

ЗАКЛЮЧЕНИЕ СПЕЦИАЛИСТА

химическое исследование (экспертиза)

№280414/1Э

от «06» мая 2014 г.

«29» апреля 2014 г., 10 час. 00 мин.
(дата, время начала производства экспертизы)

«06» мая 2014 г., 17 час. 00 мин.
(дата, время окончания производства экспертизы)

г. Москва
(место производства экспертизы)

Основание производства исследования:

Договор на проведение химического исследования (экспертизы) № 280414/1Э от «28» апреля 2014 г. между Черкасовым Романом Ивановичем и ООО «Центр химических исследований».

Специалисты, выполнившие исследование:

Топилин Сергей Васильевич

Жилкин Сергей Юрьевич

ВВОДНАЯ ЧАСТЬ

1. «28» апреля 2014 года в ООО «Центр химических исследований» поступил запрос Черкасова Романа Ивановича на проведение химического исследования (экспертизы) лекарственных препаратов содержащих активное действующее вещество - соматропин.

2. При запросе на исследование представлены материалы:

1. Гормон роста «Hygetropin, 8IU», сер. 20130701, в количестве 2 флакона.
2. Гормон роста «Somatropin 191 AA, 10 IU» Canadapeptides, в количестве 2 флакона.

3. При проведении физико-химического исследования были поставлены следующие задачи:

1. Определение подлинности соматропина.
2. Определение содержания родственных белков.
3. Количественное определение содержания белка (соматропина).

4. Проведение исследования поручено:

Топилину Сергею Васильевичу.

Сведения о специалисте: химик – судебный эксперт, имеющий высшее химическое образование (Диплом Ростовского государственного университета ДВС №0886528, 2001 г), сертифицирован в качестве негосударственного судебного эксперта (Сертификат соответствия №003558 Палаты судебных экспертов по специальности: «Основы судебной экспертизы», 2012г.), свидетельство о повышении квалификации по программе «Повышение квалификации специалистов, ответственных за качество, упаковку и маркировку лекарственных средств, в т.ч. уполномоченных лиц», прошедшему стажировку на кафедре организации производства и реализации лекарственных средств фармацевтического факультета Первого Московского государственного медицинского университета имени И. М. Сеченова, стаж работы по специальности – 11 лет;

Жилкину Сергею Юрьевичу.

Сведения о специалисте: - инженер, имеющий высшее техническое образование (Диплом Московского Энергетического института, ВСГ 0200648, 2006 г). Стаж работы по специальности – 7 лет.

5. Сведения об организации:

Общество с ограниченной ответственностью «Центр химических исследований» (ООО «ЦХИ») зарегистрировано в установленном порядке. Свидетельство о государственной регистрации организации выдано

Межрайонной инспекцией Федеральной налоговой службы №46 по г. Москве Москве (ОГРН 1137746231314).

ООО «Центр химических исследований» осуществляет деятельность на основании Устава и действующего законодательства Российской Федерации. Проведение химических исследований (экспертиз) является уставной деятельностью организации.

Юридический адрес: 115172, г. Москва, ул. М. Каменщики, д. 18, стр. 16

Телефон: 8(499)390-40-13, +7(926)138-67-35. Интернет-сайт: центр-химических-исследований.рф. Адрес электронной почты: ckkls@yandex.ru, s.shilkin82@yandex.ru

6. Перечень использованной литературы:

При исследовании и разработке методик использовались методы изложенный в следующей специальной литературе:

