSSAGAGPPAVLER ⁽¹⁷⁵⁾	69	776.4315	2					
Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase	G3P_BOVIN	GAPDH	146	8				
Myosin-binding protein H	L8ISX1_9CETA	M91_14770	146	5				

					(238)TGDQDSILFIR ⁽²⁴⁸⁾	78	632.8303	2
Pyruvate kinase 2 protein, partial	Q3ZC87_BOVIN	PKM2	339	12	(127)EATESFASDPILYRPVAVALDTK ⁽¹⁴⁹⁾	90	831.766	3
					(242)GVNLPGAAVDLPAVSEK ⁽²⁵⁸⁾	79	818.9473	2
					(265)FGVEQNVDVMVFASFIR ⁽²⁸⁰⁾	84	625.6388	3
					(265)FGVEQNVDVMVFASFIR ⁽²⁸⁰⁾	103	937.9587	2
					(313)RFDEILEASDGIMVAR ⁽³²⁸⁾	69	613.3071	3
Banda 11								
Creatine kinase M-type	KCRM_BOVIN	CKM	79	3	(157)LSVEALNSLTGEFK ⁽¹⁷⁰⁾	81	754.4059	2
Myosin-7	MYH7_BOVIN	MYH7	67	0	(258)LASADIETYLLEK ⁽²⁷⁰⁾	67	733.3958	2
Actin, alpha skeletal muscle	ACTS_BOVIN	ACTA1	109	5	(294)DLYANNVMMSGGTTMYPGIADR ⁽³¹⁴⁾	109	1139.5237	2
Glucose-6-phosphate isomerase	G6PI_BOVIN	GPI	67	2	(424)ILLANFLAQTEALMR ⁽²³⁸⁾	67	860.4819	2
Phosphoglucomutase-1	PGM1_BOVIN	PGM1	83	2	(504)LSGTGSAGATIR ⁽⁵¹⁵⁾	83	545.7964	2
					(504)LSGTGSAGATIR ⁽⁵¹⁵⁾	83	546.2693	2
Myotilin	Q0VCX9_BOVIN	MYOT	191	7	(21)LQPPGPEISSYSSQTK ⁽³⁶⁾	62	859.9379	2
					(155)EALIQDLER ⁽¹⁶³⁾	69	543.7914	2
					(386)NNEMVQFNTDR ⁽³⁹⁶⁾	60	692.3013	2
Pyruvate kinase isozymes M1/M2, partial	L8I1M9_9CETA	M91	1118	35	(81)LDIDSPITAR ⁽⁹¹⁾	77	599.3192	2
					(92)NTGIICTIGPASR ⁽¹⁰⁴⁾	63	680.3549	2
					(141)EATESFASDPILYRPVAVALDTK ⁽¹⁶³⁾	75	831.7682	3
					(141)EATESFASDPILYRPVAVALDTKGP ⁽¹⁶⁸⁾	55	762.1379	4
					(174)GSGTAEVELKK ⁽¹⁸⁴⁾	82	559.8052	2
					(174)GSGTAEVELKK ⁽¹⁸⁴⁾	68	559.8054	2
					(222)IYVDDGLISLLVK ⁽²³⁴⁾	61	724.4221	2
					(222)IYVDDGLISLLVK ⁽²³⁴⁾	66	724.4265	2
					(235)QKGPDFLVTEVENGGSLGSK ⁽²⁵⁴⁾	80	688.0182	3
					(255)KGVNLPGAAVDLPAVSEK ⁽²⁷²⁾	58	588.9959	3
					(255)KGVNLPGAAVDLPAVSEK ⁽²⁷²⁾	84	882.9959	2
					(256)GVNLPGAAVDLPAVSEK ⁽²⁷²⁾	67	818.9238	2
					(279)FGVEQNVDVMVFASFIR ⁽²⁹⁴⁾	79	625.6363	3
					(279)FGVEQNVDVMVFASFIR ⁽²⁹⁴⁾	101	937.9567	2

(279)FGVEQNVDMVFASFIR ⁽²⁹⁴⁾	86	937.9634	2
(279)FGVEQNVDMVFASFIR ⁽²⁹⁴⁾	77	937.9648	2
(279)FGVEQNVDMVFASFIR ⁽²⁹⁴⁾	80	937.9656	2
(279)FGVEQNVDMVFASFIR ⁽²⁹⁴⁾	80	938.4556	2
(279)FGVEQNVDMVFASFIR ⁽²⁹⁴⁾	83	938.4575	2
(327)RFDEILEASDGIMVAR ⁽³⁴²⁾	62	613.3077	3
(327)RFDEILEASDGIMVAR ⁽³⁴²⁾	68	613.3083	3
(327)RFDEILEASDGIMVAR ⁽³⁴²⁾	105	919.4666	2
(432)EAEAAMFHR ⁽⁴⁴⁰⁾	64	539.2408	2
(449)ASSHSTDLMEAMAMGSVEASYK ⁽⁴⁷⁰⁾	56	784.3316	3
(449)ASSHSTDLMEAMAMGSVEASYK ⁽⁴⁷⁰⁾	67	784.3319	3
(449)ASSHSTDLMEAMAMGSVEASYK ⁽⁴⁷⁰⁾	57	784.3319	3
(496)APIIAVTR ⁽⁵⁰³⁾	59	420.7410	2
(516)GIFPVVCKDPVQEAWAEDVDLR ⁽⁵³⁷⁾	79	848.4227	3

Banda 12

Myosin-7	MYH7_BOVIN	MYH7	79	0	(258)LASADIETYLLEK ⁽²⁷⁰⁾	79	733.3947	2
ATP synthase subunit beta, mitochondrial	ATPB_BOVIN	ATP5B	78	2	(282)VALTGLTVAEYFR ⁽²⁹⁴⁾	78	720.3998	2
Calsequestrin-1 precursor	Q05JF3_BOVIN	CASQ1	59	3	(121)LGLTEEDSVYVFK ⁽¹³³⁾	59	750.3861	2
Fructose-bisphosphate aldolase A	A6QLL8_BOVIN	ALDOA	76	3	(29)GILAADESTGSIK ⁽⁴²⁾	76	666.8533	2
Glucose-6-phosphate isomerase	G6PI_BOVIN	GPI	146	5	(212)TFTTQETITNAETAK ⁽²²⁶⁾	81	828.4130	2
Beta-enolase	ENOB_BOVIN	ENO3	287	17	(424)ILLANFLAQTEALMR ⁽⁴³⁸⁾	64	860.4808	2
					(16)GNPTVEVDLHTAK ⁽²⁸⁾	88	690.8599	2
					(133)HIADLAGNPELILPVPAFNVINGGSHAGNK ⁽¹⁶²⁾	54	759.6530	4
					(133)HIADLAGNPELILPVPAFNVINGGSHAGNK ⁽¹⁶²⁾	54	759.9055	4
					(163)LAMQEFMILPVGASSFR ⁽¹⁷⁹⁾	79	964.9896	2
					(240)VVIGMDVAASEFYR ⁽²⁵³⁾	66	786.8934	2
Pyruvate kinase isozymes M1/M2, partial	L8I1M9_9CETA	M91_19178	222	10	(141)EATESFASDPILYRPVAVALDTK ⁽¹⁶³⁾	70	831.7675	3
					(279)FGVEQNVDMVFASFIR ⁽²⁹⁴⁾	93	937.9653	2
					(449)ASSHSTDLMEAMAMGSVEASYK ⁽⁴⁷⁰⁾	61	784.3316	3
Desmin	DESM_BOVIN	DES	829	27	(17)TFGGAPSFPLGSPLSSPVFPR ⁽³⁷⁾	109	1059.5623	2

					(59)TSGGAGGLGALR ⁽⁷⁰⁾	91	508.7712	2
					(110)VELQELNDR ⁽¹¹⁸⁾	70	558.2865	2
					(128)FLEQQNAALAAEVNR ⁽¹⁴²⁾	84	837.4369	2
					(151)VAEIYEEELR ⁽¹⁶⁰⁾	72	625.8134	2
					(202)EEAENNLAAFR ⁽²¹²⁾	74	632.3012	2
					(213)ADVDAATLAR ⁽²²²⁾	69	501.7623	2
					(356)FASEASGYQDNIAR ⁽³⁶⁹⁾	95	764.8575	2
					(396)MALDVEIATYR ⁽⁴⁰⁶⁾	84	649.3260	2
					(416)INLPIQTFSALNFR ⁽⁴²⁹⁾	87	817.4579	2
ATP synthase subunit alpha, mitochondrial	ATPA_BOVIN	ATP5A1	207	7	(134)TGAIVDVPVGEELLGR ⁽¹⁴⁹⁾	75	812.9522	2
					(150)VVDALGNAIDGK ⁽¹⁶¹⁾	71	586.3190	2
					(335)EAYPGDVFYLSHR ⁽³⁴⁷⁾	64	777.3751	2
Actin, aortic smooth muscle	ACTA_BOVIN	ACTA2	145	6	(21)AGFAGDDAPR ⁽³⁰⁾	63	488.7267	2
					(241)SYELPDGQVITIGNER ⁽²⁵⁶⁾	82	895.9540	2
Banda 13								
Myosin-7	MYH7_BOVIN	MYH7	79	0	(258)LASADIETYLLEK ⁽²⁷⁰⁾	79	733.3928	3
Elongation factor 1-alpha 1	EF1A1_BOVIN	EEF1A1	63	2	(256)IGGIGTVPVGR ⁽²⁶⁶⁾	63	513.3038	2
Fructose-bisphosphate aldolase A	A6QLL8_BOVIN	ALDOA	64	5	(154)IGEHTPSSLAIMENANVLAR ⁽¹⁷³⁾	64	713.6996	3
Pyruvate kinase 2 protein, partial	Q3ZC87_BOVIN	PKM2	92	2	(265)FGVEQNVDMVFASFIR ⁽²⁸⁰⁾	92	937.9661	2
Creatine kinase M-type	KCRM_BOVIN	CKM	171	9	(157)LSVEALNSLTGEFK ⁽¹⁷⁰⁾	108	754.4033	2
					(321)GTGGVDTAAVGSVFDVSNADR ⁽³⁴¹⁾	65	997.9802	2
Beta-enolase	ENOB_BOVIN	ENO3	569	24	(16)GNPTVEVDLHTAK ⁽²⁸⁾	66	690.8480	2
					(33)AAVPSGASTGIYEALRLR ⁽⁵⁰⁾	126	902.9679	2
					(33)AAVPSGASTGIYEALRLRDGDK ⁽⁵⁴⁾	58	740.7086	3
					(133)HIADLAGNPELILPVPAFNVINGGSHAGNK ⁽¹⁶²⁾	66	1012.5370	3
					(133)HIADLAGNPELILPVPAFNVINGGSHAGNK ⁽¹⁶²⁾	66	1012.8728	3
					(163)LAMQEFMILPVGASSFR ⁽¹⁷⁹⁾	85	964.9767	2
					(163)LAMQEFMILPVGASSFR ⁽¹⁷⁹⁾	67	643.6555	3
					(229)TAIQAAGYPDK ⁽²³⁹⁾	65	567.7860	2
					(240)VVIGMDVAASEFYR ⁽²⁵³⁾	103	786.8895	2

Desmin	DESM_BOVIN	DES	190	7	(17)TFGGAPSFPLGSPSSPVFPR ⁽³⁷⁾	103	1059.5631	2
					(416)INLPIQTF SALNFR ⁽⁴²⁹⁾	87	817.4597	2
ATP synthase subunit beta, mitochondrial	ATPB_BOVIN	ATP5B	681	19	(95)LVLEVAQHLGESTVR ⁽¹⁰⁹⁾	61	550.9721	3
					(95)LVLEVAQHLGESTVR ⁽¹⁰⁹⁾	83	825.9663	2
					(110)TIAMDGTEGLVR ⁽¹²¹⁾	87	639.8208	2
					(125)VLDSGAPIRIPVGPETLGR ⁽¹⁴³⁾	97	649.7017	3
					(134)IPVGPETLGR ⁽¹⁴³⁾	72	519.7877	2
					(134)IPVGPETLGR ⁽¹⁴³⁾	72	520.2925	2
					(226)AHGGYSVFAGVGER ⁽²³⁹⁾	80	703.8458	2
					(265)VALVYQMNEPPGAR ⁽²⁷⁹⁾	71	809.4132	2
					(282)VALTGLTVAEYFR ⁽²⁹⁴⁾	99	720.4008	2
					(311)FTQAGSEVSALLGR ⁽³²⁴⁾	94	718.3679	2
TP synthase subunit alpha, mitochondrial	ATPA_BOVIN	ATP5A1	156	5	(134)TGAIVDVPVGEELLGR ⁽¹⁴⁹⁾	83	812.9522	2
					(219)TSIAIDTIINQK ⁽²³⁰⁾	75	658.8747	2
Actin, alpha skeletal muscle	ACTS_BOVIN	ACTA1	643	30	(21)AGFAGDDAPR ⁽³⁰⁾	63	488.7269	2
					(31)AVFPSIVGRPR ⁽⁴¹⁾	60	599.8482	2
					(53)DSYVGDEAQSKR ⁽⁶⁴⁾	64	677.8170	2
					(150)TTGIVLDSGDGVTHNVPIYEGYALPHAIMR ⁽¹⁷⁹⁾	53	803.9044	4
					(150)TTGIVLDSGDGVTHNVPIYEGYALPHAIMR ⁽¹⁷⁹⁾	62	1071.5504	3
					(241)SYELPDGQVITIGNER ⁽²⁵⁶⁾	87	895.9435	2
					(293)KDLYANNVMSGGTTMYPGIADR ⁽³¹⁴⁾	105	802.7092	3
					(294)DLYANNVMSGGTTMYPGIADR ⁽³¹⁴⁾	119	1139.5211	2
					(362)QEYDEAGPSIVHR ⁽³⁷⁴⁾	85	750.8583	2
Banda 14								
Creatine kinase S-type, mitochondrial	KCRS_BOVIN	CKMT2	75	2	(210)LSEMTEQDQQR ⁽²²⁰⁾	75	690.8073	2
Fructose-bisphosphate aldolase C, partial	L8J0U4_9CETA	M91_14627	106	5	(143)GVVPLAGTDGETTTQGLDGLSER ⁽¹⁶⁵⁾	107	1137.0769	2
Pyruvate dehydrogenase E1 component subunit alpha, somatic form, mitochondrial	ODPA_BOVIN	PDHA1	69	3	(46)LEEGPPVTTVLTR ⁽⁵⁸⁾	69	706.3930	2
Phosphoglycerate kinase 1	PGK1_BOVIN	PGK1	138	8	(247)VLNNMEIGTSLFDEEGSK ⁽²⁶⁴⁾	75	999.9730	2

					(280)ITLPVDFVTADKFDENAK ⁽²⁹⁷⁾	63	674.9974	3
Fructose-bisphosphate aldolase A	A6QLL8_BOVIN	ALDOA	164	11	(112)GVVPLAGTNGETTTQGLDGLSER ⁽¹³⁴⁾	82	1137.0769	2
					(154)IGEHTPSSLAIMENANVLAR ⁽¹⁷³⁾	82	713.7105	3
Creatine kinase M-type	KCRM_BOVIN	CKM	347	20	(87)DLFDPIIQDR ⁽⁹⁶⁾	61	616.3109	2
					(157)LSVEALNSLTGEFK ⁽¹⁷⁰⁾	108	754.3855	2
					(178)SMTEQEQQLIDDHFLFDKPVSPLLLASGMAR ⁽²⁰⁹⁾	75	226.2839	3
					(321)GTGGVDTAAVGVSFVDSNADR ⁽³⁴¹⁾	106	997.9622	2
Beta-enolase	ENOB_BOVIN	ENO3	895	37	(16)GNPTVEVDLHTAK ⁽²⁸⁾	66	690.8538	2
					(16)GNPTVEVDLHTAK ⁽²⁸⁾	63	690.8624	2
					(16)GNPTVEVDLHTAK ⁽²⁸⁾	63	691.3427	2
					(33)AAVPSGASTGIYEALRL ⁽⁵⁰⁾	126	902.9650	2
					(33)AAVPSGASTGIYEALRL ⁽⁵⁰⁾	96	602.3153	3
					(33)AAVPSGASTGIYEALRL ⁽⁵⁰⁾	91	902.9815	2
					(33)AAVPSGASTGIYEALRL ⁽⁵⁰⁾	113	902.9843	2
					(33)AAVPSGASTGIYEALRL ⁽⁵⁰⁾	101	902.9843	2
					(33)AAVPSGASTGIYEALRLRDGDK ⁽⁵⁴⁾	106	740.6883	3
					(90)VDKFMIELDGTENK ⁽¹⁰³⁾	90	827.8967	2
					(133)HIADLAGNPELILPVPAFNVINGGSHAGNK ⁽¹⁶²⁾	78	759.3921	4
					(133)HIADLAGNPELILPVPAFNVINGGSHAGNK ⁽¹⁶²⁾	78	759.6444	4
					(133)HIADLAGNPELILPVPAFNVINGGSHAGNK ⁽¹⁶²⁾	72	1012.5405	3
					(133)HIADLAGNPELILPVPAFNVINGGSHAGNK ⁽¹⁶²⁾	60	1518.8131	2
					(163)LAMQEFMILPVGASSFR ⁽¹⁷⁹⁾	66	948.9970	2
					(163)LAMQEFMILPVGASSFR ⁽¹⁷⁹⁾	87	956.9950	2
					(163)LAMQEFMILPVGASSFR ⁽¹⁷⁹⁾	66	964.9023	2
					(163)LAMQEFMILPVGASSFR ⁽¹⁷⁹⁾	99	964.9503	2
					(163)LAMQEFMILPVGASSFR ⁽¹⁷⁹⁾	58	643.6562	3
					(163)LAMQEFMILPVGASSFR ⁽¹⁷⁹⁾	100	964.9824	2
					(163)LAMQEFMILPVGASSFR ⁽¹⁷⁹⁾	100	965.4760	2
					(203)DATNVGDEGGFAPNILENNEALELLK ⁽²²⁸⁾	66	915.1110	3
					(203)DATNVGDEGGFAPNILENNEALELLK ⁽²²⁸⁾	61	915.4465	3
					(229)TAIQAAGYPDKVVIGMDVAASEFYR ⁽²⁵³⁾	70	896.7793	3

					(229)TAIQAAGYDPKVVIGMDVAASEFYR ⁽²⁵³⁾	109	1344.6866	2
					(240)VVIGMDVAASEFYR ⁽²⁵³⁾	67	778.8942	2
					(240)VVIGMDVAASEFYR ⁽²⁵³⁾	89	786.8352	2
					(240)VVIGMDVAASEFYR ⁽²⁵³⁾	65	786.8690	2
					(240)VVIGMDVAASEFYR ⁽²⁵³⁾	66	786.8922	2
					(240)VVIGMDVAASEFYR ⁽²⁵³⁾	68	786.8939	2
					(359)LAQSNWGWVMVSHR ⁽³⁷²⁾	69	520.2368	2
					(359)LAQSNWGWVMVSHR ⁽³⁷²⁾	59	779.8628	2
Actin, alpha skeletal muscle	ACTS_BOVIN	ACTA1	856	42	(21)AGFAGDDAPR ⁽³⁰⁾	89	488.7240	2
					(31)AVFPSIVGRPR ⁽⁴¹⁾	78	599.3343	2
					(31)AVFPSIVGRPR ⁽⁴¹⁾	78	599.8217	2
					(31)AVFPSIVGRPR ⁽⁴¹⁾	78	600.2308	2
					(53)DSYVGDEAQSK ⁽⁶³⁾	64	599.766	2
					(98)VAPEEHPTLLTEAPLNPK ⁽¹¹⁵⁾	63	978.5015	2
					(121)MTQIMFETFNVPAMYVAIQAVLSLYASGR ⁽¹⁴⁹⁾	86	100.5483	3
					(150)TTGIVLDSGDGVTHNVPIYEGYALPHAIMR ⁽¹⁷⁹⁾	61	803.6531	4
					(150)TTGIVLDSGDGVTHNVPIYEGYALPHAIMR ⁽¹⁷⁹⁾	61	803.8863	4
					(150)TTGIVLDSGDGVTHNVPIYEGYALPHAIMR ⁽¹⁷⁹⁾	66	1071.5396	3
					(241)SYELPDGQVITIGNER ⁽²⁵⁶⁾	83	895.3713	2
					(241)SYELPDGQVITIGNER ⁽²⁵⁶⁾	76	1790.8987	1
					(241)SYELPDGQVITIGNER ⁽²⁵⁶⁾	86	895.9548	2
					(293)KDLYANNVMSGGTTMYPGIADR ⁽³¹⁴⁾	105	802.7118	3
					(294)DLYANNVMSGGTTMYPGIADR ⁽³¹⁴⁾	134	1139.4857	2
					(362)QEYDEAGPSIVHR ⁽³⁷⁴⁾	84	750.8408	2
					(362)QEYDEAGPSIVHR ⁽³⁷⁴⁾	75	500.9013	3
					(362)QEYDEAGPSIVHR ⁽³⁷⁴⁾	88	750.859	2
Banda 15								
Creatine kinase S-type, mitochondrial	KCRS_BOVIN	CKMT2	76	39	(187)EVENVAITALEGLK ⁽²⁰⁰⁾	76	743.4135	2
Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase	G3P_BOVIN	GAPDH	62	4	(199)GAAQNIIPASTGAAK ⁽²¹³⁾	62	685.3662	2
Phosphoglycerate kinase 1	PGK1_BOVIN	PGK1	218	11	(157)LGDVYVNDAFGTAHR ⁽¹⁷¹⁾	75	545.5787	3