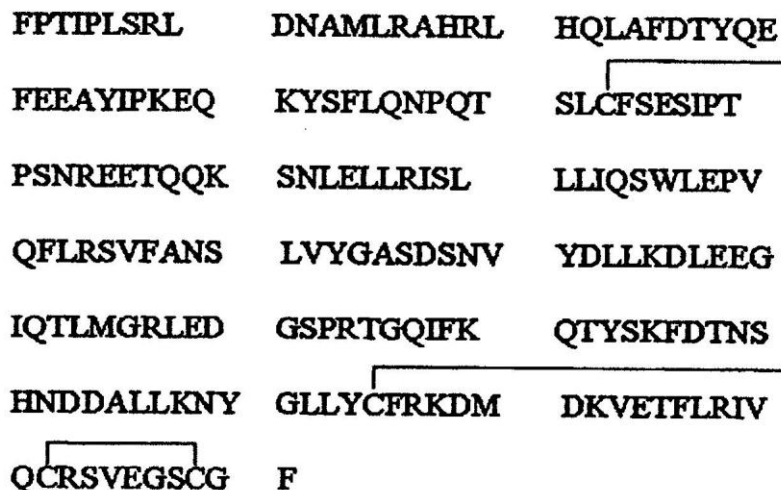
1. База данных Mascot, www.matrixscience.com
2. USP 29 Monograph. Somatropin.

7. Перечень оборудования:

- MALDI-времяпролетный масс-спектрометр Ultraflexxtreme BRUKER (Германия)
- ВЭЖХ / хроматомасс спектрометр Agilent 1200 Series.
- УФ-ВИД Спектрофотометр Varian «Cary-100».
- Весы лабораторные Ohaus RV 313.
- рН-метр МЕТРОНМ «827 pH lab»

ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКАЯ ЧАСТЬ

Соматропин (гормон роста человека) - одноцепочечный полипептид, состоящий из 191 аминокислотного остатка. Имеет следующее химическое строение:



Эмпирическая формула соматропина: $C_{990}H_{1528}N_{262}O_{300}S_7$. Молекулярная масса: 22125 Да.

1. Определение подлинности соматропина.

Для идентификация соматропина проводили триптический гидролиз белка, образец «Hugetropin» наносили на мишени, и проводили масс-спектрометрический анализ методом времяпролетной MALDI, с последующим поиском полученных молекулярных масс пептидов в программе Mascot, с целью отнесения их к пептидам определенного вида белка.

Триптический гидролиз белка: К 2 мкл раствора белка прибавляли 10 мкл раствора модифицированного трипсина (Promega) с концентрацией 25 мкг/мл в 0.05 М NH_4HCO_3 . Гидролиз проводили в течение 30 мин при 37°C, затем к раствору добавляли 7 мкл 0.5% ТФУ в 50% растворе водного ацетонитрила и тщательно перемешивали. Раствор использовали для получения MALDI-масс-спектров.

Подготовка образцов для масс-спектрометрии. На мишени смешивали по 2 мкл раствора образца и 0.5 мкл раствора 2,5-дигидроксibenзойной кислоты (Aldrich, 10 мг/мл в 20% водном ацетонитриле, 0.5% ТФУ), полученную смесь высушивали на воздухе.

Масс-спектры были получены на MALDI времяпролетном масс-спектрометре Ultraflextreme BRUKER (Германия), оснащенном УФ лазером (Nd) в режиме положительных ионов с использованием рефлектрона; точность измеренных моноизотопных масс после докалибровки по пикам автолиза трипсина составляла 0.007 % (70 ppm). Спектры получали в диапазоне масс 500-4500 m/z, выбирая мощность лазера оптимальную для достижения наилучшего разрешения.

Идентификация белков. Осуществляли при помощи программы Mascot. Масс-спектры были обработаны с помощью программного пакета FlexAnalysis 3.3 (Bruker Daltonics, Германия). При помощи программы Mascot (опция «пептидный фингерпринт») провели поиск в базе данных NCBI среди белков всех организмов с указанной выше точностью, с учетом возможного окисления метионинов кислородом воздуха. Кандидатные белки, имеющие параметр достоверности score >88 в базе данных NCBI считали определенными надежно (p<0.05).