Fructose-bisphosphate aldolase A	A6QLL8_BOVIN	ALDOA	564	28	(200)ALESPPERPFLAILGGAK ⁽²¹⁶⁾	72	885.0026	2
					(280)ITLPVDFVTADKFDENAK ⁽²⁹⁷⁾	72	675.0022	3
					(29)GILAADESTGSIK ⁽⁴²⁾	87	666.8340	2
					(44)LQSIGTENTEENR ⁽⁵⁶⁾	75	746.3511	2
					(61)QLLLTADDR ⁽⁶⁹⁾	71	522.7816	2
					(61)QLLLTADDR ⁽⁶⁹⁾	71	523.2866	2
					(112)GVVPLAGTNGETTTQGLDGLSER ⁽¹³⁴⁾	82	137.0742	2
					(112)GVVPLAGTNGETTTQGLDGLSER ⁽¹³⁴⁾	68	137.0817	2
					(154)IGEHTPSSLAIMENANVLAR ⁽¹⁷³⁾	90	708.3665	3
					(154)IGEHTPSSLAIMENANVLAR ⁽¹⁷³⁾	97	1070.0565	2
					(154)IGEHTPSSLAIMENANVLAR ⁽¹⁷³⁾	85	713.7091	3
					(154)IGEHTPSSLAIMENANVLAR ⁽¹⁷³⁾	97	1070.5479	2
					(244)YSHEEIAMATVTALR ⁽²⁵⁸⁾	61	569.9294	3
					(244)YSHEEIAMATVTALR ⁽²⁵⁸⁾	83	854.4047	2
(323)AAQEEYVKR ⁽³³¹⁾	69	547.2845	2					
Fructose-bisphosphate aldolase C	Q3ZBY4_BOVIN	ALDOC	94	6	(112)GVVPLAGTDGETTTQGLDGLSER ⁽¹³⁴⁾	96	1137.0742	2
					(112)GVVPLAGTDGETTTQGLDGLSER ⁽¹³⁴⁾	70	1137.0817	2
Creatine kinase M-type	KCRM_BOVIN	CKM	654	31	(12)LNFKAE E EYPDLK ⁽²⁵⁾	78	841.9224	2
					(87)DLFDPIQDR ⁽⁹⁶⁾	59	616.3160	2
					(117)GGDDLDPNYVLSSR ⁽¹³⁰⁾	77	754.2932	2
					(157)LSVEALNSLTGEFK ⁽¹⁷⁰⁾	108	754.3193	2
					(157)LSVEALNSLTGEFK ⁽¹⁷⁰⁾	79	754.4028	2
					(157)LSVEALNSLTGEFK ⁽¹⁷⁰⁾	79	754.4030	2
					(157)LSVEALNSLTGEFK ⁽¹⁷⁰⁾	76	754.4033	2
					(157)LSVEALNSLTGEFK ⁽¹⁷⁰⁾	80	754.4046	2
					(157)LSVEALNSLTGEFK ⁽¹⁷⁰⁾	73	754.4049	2
					(157)LSVEALNSLTGEFK ⁽¹⁷⁰⁾	89	754.4049	2
					(157)LSVEALNSLTGEFK ⁽¹⁷⁰⁾	79	754.4050	2
					(157)LSVEALNSLTGEFK ⁽¹⁷⁰⁾	80	754.4052	2
					(157)LSVEALNSLTGEFK ⁽¹⁷⁰⁾	77	754.4057	2
					(157)LSVEALNSLTGEFK ⁽¹⁷⁰⁾	107	754.4058	2

					(157)LSVEALNSLTGEFK ⁽¹⁷⁰⁾	61	754.4059	2
					(157)LSVEALNSLTGEFK ⁽¹⁷⁰⁾	107	754.4066	2
					(157)LSVEALNSLTGEFK ⁽¹⁷⁰⁾	85	754.4070	2
					(157)LSVEALNSLTGEFK ⁽¹⁷⁰⁾	79	754.4070	2
					(157)LSVEALNSLTGEFK ⁽¹⁷⁰⁾	108	754.8394	2
					(157)LSVEALNSLTGEFK ⁽¹⁷⁰⁾	76	754.8830	2
					(178)SMTEQEQQQLIDDHFLFDKPVSPLLLASGMAR ⁽²⁰⁹⁾	69	915.9577	4
					(178)SMTEQEQQQLIDDHFLFDKPVSPLLLASGMAR ⁽²⁰⁹⁾	96	1225.9429	3
					(178)SMTEQEQQQLIDDHFLFDKPVSPLLLASGMAR ⁽²⁰⁹⁾	75	919.7143	4
					(178)SMTEQEQQQLIDDHFLFDKPVSPLLLASGMAR ⁽²⁰⁹⁾	96	1226.2607	3
					(178)SMTEQEQQQLIDDHFLFDKPVSPLLLASGMAR ⁽²⁰⁹⁾	75	919.9499	4
					(178)SMTEQEQQQLIDDHFLFDKPVSPLLLASGMAR ⁽²⁰⁹⁾	75	920.2069	4
					(224)SFLVWVNEEDHLR ⁽²³⁶⁾	67	548.5973	3
					(224)SFLVWVNEEDHLR ⁽²³⁶⁾	78	822.3945	2
					(320)RGTGGVDTAAVGSVFDVSNADR ⁽³⁴¹⁾	94	717.6867	3
					(320)RGTGGVDTAAVGSVFDVSNADR ⁽³⁴¹⁾	60	1076.0342	2
					(321)GTGGVDTAAVGSVFDVSNADR ⁽³⁴¹⁾	68	665.6504	3
Beta-enolase	ENOB_BOVIN	ENO3	153	6	(16)GNPTVEVDLHTAK ⁽²⁸⁾	68	690.8594	2
					(163)LAMQEFMILPVGASSFR ⁽¹⁷⁹⁾	85	964.9938	2
Actin, alpha skeletal muscle	ACTS_BOVIN	ACTA1	983	49	(21)AGFAGDDAPR ⁽³⁰⁾	86	488.7191	2
					(31)AVFPSIVGRPR ⁽⁴¹⁾	77	599.3455	2
					(31)AVFPSIVGRPR ⁽⁴¹⁾	77	599.8160	2
					(31)AVFPSIVGRPR ⁽⁴¹⁾	77	600.2316	2
					(53)DSYVGDEAQSQR ⁽⁶⁴⁾	74	677.8165	2
					(98)VAPEEHPTLLTEAPLNPK ⁽¹¹⁵⁾	63	978.4813	2
					(121)MTQIMFETFNVPAMYVAIQAVLSLYASGR ⁽¹⁴⁹⁾	91	100.5483	3
					(121)MTQIMFETFNVPAMYVAIQAVLSLYASGR ⁽¹⁴⁹⁾	80	100.5497	3
					(121)MTQIMFETFNVPAMYVAIQAVLSLYASGR ⁽¹⁴⁹⁾	77	100.5511	3
					(121)MTQIMFETFNVPAMYVAIQAVLSLYASGR ⁽¹⁴⁹⁾	100	100.5526	3
					(121)MTQIMFETFNVPAMYVAIQAVLSLYASGR ⁽¹⁴⁹⁾	77	100.8839	3
					(150)TTGIVLDSGDGVTHNVPIYEGYALPHAIMR ⁽¹⁷⁹⁾	65	799.9041	4

					(150)TTGIVLDSGDGVTHNVPIYEGYALPHAIMR ⁽¹⁷⁹⁾	74	1066.2188	3
					(150)TTGIVLDSGDGVTHNVPIYEGYALPHAIMR ⁽¹⁷⁹⁾	77	1071.5239	3
					(241)SYELPDGQVITIGNER ⁽²⁵⁶⁾	82	895.8594	2
					(241)SYELPDGQVITIGNER ⁽²⁵⁶⁾	87	895.9356	2
					(293)KDLYANNVMSGGTTMYPGIADR ⁽³¹⁴⁾	100	803.0326	3
					(293)KDLYANNVMSGGTTMYPGIADR ⁽³¹⁴⁾	119	1204.0604	2
					(294)DLYANNVMSGGTTMYPGIADR ⁽³¹⁴⁾	145	1139.4713	2
					(338)KYSVWIGGSILASLSTFQQMWITK ⁽³⁶¹⁾	75	920.8193	3
					(362)QEYDEAGPSIVHR ⁽³⁷⁴⁾	78	500.8771	3
					(362)QEYDEAGPSIVHR ⁽³⁷⁴⁾	82	750.8142	2
					(362)QEYDEAGPSIVHR ⁽³⁷⁴⁾	78	501.2202	3
Beta-actin	ACTB_BOVIN	ACTB	364	16	(19)AGFAGDDAPR ⁽²⁸⁾	86	488.7191	2
					(29)AVFPSIVGRPR ⁽³⁹⁾	77	599.3455	2
					(29)AVFPSIVGRPR ⁽³⁹⁾	77	599.8160	2
					(29)AVFPSIVGRPR ⁽³⁹⁾	77	600.2316	2
					(51)DSYVGDEAQSQR ⁽⁶²⁾	74	677.8165	2
					(119)MTQIMFETFNTPAFYVAIQAVLSLYASGR ⁽¹⁴⁷⁾	71	1100.8839	3
					(119)MTQIMFETFNTPACYVAIQAVLSLYASGR ⁽¹⁴⁷⁾	62	1105.8853	3
Banda 16								
Aspartate aminotransferase, cytoplasmic	AATC_BOVIN	GOT1	60	5	(61)IANDSSINHEYLPIGLAEFR ⁽⁸¹⁾	60	791.4168	3
Tropomyosin beta chain	TPM2_BOVIN	TPM2	383	20	(77)KATDAEADVASLNR ⁽⁹⁰⁾	102	730.8729	2
					(92)IQLVEEELDR ⁽¹⁰¹⁾	66	622.3167	2
					(169)LVILEGELER ⁽¹⁷⁸⁾	74	585.8368	2
					(206)SLEAQADKYSTK ⁽²¹⁷⁾	70	670.8384	2
					(252)TIDDLEDEVYAQK ⁽²⁶⁴⁾	70	769.8670	2
Fructose-bisphosphate aldolase A	A6QLL8_BOVIN	ALDOA	1107	51	(2)PHQYPALTPEQK ⁽¹³⁾	66	704.8472	2
					(15)ELCDIAHR ⁽²²⁾	70	507.2394	2
					(29)GILAADESTGSIK ⁽⁴²⁾	97	666.7905	2
					(29)GILAADESTGSIK ⁽⁴²⁾	83	666.8536	2
					(29)GILAADESTGSIKR ⁽⁴³⁾	78	744.9100	2

(44)LQSIGTENTEENR ⁽⁵⁶⁾	71	745.8254	2
(61)QLLLTADDR ⁽⁶⁹⁾	78	522.7794	2
(109)VDKGVVPLAGTNGETTTQGLDGLSER ⁽¹³⁴⁾	72	872.1222	3
(112)GVVPLAGTNGETTTQGLDGLSER ⁽¹³⁴⁾	127	1136.5427	2
(112)GVVPLAGTNGETTTQGLDGLSER ⁽¹³⁴⁾	76	1136.9875	2
(112)GVVPLAGTNGETTTQGLDGLSER ⁽¹³⁴⁾	74	1137.032	2
(112)GVVPLAGTNGETTTQGLDGLSER ⁽¹³⁴⁾	83	758.3805	3
(154)IGEHTPSSLAIMENANVLAR ⁽¹⁷³⁾	79	708.3557	3
(154)IGEHTPSSLAIMENANVLAR ⁽¹⁷³⁾	90	1062.0624	2
(154)IGEHTPSSLAIMENANVLAR ⁽¹⁷³⁾	85	713.6732	3
(154)IGEHTPSSLAIMENANVLAR ⁽¹⁷³⁾	58	713.6857	3
(154)IGEHTPSSLAIMENANVLAR ⁽¹⁷³⁾	95	1070.0322	2
(154)IGEHTPSSLAIMENANVLAR ⁽¹⁷³⁾	85	713.6924	3
(154)IGEHTPSSLAIMENANVLAR ⁽¹⁷³⁾	65	713.6974	3
(154)IGEHTPSSLAIMENANVLAR ⁽¹⁷³⁾	74	713.6979	3
(154)IGEHTPSSLAIMENANVLAR ⁽¹⁷³⁾	82	713.6979	3
(154)IGEHTPSSLAIMENANVLAR ⁽¹⁷³⁾	70	713.698	3
(154)IGEHTPSSLAIMENANVLAR ⁽¹⁷³⁾	71	713.6983	3
(154)IGEHTPSSLAIMENANVLAR ⁽¹⁷³⁾	95	713.6983	3
(154)IGEHTPSSLAIMENANVLAR ⁽¹⁷³⁾	67	713.6983	3
(154)IGEHTPSSLAIMENANVLAR ⁽¹⁷³⁾	90	713.6983	3
(154)IGEHTPSSLAIMENANVLAR ⁽¹⁷³⁾	80	713.6984	3
(154)IGEHTPSSLAIMENANVLAR ⁽¹⁷³⁾	90	713.6985	3
(154)IGEHTPSSLAIMENANVLAR ⁽¹⁷³⁾	84	713.6987	3
(154)IGEHTPSSLAIMENANVLAR ⁽¹⁷³⁾	72	713.6987	3
(154)IGEHTPSSLAIMENANVLAR ⁽¹⁷³⁾	86	713.6987	3
(154)IGEHTPSSLAIMENANVLAR ⁽¹⁷³⁾	85	713.6988	3
(154)IGEHTPSSLAIMENANVLAR ⁽¹⁷³⁾	82	713.6994	3
(154)IGEHTPSSLAIMENANVLAR ⁽¹⁷³⁾	91	1070.055	2
(154)IGEHTPSSLAIMENANVLAR ⁽¹⁷³⁾	82	713.7069	3
(154)IGEHTPSSLAIMENANVLAR ⁽¹⁷³⁾	58	714.0047	3

					(154)IGEHTPSSLAIMENANVLAR ⁽¹⁷³⁾	91	1070.5403	2
					(154)IGEHTPSSLAIMENANVLAR ⁽¹⁷³⁾	80	794.9032	4
					(174)YASICQQNGIVPIVEPEILPDGDHDLKR ⁽²⁰¹⁾	80	795.1521	4
					(174)YASICQQNGIVPIVEPEILPDGDHDLKR ⁽²⁰¹⁾	68	846.4312	2
					(244)YSHEEIAMATVTALR ⁽²⁵⁸⁾	64	569.9133	3
					(244)YSHEEIAMATVTALR ⁽²⁵⁸⁾	86	854.3745	2
					(244)YSHEEIAMATVTALR ⁽²⁵⁸⁾	61	569.9485	3
					(244)YSHEEIAMATVTALR ⁽²⁵⁸⁾	63	621.9701	3
					(244)YSHEEIAMATVTALRR ⁽²⁵⁹⁾	60	466.7294	4
					(244)YSHEEIAMATVTALRR ⁽²⁵⁹⁾	60	1018.5342	3
					(260)TVPPAVPGITFLSGGQSEEEASINLNAINK ⁽²⁸⁹⁾	63	547.2839	2
					(323)AAQEEYVKR ⁽³³¹⁾	60	547.2842	2
					(323)AAQEEYVKR ⁽³³¹⁾			
Fructose-bisphosphate aldolase C	Q3ZBY4_BOVIN	ALDOC	258	14	(109)VDKGVVPLAGTDGETTTQGLDGLSER ⁽¹³⁴⁾	77	872.1222	3
					(112)GVVPLAGTDGETTTQGLDGLSER ⁽¹³⁴⁾	87	1136.5427	2
					(112)GVVPLAGTDGETTTQGLDGLSER ⁽¹³⁴⁾	103	1136.9875	2
					(112)GVVPLAGTDGETTTQGLDGLSER ⁽¹³⁴⁾	87	1137.032	2
					(112)GVVPLAGTDGETTTQGLDGLSER ⁽¹³⁴⁾	78	758.3805	3
					(174)YASICQQNGIVPIVEPEILPDGDHDLKR ⁽²⁰¹⁾	80	794.9032	4
Creatine kinase M-type	KCRM_BOVIN	CKM	187	17	(174)YASICQQNGIVPIVEPEILPDGDHDLKR ⁽²⁰¹⁾	80	795.1521	4
					(157)LSVEALNSLTGEFK ⁽¹⁷⁰⁾	72	754.406	2
					(178)SMTEQEQQQLIDDHFLFDKPVSPLLLASGMAR ⁽²⁰⁹⁾	59	919.9581	4
					(321)GTGGVDTAAVGSVFDVSNADR ⁽³⁴¹⁾	58	997.9821	2
Actin, alpha skeletal muscle	ACTS_BOVIN	ACTA1	273	16	(121)MTQIMFETFNVPAMYVAIQAVLSLYASGR ⁽¹⁴⁹⁾	94	1100.5507	3
					(294)DLYANNVMSGGTTMYPGIADR ⁽³¹⁴⁾	118	1139.5204	2
					(362)QEYDEAGPSIVHR ⁽³⁷⁴⁾	61	500.9047	3
Banda 17								
Aspartate aminotransferase, mitochondrial	AATM_BOVIN	GOT2	89	2	(326)IASTILTSPDLR ⁽³³⁷⁾	89	643.8684	2
Creatine kinase M-type	KCRM_BOVIN	CKM	106	3	(157)LSVEALNSLTGEFK ⁽¹⁷⁰⁾	108	754.4053	2
Troponin T, fast skeletal muscle	TNNT3_BOVIN	TNNT3	63	5	(80)DLMELQALIDSHFEAR ⁽⁹⁵⁾	63	952.9623	2

Tropomyosin beta chain	TPM2_BOVIN	TPM2	968	28	(50)LKGTEDVEVEK ⁽⁵⁹⁾	68	574.2946	2
					(50)LKGTEDVEVEK ⁽⁵⁹⁾	73	574.2972	2
					(52)GTEDEVEKYSSESVK ⁽⁶⁵⁾	59	800.3762	2
					(77)KATDAEADVASLNR ⁽⁹⁰⁾	141	730.8552	2
					(78)ATDAEADVASLNR ⁽⁹⁰⁾	94	666.7804	2
					(78)ATDAEADVASLNR ⁽⁹¹⁾	59	496.9093	3
					(78)ATDAEADVASLNR ⁽⁹¹⁾	67	744.8760	2
					(91)RIQLVEEELDR ⁽¹⁰¹⁾	78	700.3746	2
					(92)IQLVEEELDR ⁽¹⁰¹⁾	68	622.3090	2
					(92)IQLVEEELDRAQER ⁽¹⁰⁵⁾	96	576.6226	3
					(168)KLVILEGELER ⁽¹⁷⁸⁾	75	649.8583	2
					(169)LVILEGELER ⁽¹⁷⁸⁾	74	585.8214	2
					(206)SLEAQADKYSTK ⁽²¹⁷⁾	68	670.8115	2
					(252)TIDDLEDEVYAQK ⁽²⁶⁴⁾	74	769.8541	2
					(252)TIDDLEDEVYAQK ⁽²⁶⁴⁾	74	769.8674	2
					Fructose-bisphosphate aldolase A	A6QLL8_BOVIN	ALDOA	484
(61)QLLLTADDR ⁽⁶⁹⁾	75	522.7711	2					
(61)QLLLTADDR ⁽⁶⁹⁾	75	523.2810	2					
(109)VDKGVVPLAGTNGETTTQGLDGLSER ⁽¹³⁴⁾	71	872.4463	3					
(112)GVVPLAGTNGETTTQGLDGLSER ⁽¹³⁴⁾	82	1137.0747	2					
(112)GVVPLAGTNGETTTQGLDGLSER ⁽¹³⁴⁾	65	1137.0771	2					
(154)IGEHTPSSLAIMENANVLAR ⁽¹⁷³⁾	78	713.6876	3					
(154)IGEHTPSSLAIMENANVLAR ⁽¹⁷³⁾	75	713.6978	3					
(154)IGEHTPSSLAIMENANVLAR ⁽¹⁷³⁾	59	713.6979	3					
(154)IGEHTPSSLAIMENANVLAR ⁽¹⁷³⁾	73	713.6983	3					
(154)IGEHTPSSLAIMENANVLAR ⁽¹⁷³⁾	62	713.6987	3					
(244)YSHEEIAMATVTALR ⁽²⁵⁸⁾	64	569.9346	3					
(244)YSHEEIAMATVTALR ⁽²⁵⁸⁾	81	854.4057	2					
Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase	G3P_BOVIN	GAPDH	417	30				
					(117)VIISAPSADAPMFVMGVNHEK ⁽¹³⁷⁾	61	1123.0536	2
					(161)VIHDHFGIVEGLMTTVHAITATQK ⁽¹⁸⁴⁾	78	659.0869	4

					(161)VIHDHFGIVEGLMTTVHAITATQK ⁽¹⁸⁴⁾	82	878.7771	3
					(199)GAAQNIIPASTGAAK ⁽²¹³⁾	62	685.3460	2
					(308)LISWYDNEFGYSNR ⁽³²¹⁾	90	882.3784	2
					(322)VVDLMVHMASKE ⁽³³³⁾	60	695.8413	2
Beta-enolase	ENOB_BOVIN	ENO3	266	14	(33)AAVPSGASTGIYEALER ⁽⁵⁰⁾	124	902.9847	2
					(133)HIADLAGNPELILPVPFNVINGGSHAGNK ⁽¹⁶²⁾	55	1012.5436	3
					(133)HIADLAGNPELILPVPFNVINGGSHAGNK ⁽¹⁶²⁾	55	1012.8728	3
					(163)LAMQEFMILPVGASSFR ⁽¹⁷⁹⁾	87	964.9832	2
Banda 18								
Creatine kinase M-type	KCRM_BOVIN	CKM	91	3	(157)LSVEALNSLTGEFK ⁽¹⁷⁰⁾	92	754.4063	2
Tropomyosin beta chain	TPM2_BOVIN	TPM2	386	20	(78)ATDAEADVASLNR ⁽⁹⁰⁾	90	666.8195	2
					(92)IQLVEEELDR ⁽¹⁰¹⁾	72	622.2766	2
					(92)IQLVEEELDR ⁽¹⁰¹⁾	72	622.7168	2
					(169)LVILEGELER ⁽¹⁷⁸⁾	78	585.8324	2
					(206)SLEAQADKYSTK ⁽²¹⁷⁾	72	670.8381	2
					(252)TIDDLEDEVYAQK ⁽²⁶⁴⁾	74	769.8633	2
Troponin T, fast skeletal muscle	TNNT3_BOVIN	TNNT3	249	18	(80)DLMELQALIDSHFEAR ⁽⁹⁵⁾	57	635.2846	3
					(80)DLMELQALIDSHFEAR ⁽⁹⁵⁾	84	952.4611	2
					(159)ALSSMGANYSSYLAK ⁽¹⁷³⁾	97	789.8395	2
					(215)ELWDTLYQLETDKFEYGEK ⁽²³³⁾	69	803.0478	3
Fructose-bisphosphate aldolase A	A6QLL8_BOVIN	ALDOA	236	12	(29)GILAADESTGSIK ⁽⁴²⁾	95	666.8328	2
					(61)QLLLTADDR ⁽⁶⁹⁾	72	522.7818	2
					(112)GVVPLAGTNGETTTQGLDGLSER ⁽¹³⁴⁾	69	1137.0795	2
					(71)AITIFQERDPANIK ⁽⁸⁴⁾	64	808.4309	2
					(117)VIISAPSADAPMFVMGVNHEK ⁽¹³⁷⁾	58	749.0166	3
					(161)VIHDHFGIVEGLMTTVHAITATQK ⁽¹⁸⁴⁾	78	659.0906	4
					(161)VIHDHFGIVEGLMTTVHAITATQK ⁽¹⁸⁴⁾	94	878.4695	3
					(161)VIHDHFGIVEGLMTTVHAITATQK ⁽¹⁸⁴⁾	94	878.7626	3
					(161)VIHDHFGIVEGLMTTVHAITATQK ⁽¹⁸⁴⁾	79	878.7647	3
					(161)VIHDHFGIVEGLMTTVHAITATQK ⁽¹⁸⁴⁾	83	527.6744	5
					(161)VIHDHFGIVEGLMTTVHAITATQK ⁽¹⁸⁴⁾	63	878.7892	3

					(161)VIHDHFGIVEGLMTTVHAITATQK ⁽¹⁸⁴⁾	64	1317.7045	2
					(161)VIHDHFGIVEGLMTTVHAITATQK ⁽¹⁸⁴⁾	63	879.1235	3
					(199)GAAQNIIPASTGAAK ⁽²¹³⁾	71	685.2912	2
					(233)VPTPNVSVVDLTCR ⁽²⁴⁶⁾	101	778.9117	2
					(308)LISWYDNEFGYSNR ⁽³²¹⁾	90	882.4031	2
					(308)LISWYDNEFGYSNR ⁽³²¹⁾	65	882.4071	2
Beta-enolase	ENOB_BOVIN	ENO3	265	14	(33)AAVPSGASTGIYEALRLR ⁽⁵⁰⁾	126	902.9731	2
					(133)HIADLAGNPELILPVPAFNVINGGSHAGNK ⁽¹⁶²⁾	58	1012.8724	3
					(163)LAMQEFMILPVGASSFR ⁽¹⁷⁹⁾	81	964.9917	2
Banda 19								
Creatine kinase M-type	KCRM_BOVIN	CKM	64	2	(87)DLFDPIIQDR ⁽⁹⁶⁾	64	616.3186	2
Fructose-1,6-bisphosphatase isozyme 2	F16P2_BOVIN	FBP2	75	3	(5)SPFETDMLTLTR ⁽¹⁶⁾	75	713.8494	2
L-lactate dehydrogenase A-like 6B	LDH6B_BOVIN	LDHAL6B	62	4	(182)LIVVSNPVDILTYVAWK ⁽¹⁹⁸⁾	62	965.5631	2
Pyruvate kinase 2 protein, partial	Q3ZC87_BOVIN	PKM2	88	2	(265)FGVEQNVDMVFASFIR ⁽²⁸⁰⁾	88	937.9661	2
Troponin T, slow skeletal muscle	TNNT1_BOVIN	TNNT1	70	3	(62)VDFDDIHR ⁽⁶⁹⁾	70	508.7379	2
Tropomyosin alpha-3 chain	TPM3_BOVIN	TPM3	705	25	(13)LDKENALDR ⁽²¹⁾	78	537.2813	2
					(36)SKQLEDELAAMQK ⁽⁴⁸⁾	68	753.8776	2
					(77)KAADAEAEVASLNR ⁽⁹⁰⁾	59	482.2469	3
					(77)KAADAEAEVASLNR ⁽⁹⁰⁾	99	722.8714	2
					(78)AADAEAEVASLNR ⁽⁹⁰⁾	70	658.8186	2
					(91)RIQLVEEELDR ⁽¹⁰¹⁾	80	700.3651	2
					(92)IQLVEEELDR ⁽¹⁰¹⁾	74	622.2918	2
					(168)KLVIIEGDLER ⁽¹⁷⁸⁾	79	642.8769	2
					(169)LVIIEGDLER ⁽¹⁷⁸⁾	83	578.8301	2
					(252)TIDDLEDELYAQK ⁽²⁶⁴⁾	74	776.8637	2
Tropomyosin beta chain	TPM2_BOVIN	TPM2	476	11	(13)LDKENAIDR ⁽²¹⁾	78	537.2813	2
					(77)KATDAEADVAVSLNR ⁽⁹⁰⁾	145	730.8625	2
					(78)ATDAEADVAVSLNR ⁽⁹⁰⁾	97	666.8122	2
					(91)RIQLVEEELDR ⁽¹⁰¹⁾	80	700.3651	2

Tropomyosin alpha-1 chain	TPM1_BOVIN	TPM1	705	20	(92)IQLVEEELDR ⁽¹⁰¹⁾	74	622.2918	2
					(13)LDKENALDR ⁽²¹⁾	78	537.2813	2
					(77)KATDAEADVASLNR ⁽⁹⁰⁾	145	730.8625	2
					(78)ATDAEADVASLNR ⁽⁹⁰⁾	97	666.8122	2
					(91)RIQLVEEELDR ⁽¹⁰¹⁾	80	700.3651	2
					(92)IQLVEEELDR ⁽¹⁰¹⁾	74	622.2918	2
					(168)KLVIESDLER ⁽¹⁷⁸⁾	81	657.8764	2
					(169)LVIESDLER ⁽¹⁷⁸⁾	75	593.8264	2
Fructose-bisphosphate aldolase A	A6QLL8_BOVIN	ALDOA	156	6	(252)SIDDLEDELYAQK ⁽²⁶⁴⁾	76	769.8370	2
					(29)GILAADESTGSIK ⁽⁴²⁾	86	666.8500	2
					(61)QLLLTADDR ⁽⁶⁹⁾	70	522.7853	2
L-lactate dehydrogenase A chain	LDHA_BOVIN	LDHA	127	9	(43)DLADEVALVDVMEDK ⁽⁵⁷⁾	65	839.4025	2
					(133)LLVVSNPVDILTYYAWK ⁽¹⁴⁹⁾	62	965.5631	2
Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase	G3P_BOVIN	GAPDH	231	15	(161)VIHDHFGIVEGLMTTVHAITATQK ⁽¹⁸⁴⁾	63	659.3425	4
					(161)VIHDHFGIVEGLMTTVHAITATQK ⁽¹⁸⁴⁾	81	878.7964	3
					(199)GAAQNIIPASTGAAK ⁽²¹³⁾	60	685.3599	2
					(308)LISWYDNEFGYSNR ⁽³²¹⁾	90	882.4083	2
Banda 20								
Beta-enolase	ENOB_BOVIN	ENO3	64	6	(133)HIADLAGNPELILPVPFNVINGGSHAGNK ⁽¹⁶²⁾	64	1012.8753	3
Creatine kinase M-type	KCRM_BOVIN	CKM	105	3	(157)LSVEALNSLTGEFK ⁽¹⁷⁰⁾	107	754.4024	2
Fructose-1,6-bisphosphatase isozyme 2	F16P2_BOVIN	FBP2	59	5	(27)GTGELTQLLNSMLTAIK ⁽⁴³⁾	59	903.4931	2
Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase	G3P_BOVIN	GAPDH	66	7	(161)VIHDHFGIVEGLMTTVHAITATQK ⁽¹⁸⁴⁾	66	659.3478	4
Malate dehydrogenase, cytoplasmic	MDHC_BOVIN	MDH1	70	7	(7)VLVTGAAGQIAYSLLYSIGNGSVFGK ⁽³²⁾	70	862.4723	3
Pyruvate kinase 2 protein, partial	Q3ZC87_BOVIN	PKM2	92	2	(265)FGVEQNVDMVFASFIR ⁽²⁸⁰⁾	92	937.9669	2
Tropomyosin alpha-3 chain	TPM3_BOVIN	TPM3	375	13	(13)LDKENALDR ⁽²¹⁾	66	537.2816	2
					(91)RIQLVEEELDR ⁽¹⁰¹⁾	78	700.3506	2
					(92)IQLVEEELDR ⁽¹⁰¹⁾	67	622.7193	2
					(92)IQLVEEELDR ⁽¹⁰¹⁾	66	622.7193	2
					(92)IQLVEEELDRAQER ⁽¹⁰⁵⁾	93	576.6236	3

Tropomyosin beta chain	TPM2_BOVIN	TPM2	521	13	(137)DEEKMELQEIQLK ⁽¹⁴⁹⁾	70	824.8969	2
					(13)LDKENAIDR ⁽²¹⁾	66	537.2816	2
					(77)KATDAEADVASLNR ⁽⁹⁰⁾	82	730.3620	2
					(77)KATDAEADVASLNR ⁽⁹⁰⁾	123	730.8023	2
					(78)ATDAEADVASLNR ⁽⁹⁰⁾	93	666.7734	2
					(91)RIQLVEEELDR ⁽¹⁰¹⁾	78	700.3506	2
					(92)IQLVEEELDR ⁽¹⁰¹⁾	67	622.7193	2
					(92)IQLVEEELDR ⁽¹⁰¹⁾	66	622.7193	2
Tropomyosin alpha-1 chain	TPM1_BOVIN	TPM1	988	35	(92)IQLVEEELDRAQER ⁽¹⁰⁵⁾	93	576.6236	3
					(13)LDKENALDR ⁽²¹⁾	66	537.2816	2
					(36)SKQLEDELVSLQK ⁽⁴⁸⁾	60	758.9196	2
					(52)ATEDELDKYSEALK ⁽⁶⁵⁾	94	806.3678	2
					(77)KATDAEADVASLNR ⁽⁹⁰⁾	82	730.3620	2
					(77)KATDAEADVASLNR ⁽⁹⁰⁾	123	730.8023	2
					(78)ATDAEADVASLNR ⁽⁹⁰⁾	93	666.7734	2
					(91)RIQLVEEELDR ⁽¹⁰¹⁾	78	700.3506	2
					(92)IQLVEEELDR ⁽¹⁰¹⁾	67	622.7193	2
					(92)IQLVEEELDR ⁽¹⁰¹⁾	66	622.7193	2
					(92)IQLVEEELDRAQER ⁽¹⁰⁵⁾	93	576.6236	3
					(137)DEEKMEIQEIQLK ⁽¹⁴⁹⁾	70	824.8969	2
					(168)KLVIIESDLER ⁽¹⁷⁸⁾	90	657.8469	2
					(169)LVIIESDLER ⁽¹⁷⁸⁾	78	593.2938	2
					(169)LVIIESDLER ⁽¹⁷⁸⁾	78	593.7951	2
(169)LVIIESDLER ⁽¹⁷⁸⁾	78	594.2110	2					
Fructose-bisphosphate aldolase A	A6QLL8_BOVIN	ALDOA	161	9	(252)SIDDLEDELYAQK ⁽²⁶⁴⁾	76	769.8433	2
					(29)GILAADESTGSIK ⁽⁴²⁾	96	666.8494	2
Myozenin-1	MYOZ1_BOVIN	MYOZ1	230	17	(154)IGEHTPSSLAIMENANVLR ⁽¹⁷³⁾	65	713.6991	3
					(43)DVMLEELSLLTNR ⁽⁵⁵⁾	77	774.8972	2
Malate dehydrogenase,	MDHM_BOVIN	MDH2	307	19	(198)VELGIDLLAYGAK ⁽²¹⁰⁾	92	681.3873	2
					(243)FDLGPLLSEPLVLYNQNLNRPSPFNR ⁽²⁶⁸⁾	60	1001.8617	3
					(27)VAVLGASGGIGQPLSLLLK ⁽⁴⁵⁾	82	897.0535	2

mitochondrial

					(53)LTLYDIAHTPGVAADLSHIETR ⁽⁷⁴⁾	75	599.0604	4
					(53)LTLYDIAHTPGVAADLSHIETR ⁽⁷⁴⁾	80	798.4191	3
					(166)IFGVTTLDIVR ⁽¹⁷⁶⁾	71	617.3590	2
					(216)VEFPQDQLTTLTGR ⁽²²⁹⁾	75	802.9230	2
Banda 21								
Four and a half LIM domains protein 1 isoform 3	Q3T173_BOVIN	FHL1	75	5	(35)FCANTCVQCR ⁽⁴⁴⁾	75	658.2701	2
Actin, aortic smooth muscle	ACTA_BOVIN	ACTA2	78	4	(241)SYELPDGQVITIGNER ⁽²⁵⁶⁾	78	895.9528	2
Beta-enolase	ENOB_BOVIN	ENO3	75	3	(163)LAMQEFMILPVGASSFR ⁽¹⁷⁹⁾	75	964.9915	2
Carbonic anhydrase 3	CAH3_BOVIN	CA3	89	6	(227)TLYSSAENEPPVPLVR ⁽²⁴²⁾	89	886.4692	2
Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase	G3P_BOVIN	GAPDH	82	4	(199)GAAQNIIPASTGAAK ⁽²¹³⁾	82	685.3745	2
L-lactate dehydrogenase A chain	LDHA_BOSMU	LDHA	79	3	(158)VIGSGCNLDSAR ⁽¹⁶⁹⁾	79	624.8022	2
Myosin light chain 1/3, skeletal muscle isoform	MYL1_BOVIN	MYL1	93	5	(68)ITLSQVGDVLR ⁽⁷⁸⁾	93	600.8502	2
Troponin T, fast skeletal muscle	TNNT3_BOVIN	Tnnt3	58	5	(159)ALSSMGANYSSYLAK ⁽¹⁷³⁾	58	789.8789	2
PREDICTED: LIM domain-binding protein 3 isoform X5	Q3ZBC9_BOVIN	LDB3	296	14	(17)LQGGKDFNMPLTISR ⁽³¹⁾	65	846.9448	2
					(22)DFNMPLTISR ⁽³¹⁾	68	605.2827	2
					(71)SASYNLSLTQK ⁽⁸²⁾	68	662.8584	2
					(108)VVANSPANADYQER ⁽¹²¹⁾	94	767.3697	2
					(108)VVANSPANADYQER ⁽¹²¹⁾	94	767.8698	2
Fructose-bisphosphate aldolase A	A6QLL8_BOVIN	ALDOA	223	9	(154)IGEHTPSSLAIMENANVLAR ⁽¹⁷³⁾	106	713.6980	3
					(224)YSHEEIAMATVTALR ⁽²⁵⁸⁾	58	569.9455	3
					(244)YSHEEIAMATVTALRR ⁽²⁵⁹⁾	59	621.9810	3
Creatine kinase M-type	KCRM_BOVIN	CKM	168	7	(117)GGDDLDPNYVLSSR ⁽¹³⁰⁾	64	754.3581	2
					(157)LSVEALNSLTGEFK ⁽¹⁷⁰⁾	108	754.4067	2
Banda 22								
Fructose-bisphosphate aldolase A	A6QLL8_BOVIN	ALDOA	66	5	(154)IGEHTPSSLAIMENANVLAR ⁽¹⁷³⁾	66	713.6990	3
Glycogen phosphorylase, muscle form	PYGM_BOVIN	PYGM	106	1	(741)HVIDQLSSGFFSPK ⁽⁷⁵⁴⁾	106	781.4067	2
Creatine kinase M-type	KCRM_BOVIN	CKM	83	3	(157)LSVEALNSLTGEFK ⁽¹⁷⁰⁾	85	754.4056	2

Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase	G3P_BOVIN	GAPDH	63	4	(199)GAAQNIIPASTGAAK ⁽²¹³⁾	63	685.3762	2
Heat shock protein beta-1	HSPB1_BOVIN	HSPB1	72	4	(29)LFDQAFGLPR ⁽³⁸⁾	72	582.3126	2
Myosin light chain 1/3, skeletal muscle isoform	MYL1_BOVIN	MYL1	90	5	(68)ITLSQVGDVLR ⁽⁷⁸⁾	90	600.8473	2
Triosephosphate isomerase	TPIS_BOVIN	TPI1	81	4	(195)SNVSDAVAQSAR ⁽²⁰⁶⁾	81	602.7980	2
Myozenin-3	Q08DI7_BOVIN	MYOZ3	120	11	(62)FTFEFAASPR ⁽⁷¹⁾	61	586.7894	2
Carbonic anhydrase 3	CAH3_BOVIN	CA3	154	9	(207)AGTPFVPELTSGLELLR ⁽²²³⁾	59	900.5046	2
					(68)VVFDDTYDR ⁽⁷⁶⁾	65	565.2568	2
					(227)TLYSSAENEPPVPLVR ⁽²⁴²⁾	69	886.4688	2
					(227)TLYSSAENEPPVPLVR ⁽²⁴²⁾	90	886.4719	2
Banda 23								
Creatine kinase M-type	KCRM_BOVIN	CKM	96	3	(157)LSVEALNSLTGEFK ⁽¹⁷⁰⁾	98	754.4042	2
Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase	G3P_BOVIN	GAPDH	60	4	(199)GAAQNIIPASTGAAK ⁽²¹³⁾	60	685.3789	2
Heat shock protein beta-1	HSPB1_BOVIN	HSPB1	69	4	(29)LFDQAFGLPR ⁽³⁸⁾	69	582.3126	2
Myosin light chain 1/3, skeletal muscle isoform	MYL1_BOVIN	MYL1	103	5	(68)ITLSQVGDVLR ⁽⁷⁸⁾	103	600.8474	2
Myozenin-3	Q08DI7_BOVIN	MYOZ3	58	6	(207)AGTPFVPELTSGLELLR ⁽²²³⁾	58	900.5042	2
Peroxiredoxin-6	PRDX6_BOVIN	PRDX6	63	4	(145)LSILYPATTGR ⁽¹⁵⁵⁾	63	596.3378	2
Phosphoglycerate mutase 2	PGAM2_BOVIN	PGAM2	307	18	(147)AGELPTCESLKDTIAR ⁽¹⁶²⁾	85	587.6298	3
					(181)VLIAAHGNSLR ⁽¹⁹¹⁾	87	575.8369	2
					(232)FLGDEETVR ⁽²⁴⁰⁾	72	533.2551	2
					(232)FLGDEETVR ⁽²⁴⁰⁾	72	533.7606	2
					(241)KAMEAVAAQ GK ⁽²⁵¹⁾	64	560.2944	2
Carbonic anhydrase 3	CAH3_BOVIN	CA3	220	15	(136)HADGIAVVG VFLK ⁽¹⁴⁸⁾	69	663.3831	2
					(213)EPITVSSDQIAK ⁽²²⁴⁾	61	644.3427	2
					(227)TLYSSAENEPPVPLVR ⁽²⁴²⁾	79	886.4232	2
					(227)TLYSSAENEPPVPLVR ⁽²⁴²⁾	91	886.4520	2
					(227)TLYSSAENEPPVPLVR ⁽²⁴²⁾	82	886.4691	2
(227)TLYSSAENEPPVPLVR ⁽²⁴²⁾	82	886.9563	2					
Banda 24								
Creatine kinase M-type	KCRM_BOVIN	CKM	106	3	(157)LSVEALNSLTGEFK ⁽¹⁷⁰⁾	108	754.4061	2

Triosephosphate isomerase	TPIS_BOVIN	TPI1	271	21	(20)NNLGELINTLNAAK ⁽³³⁾	67	742.9072	2
					(86)DLGATWVVLGHSER ⁽⁹⁹⁾	81	770.4026	2
					(176)TATPQQAQEVHEK ⁽¹⁸⁸⁾	59	733.8672	2
Peroxiredoxin-6	PRDX6_BOVIN	PRDX6	122	9	(195)SNVSDAVAQ SAR ⁽²⁰⁶⁾	64	602.7975	2
					(98)LPFPIIDDKNR ⁽¹⁰⁸⁾	62	664.3714	2
					(145)LSILYPATTGR ⁽¹⁵⁵⁾	60	596.3387	2
Phosphoglycerate mutase 2	PGAM2_BOVIN	PGAM2	531	47	(66)TLWTILDGTDQMWL PVVR ⁽⁸³⁾	67	1080.5700	2
					(118)SFDIPPPPMDEKHPYYK ⁽¹³⁴⁾	56	519.9920	4
					(147)AGELPTCESLKDTIAR ⁽¹⁶²⁾	108	587.6276	3
					(147)AGELPTCESLKDTIAR ⁽¹⁶²⁾	86	880.9509	2
					(163)ALPFWNDEIAPQIK ⁽¹⁷⁶⁾	70	821.4376	2
					(181)VLIAAHGNSLR ⁽¹⁹¹⁾	66	575.8377	2
					(196)HLEGMSDQAIMELNLPTGIPIVYELDQALKPTKP ⁽²³¹⁾	84	820.2186	5
Myosin light chain 1/3, skeletal muscle isoform	MYL1_BOVIN	MYL1	66	5	(232)FLGDEETVR ⁽²⁴⁰⁾	80	533.2535	2
					(232)FLGDEETVR ⁽²⁴⁰⁾	80	533.7590	2
					(68)ITLSQVGDVLR ⁽⁷⁸⁾	66	600.8500	2
					(68)ITLSQVGDVLR ⁽⁷⁸⁾	63	600.8505	2
					(29)LFDQAFGLPR ⁽³⁸⁾	60	582.2957	2
Heat shock protein beta-1	HSPB1_BOVIN	HSPB1	216	27	(58)ALPAAAIEGPAYNR ⁽⁷¹⁾	71	707.3688	2
					(137)KYTLPPGVDPTLVSSSLSP EGTLTVEAPLPK ⁽¹⁶⁷⁾	85	1065.2528	3
Carbonic anhydrase 3	CAH3_BOVIN	CA3	148	11	(136)HADGIAVVG VFLK ⁽¹⁴⁸⁾	63	663.3821	2
					(227)TLYSSAENEPPVPLVR ⁽²⁴²⁾	85	886.4683	2
Banda 25								
Carboxymethylenebutenolidase protein, partial	Q3T141_BOVIN	CMBL	73	15	(44)AVVVIQDIFGWQLPNTR ⁽⁶⁰⁾	73	978.5443	2
Creatine kinase M-type	KCRM_BOVIN	CKM	97	3	(157)LSVEALNSLTGEFK ⁽¹⁷⁰⁾	98	754.4040	2
Glutathione S-transferase Mu 2 protein, partial	A5PKM0_BOVIN	GSTM2	64	6	(164)LSYVDLFLVYDVLDMHR ⁽¹⁷⁹⁾	64	667.6595	3
Triosephosphate isomerase	TPIS_BOVIN	TPI1	706	58	(19)KNNLGELINTLNAAK ⁽³³⁾	58	806.9578	2
					(20)NNLGELINTLNAAK ⁽³³⁾	64	742.8695	2
					(70)VANGAFTGEISPGMIK ⁽⁸⁵⁾	63	804.4075	2
					(86)DLGATWVVLGHSER ⁽⁹⁹⁾	111	770.3820	2

					(101)HVFGESEDELIGQK ⁽¹¹³⁾	71	729.8350	2
					(114)VAHALAEGLGVIACIGEK ⁽¹³¹⁾	59	603.3300	3
					(161)VVLAYEPVWAIGTGK ⁽¹⁷⁵⁾	72	801.9231	2
					(176)VVLAYEPVWAIGTGK ⁽¹⁸⁸⁾	60	733.8673	2
					(195)SNVSDAVAQSAR ⁽²⁰⁶⁾	72	602.3138	2
					(195)SNVSDAVAQSAR ⁽²⁰⁶⁾	72	602.8049	2
					(220)ELASQPDVDGFLVGGASLKPEFVDIINAK ⁽²⁴⁸⁾	76	1010.5370	3
Phosphoglycerate mutase 2	PGAM2_BOVIN	PGAM2	121	17	(196)HLEGMSDQAIMELNLPTGIPIVYELDQALKPTKP ⁽²³¹⁾	56	820.2192	5
					(232)FLGDEETVR ⁽²⁴⁰⁾	65	533.2656	2
Fructose-bisphosphate aldolase A	A6QLL8_BOVIN	ALDOA	136	7	(61)QLLLTADDR ⁽⁶⁹⁾	69	522.7874	2
					(154)IGEHTPSSLAIMENANVLR ⁽¹⁷³⁾	67	713.6997	3
Myosin light chain 1/3, skeletal muscle isoform	MYL1_BOVIN	MYL1	305	29	(48)QQQDEFKEAFLLFDR ⁽⁶²⁾	60	638.6476	3
					(48)QQQDEFKEAFLLFDR ⁽⁶²⁾	73	957.9739	2
					(68)ITLSQVGDVLR ⁽⁷⁸⁾	98	600.8501	2
					(68)ITLSQVGDVLR ⁽⁷⁸⁾	85	601.2285	2
					(106)IEFEQFLPMLQAISNNKDQGTIEDFVEGLR ⁽¹³⁵⁾	61	1183.2441	3
					(123)DQGTIEDFVEGLR ⁽¹³⁵⁾	74	764.8279	2
Heat shock protein beta-1	HSPB1_BOVIN	HSPB1	544	51	(29)LFDQAFGLPR ⁽³⁸⁾	60	582.2752	2
					(29)LFDQAFGLPR ⁽³⁸⁾	60	582.6849	2
					(58)ALPAAAIEGPAYNR ⁽⁷¹⁾	76	707.3525	2
					(58)ALPAAAIEGPAYNR ⁽⁷¹⁾	86	707.3788	2
					(76)QLSSGVSEIQQTADR ⁽⁹⁰⁾	97	809.9084	2
					(93)VSLDVNHFAPEELTVK ⁽¹⁰⁸⁾	61	899.4658	2
					(137)KYTLPPGVDPTLVSSSLSPGTLTVEAPLPK ⁽¹⁶⁷⁾	89	1065.2490	3
					(138)YTLPPGVDPTLVSSSLSPGTLTVEAPLPK ⁽¹⁶⁷⁾	79	1022.5516	3
					(168)SATQSAEITIPVTFQAR ⁽¹⁸⁴⁾	73	910.4742	2
Fast-twitch myosin light chain 1, partial	MYL1_BOVIN	MYL1	305	33	(24)QQQDEFKEAFLLFDR ⁽³⁸⁾	60	638.6476	3
					(24)QQQDEFKEAFLLFDR ⁽³⁸⁾	73	957.9739	2
					(44)ITLSQVGDVLR ⁽⁵⁴⁾	98	600.8501	2
					(44)ITLSQVGDVLR ⁽⁵⁴⁾	85	601.2285	2
					(82)IEFEEFLPMLQAISNNKDQGTIEDFVEGLR ⁽¹¹¹⁾	61	1183.2441	3

Banda 26

					⁽⁹⁹⁾ DQGTIEDFVEGLR ⁽¹¹¹⁾	74	764.8279	2
Fructose-bisphosphate aldolase A	A6QLL8_BOVIN	ALDOA	89	3	⁽²⁹⁾ GILAADESTGSIK ⁽⁴²⁾	89	666.8508	2
Creatine kinase M-type	KCRM_BOVIN	CKM	77	3	⁽¹⁵⁷⁾ LSVEALNSLTGEFK ⁽¹⁷⁰⁾	78	754.4055	2
Flavin reductase (NADPH)	BLVRB_BOVIN	BLVRB	78	7	⁽⁶⁴⁾ TVAGQDAVIVLLGTR ⁽⁷⁸⁾	78	756.9450	2
Mitochondrial peptide methionine sulfoxide reductase	MSRA_BOVIN	MSRA	62	6	⁽¹⁸⁰⁾ VLSEHGFGGLITDIR ⁽¹⁹⁴⁾	62	553.2973	3
Myosin light chain 6B	Q148H2_BOVIN	MYL6B	64	5	⁽¹⁴⁴⁾ GSYQDYLEGLR ⁽¹⁵⁴⁾	64	650.8121	2
Triosephosphate isomerase	TPIS_BOVIN	TPI1	412	34	⁽²⁰⁾ NNLGELINTLNAK ⁽³³⁾	66	743.3998	2
					⁽⁷⁰⁾ VANGAFTGEISPGMIK ⁽⁸⁵⁾	61	804.4038	2
					⁽⁸⁶⁾ DLGATWVVLGHSEK ⁽⁹⁹⁾	85	770.4019	2
					⁽¹⁰¹⁾ HVFGESDELIGQK ⁽¹¹³⁾	67	729.8627	2
					⁽¹¹⁴⁾ VAHALAEGLVACIGEK ⁽¹³¹⁾	67	603.3276	3
					⁽¹⁹⁵⁾ SNVSDAVAQ SAR ⁽²⁰⁶⁾	66	602.7952	2
Myosin light polypeptide 6	MYL6_BOVIN	MYL6	143	10	⁽⁹⁵⁾ VFDKEGNGTVMGAEIR ⁽¹¹⁰⁾	81	580.2717	3
					⁽⁹⁹⁾ EGNGTVMGAEIR ⁽¹¹⁰⁾	62	625.2950	2
Myosin light chain 3	MYL3_BOVIN	MYL3	249	14	⁽⁸⁶⁾ ALGQNPTQAEVLR ⁽⁹⁸⁾	107	698.8820	2
					⁽¹⁴³⁾ VFDKEGNGTVMGAEIR ⁽¹⁵⁸⁾	81	580.2717	3
					⁽¹⁴⁷⁾ EGNGTVMGAEIR ⁽¹⁵⁸⁾	62	625.2950	2
Myosin light chain 1/3, skeletal muscle isoform	MYL1_BOVIN	MYL1	608	52	⁽⁹⁾ KPAAAAAPAPAPAPAPAPAPPK ⁽³²⁾	78	700.0645	3
					⁽⁹⁾ KPAAAAAPAPAPAPAPAPAPPK ⁽³⁵⁾	93	621.5900	4
					⁽⁹⁾ KPAAAAAPAPAPAPAPAPAPPK ⁽³⁵⁾	93	621.8291	4
					⁽⁹⁾ KPAAAAAPAPAPAPAPAPAPPK ⁽³⁵⁾	102	828.7880	3
					⁽⁴⁸⁾ QQQDEFKEAFLFDR ⁽⁶²⁾	60	638.6432	3
					⁽⁶⁸⁾ ITLSQVGDVLR ⁽⁷⁸⁾	61	600.3350	2
					⁽⁶⁸⁾ ITLSQVGDVLR ⁽⁷⁸⁾	90	600.8395	2
					⁽⁶⁸⁾ ITLSQVGDVLR ⁽⁷⁸⁾	61	600.8439	2
					⁽⁶⁸⁾ ITLSQVGDVLR ⁽⁷⁸⁾	73	600.8488	2
					⁽⁶⁸⁾ ITLSQVGDVLR ⁽⁷⁸⁾	61	600.8497	2
					⁽⁶⁸⁾ ITLSQVGDVLR ⁽⁷⁸⁾	85	601.2362	2
					⁽⁶⁸⁾ ITLSQVGDVLR ⁽⁷⁸⁾	61	601.3330	2

					(105)KIEFEQFLPMLQAISNNK ⁽¹²²⁾	58	722.6834	3
					(123)DQGTIEDFVEGLR ⁽¹³⁵⁾	78	764.8367	2
					(123)DQGTIEDFVEGLR ⁽¹³⁵⁾	65	764.8542	2
					(136)VFDKEGNGTVMGAELR ⁽¹⁵¹⁾	81	580.2717	3
					(140)EGNGTVMGAELR ⁽¹⁵¹⁾	62	625.2950	2
Heat shock protein beta-1	HSPB1_BOVIN	HSPB1	159	22	(58)ALPAAAIIEGPAYNR ⁽⁷¹⁾	80	707.3595	2
					(137)KYTLPPGVDPTLVSSSLSPGTLTVEAPLPK ⁽¹⁶⁷⁾	79	1065.2498	3
Banda 27								
Glutathione S-transferase P	GSTP1_BOVIN	GSTP1	75	7	(56)FQDGLTLYQSNAILR ⁽⁷¹⁾	75	927.4785	2
PDZ and LIM domain protein 7	PDLI7_BOVIN	PDLIM7	71	2	(6)VVLEGPAPWGFR ⁽¹⁷⁾	71	664.3618	2
Peroxiredoxin-2	PRDX2_BOVIN	PRDX2	83	8	(94)EGGLGPLNIPLLDVTR ⁽¹¹⁰⁾	83	867.9973	2
Fast skeletal troponin I	F8SWQ8_BOVIN		263	17	(20)SVMLQIAATELEK ⁽³²⁾	72	724.8889	2
					(20)SVMLQIAATELEKEEGR ⁽³⁶⁾	82	640.6646	3
					(72)IDAAEEEEKYDMEIR ⁽⁸⁵⁾	102	576.5864	3
					(72)IDAAEEEEKYDMEIR ⁽⁸⁵⁾	108	576.5934	3
					(72)IDAAEEEEKYDMEIR ⁽⁸⁵⁾	86	576.5956	3
					(72)IDAAEEEEKYDMEIR ⁽⁸⁵⁾	68	576.5956	3
					(72)IDAAEEEEKYDMEIR ⁽⁸⁵⁾	100	576.5960	3
					(72)IDAAEEEEKYDMEIR ⁽⁸⁵⁾	109	864.3947	2
					(72)IDAAEEEEKYDMEIR ⁽⁸⁵⁾	79	864.3974	2
					(72)IDAAEEEEKYDMEIR ⁽⁸⁵⁾	87	864.4000	2
Myosin light chain 1/3, skeletal muscle isoform	MYL1_BOVIN	MYL1	162	12	(68)ITLSQVGDVLR ⁽⁷⁸⁾	99	600.8320	2
					(123)DQGTIEDFVEGLR ⁽¹³⁵⁾	63	764.8508	2
Adenylate kinase isoenzyme 1	KAD1_BOVIN	AK1	304	24	(32)YGYTHLSTGDLLR ⁽⁴⁴⁾	90	499.2481	3
					(32)YGYTHLSTGDLLR ⁽⁴⁴⁾	77	748.3838	2
					(64)GQLVPLETVLDMLR ⁽⁷⁷⁾	86	800.4159	2
					(64)GQLVPLETVLDMLR ⁽⁷⁷⁾	64	800.4442	2
					(64)GQLVPLETVLDMLR ⁽⁷⁷⁾	70	800.4457	2
					(64)GQLVPLETVLDMLR ⁽⁷⁷⁾	70	800.9455	2
					(109)IAQPTLLLYVDAGPETMTK ⁽¹²⁷⁾	56	1039.0586	2
					(109)IAQPTLLLYVDAGPETMTKR ⁽¹²⁸⁾	74	745.0667	3

Banda 28

Alpha-crystallin B chain	CRYAB_BOVIN	CRYAB	61	14	⁽¹²⁴⁾ IPADVDP LAITSSLS SDGVLTVNGPR ⁽¹⁴⁹⁾	61	865.4627	3
Phosphatidylethanolamine-binding protein 1	PEBP1_BOVIN	PEBP1	171	18	⁽⁶³⁾ LYTLVLTDPDAPSR ⁽⁷⁶⁾	71	780.9211	2
Myosin light chain 1/3, skeletal muscle isoform	MYL1_BOVIN	MYL1	129	19	⁽⁹⁴⁾ GNNISSGTVLSDYVGS GPPK ⁽¹¹³⁾	100	974.9902	2
Beta-enolase	ENOB_BOVIN	ENO3	140	8	⁽⁹⁾ KPAAAAAPAPAPAPAPAPAPAPPKEEK ⁽³⁵⁾	64	621.8421	3
					⁽⁶⁸⁾ ITLSQVGDVLR ⁽⁷⁸⁾	66	600.8511	2
					⁽³³⁾ AAVPSGASTGIYEALRL ⁽⁵⁰⁾	68	902.9811	2
					⁽¹⁶³⁾ LAMQEFMILPVGASSFR ⁽¹⁶⁹⁾	73	964.9929	2
Troponin I, fast skeletal muscle	A5PJM2_BOVIN	TNNI2	139	14	⁽²⁰⁾ SVMLQIAATELEK ⁽³²⁾	59	724.8908	2
					⁽⁷²⁾ IDAAEEEEKYDMEIR ⁽⁸⁵⁾	81	576.5953	3

Banda 29

Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase	G3P_BOVIN	GAPDH	59	4	⁽¹⁹⁹⁾ GAAQNIIPASTGAAK ⁽²¹³⁾	59	685.3747	2
Cofilin-1	COF1_BOVIN	CFL1	58	6	⁽⁸²⁾ YALYDATYETK ⁽⁹²⁾	58	669.3154	2
Fast-twitch myosin light chain 1, partial	MYL1_BOVIN	MYL1	83	6	⁽⁴⁴⁾ ITLSQVGDVLR ⁽⁵⁴⁾	83	600.8503	2
Myoglobin	MYG_BOVIN	MB	105	9	⁽⁶⁵⁾ HGNTVLTALGGILK ⁽⁷²⁾	105	697.4137	2
Myosin light chain 1/3, skeletal muscle isoform	MYL1_BOVIN	MYL1	83	5	⁽⁶⁸⁾ ITLSQVGDVLR ⁽⁷⁸⁾	83	600.8503	2
PREDICTED: LIM domain-binding protein 3 isoform X5	Q3ZBC9_BOVIN	LDB3	104	4	⁽¹⁰⁸⁾ VVANSPANADYQER ⁽¹²¹⁾	104	767.3702	2
Myosin regulatory light chain 2, ventricular/cardiac muscle isoform	MLRV_BOVIN	MYL2	211	30	⁽⁵⁹⁾ VNVKNEEIDEMLK ⁽⁷¹⁾	80	788.8990	2
					⁽¹¹⁶⁾ ADYIKEMLT TQAER ⁽¹²⁹⁾	75	562.2722	3
					⁽¹³⁰⁾ FSKEEIDQMFAAFPPDVTGNLDYK ⁽¹⁵³⁾	55	926.7712	3
Creatine kinase M-type	KCRM_BOVIN	CKM	237	10	⁽³²⁰⁾ RGTGGVD TAAVGSVFDVSNADR ⁽³⁴¹⁾	75	717.6831	3
					⁽³²¹⁾ GTGGVD TAAVGSVFDVSNADR ⁽³⁴¹⁾	85	997.9826	2
					⁽³⁴²⁾ LGSSEVEQVQLVVDGVK ⁽³⁵⁸⁾	78	893.4883	2
TPA: fast skeletal muscle troponin C	TNNC1_BOVIN	TNNC1 TNNC	216	37	⁽¹¹⁾ SYLSEEMIAEFK ⁽²²⁾	70	731.8351	2
					⁽²³⁾ AAFDMFDADGGGDISVK ⁽³⁹⁾	73	866.3835	2
					⁽²³⁾ AAFDMFDADGGGDISVK ⁽³⁹⁾	87	866.3840	2
					⁽²³⁾ AAFDMFDADGGGDISVK ⁽³⁹⁾	75	866.3848	2
					⁽⁹¹⁾ GKTEEELAECFR ⁽¹⁰²⁾	59	734.8419	2

Banda 30

PDZ and LIM domain protein 3	PDLI3_BOVIN	PDLIM3	83	4	(17)LSGGIDFNQPLVITR ⁽³¹⁾	83	815.4572	2
Troponin C, slow skeletal and cardiac muscles	TNNC1_BOVIN	TNNC1	64	7	(107)NADGYIDLEELK ⁽¹¹⁸⁾	64	690.3381	2
Myoglobin	MYG_BOVIN	MB	232	18	(18)VEADVAGHGQEVLR ⁽³²⁾	126	796.8970	2
					(18)VEADVAGHGQEVLR ⁽³²⁾	65	531.6120	3
					(18)VEADVAGHGQEVLR ⁽³²⁾	87	531.6123	3
					(18)VEADVAGHGQEVLR ⁽³²⁾	77	531.6129	3
					(18)VEADVAGHGQEVLR ⁽³²⁾	81	531.6133	3
					(18)VEADVAGHGQEVLR ⁽³²⁾	69	531.6135	3
					(18)VEADVAGHGQEVLR ⁽³²⁾	65	531.6136	3
					(18)VEADVAGHGQEVLR ⁽³²⁾	89	531.6137	3
					(18)VEADVAGHGQEVLR ⁽³²⁾	80	796.9232	2
					(18)VEADVAGHGQEVLR ⁽³²⁾	64	796.9271	2
					(18)VEADVAGHGQEVLR ⁽³²⁾	65	531.9389	3
					(18)VEADVAGHGQEVLR ⁽³²⁾	69	531.9615	3
					(65)HGNTVLTALGGILK ⁽⁷⁸⁾	83	697.3679	2
					(65)HGNTVLTALGGILK ⁽⁷⁸⁾	106	697.3913	2
					(65)HGNTVLTALGGILK ⁽⁷⁸⁾	81	697.4117	2
Myosin regulatory light chain 2, skeletal muscle isoform	MLRS_BOVIN	MYLPF	294	21	(43)DGIIDKEDLR ⁽⁵²⁾	78	587.2977	2
					(92)LKGADPEDVITGAFK ⁽¹⁰⁶⁾	82	587.2977	2
					(94)GADPEDVITGAFK ⁽¹⁰⁶⁾	70	660.3212	2
					(120)FLEELLTTQCDR ⁽¹³¹⁾	64	762.8741	2
Banda 33								
PDZ and LIM domain protein 3	PDLI3_BOVIN	PDLIM3	104	4	(17)LSGGIDFNQPLVITR ⁽³¹⁾	104	815.453	2
Myoglobin	MYG_BOVIN	MB	336	28	(18)VEADVAGHGQEVLR ⁽³²⁾	97	531.2741	3
					(18)VEADVAGHGQEVLR ⁽³²⁾	97	531.6104	3
					(18)VEADVAGHGQEVLR ⁽³²⁾	112	796.9243	2
					(18)VEADVAGHGQEVLR ⁽³²⁾	60	531.9419	2
					(65)HGNTVLTALGGILK ⁽⁷⁸⁾	104	697.4115	2
					(120)HPSDFGADAQAAMSK ⁽¹³⁴⁾	120	774.8426	2
Myosin regulatory light chain 2,	MLRS_BOVIN	MYLPF	140	8	(92)LKGADPEDVITGAFK ⁽¹⁰⁶⁾	70	780.9189	2

skeletal muscle isoform					(94)GADPEDVITGAFK ⁽¹⁰⁶⁾	70	660.3265	2	
Banda 34									
ATP synthase subunit delta, mitochondrial	ATPD_BOVIN	ATP5D	67	8	(137)AQSELLGADEATR ⁽¹⁵⁰⁾	67	716.3605	2	
Creatine kinase M-type	KCRM_BOVIN	CKM	66	5	(321)GTGGVDTAAVGSVFDVSNADR ⁽³⁴¹⁾	66	997.9815	2	
Hemoglobin subunit beta	HBB_BOVIN	HBB	60	8	(120)EFTPVLQADFQK ⁽¹³¹⁾	60	711.8707	2	
Protein cuta	CUTA_BOVIN	CUTA	76	7	(122)TQSSLVPALTDVFR ⁽¹³⁵⁾	76	767.4201	2	
Myosin light polypeptide 6	MYL6_BOVIN	MYL6	148	10	(95)VFDKEGNGTVMGAEIR ⁽¹¹⁰⁾	68	580.2830	3	
					(95)VFDKEGNGTVMGAEIR ⁽¹¹⁰⁾	84	869.9286	2	
					(99)EGNGTVMGAEIR ⁽¹¹⁰⁾	64	625.2961	2	
Myosin light chain 1/3, skeletal muscle isoform	MYL1_BOVIN	MYL1	385	27	(68)ITLSQVGDVLR ⁽⁷⁸⁾	93	600.8066	2	
					(68)ITLSQVGDVLR ⁽⁷⁸⁾	71	600.8488	2	
					(68)ITLSQVGDVLR ⁽⁷⁸⁾	85	600.8502	2	
					(68)ITLSQVGDVLR ⁽⁷⁸⁾	93	601.2264	2	
					(92)VLGNPSNEEMNAK ⁽¹⁰⁴⁾	63	709.8334	2	
					(123)DQGTIEDFVEGLR ⁽¹³⁵⁾	81	764.8538	2	
					(136)VFDKEGNGTVMGAELR ⁽¹⁵¹⁾	68	580.2830	3	
					(136)VFDKEGNGTVMGAELR ⁽¹⁵¹⁾	84	869.9286	2	
					(140)EGNGTVMGAELR ⁽¹⁵¹⁾	64	625.2961	2	
Banda 35									
Cytochrome c oxidase subunit 5A, mitochondrial	COX5A_BOVIN	COX5A	73	5	(101)LNDFASAVR ⁽¹⁰⁹⁾	73	496.7580	2	
Galectin-1	LEG1_BOVIN	LGALS1	70	11	(113)LNLEAINYL SAGGDFK ⁽¹²⁸⁾	70	862.9509	2	
Myosin light chain 1/3, skeletal muscle isoform	MYL1_BOVIN	MYL1	79	5	(68)ITLSQVGDVLR ⁽⁷⁸⁾	79	600.8499	2	
Thioredoxin	THIO_BOVIN	TXN	82	12	(9)YAFQEALNSAGEK ⁽²¹⁾	82	714.3444	2	
Hemoglobin subunit beta	HBB_BOVIN	HBB	323	37	(19)VDEVGGEALGR ⁽²⁹⁾	69	551.2799	2	
					(40)FFESFGDLSTADAVMNNPK ⁽⁵⁸⁾	73	1053.4839	2	
					(120)EFTPVLQADFQK ⁽¹³¹⁾	73	711.8558	2	
					(132)VVAGVANALHR ⁽¹⁴³⁾	110	589.3333	2	