Результаты анализа. Согласно поиску по базе данных, представленный препарат представляет собой заявленный гормон роста человека (191 аминокислота массой 22125 Да) без примесей других белков. Структура белка набирается полностью.

Препарат «Somatropin 191 AA» Canadapeptides сравнивали с препаратом «Hygetropin». В нижеприведенных условиях хроматографирования (определение содержания родственных белков) было обнаружено, что оба образца имеют одинаковое время удерживания. Результаты деконволюции для образца «Hygetropin» – 22146,1, для образца «Somatropin 191 AA» Canadapeptides – 22143,2, что свидетельствует о том, что данный препарат идентичен препарату «Hygetropin» по своему составу.

2. Определение содержания родственных белков.

Определение проводили методом обращеннофазовой ВЭЖХ. К содержимому флакона прибавляли 2,5 мл 0.05 М трис-буферного раствора гидрохлорида с pH 7,5 и перемешивали до растворения. Перед началом определения хроматографическую колонку промывали 0,1% раствором трифторуксусной кислоты в 50% растворе ацетонитрила

Условия хроматографирования. Колонка из нержавеющей стали - 250 x 4,6 мм, заполненная бутилсилилизированным силикагелем Jupiter 300 C₄, с диаметром пор 30 нм и размером частиц 5 мкм. Подвижная фаза – смесь 29 частей пропанола и 71 части 0.05 М трис-буферного раствора гидрохлорида с pH 7,5. Детектор УФ 220 нм. Скорость подвижной фазы 0,5

мл/мин. Объем вводимой пробы 20 мкл. Температура термостата колонки – 45 °С.

Результаты анализа. На хроматограммах с УФ – детектором обеих препаратов наблюдается пик одного вещества, что в совокупности с данными полученные методом MALDI говорит о высокой степени чистоты и об отсутствии родственных белков в составе продукта. На хроматограммах с ELSD – наблюдается пик второго вещества – являющегося глицином.

3. Количественное определение содержания белка (соматропина).

Готовили 0,025 М раствор одноосновного калия фосфата, доводя рН гидроокисью натрия до 7,0. Образец количественно переносили в мерную колбу на 5 мл и растворяли в приготовленном буферном растворе.

Измеряли оптическая плотность при длинах волн 280 нм и 320 нм и длине оптического пути 1 см против раствора сравнения (буферный раствор).

Расчет проводили по формуле [2]:

$$V(A_{280} - A_{320})/0,82$$

Полученное количество общего белка равняется для препарата «Hygetropin, 8IU», сер. 20130701 - 3,2 мг на флакон. Для препарата «Somatropin 191 AA, 10 IU» Canadapeptides – 4,3 мг на флакон.

ВЫВОД

По результатам проведенного исследования специалист приходит к следующему заключению:

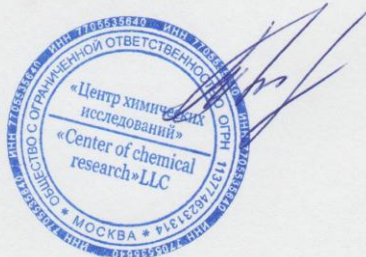
1. Представленные на исследование препараты «Hygetropin, 8 IU», сер. 20130701 и «Somatropin 191 AA, 10 IU» Canadapeptides содержат в своем составе заявленный гормон роста человека – соматропин.

2. Представленные на исследование препараты «Hygetropin, 8 IU», сер. 20130701 и «Somatropin 191 AA, 10 IU» Canadapeptides не содержат примесей других белков.

3. Количественное содержания белка (соматропина) в препарате «Hygetropin, 8 IU» сер. 20130701 составляет 3,2 мг на флакон (что соответствует 9,6 IU). Количественное содержания белка (соматропина) в препарате «Somatropin 191 AA, 10 IU» Canadapeptides составляет 4,3 мг на флакон (что соответствует 12,9 IU).

Специалист
Специалист

Специалист

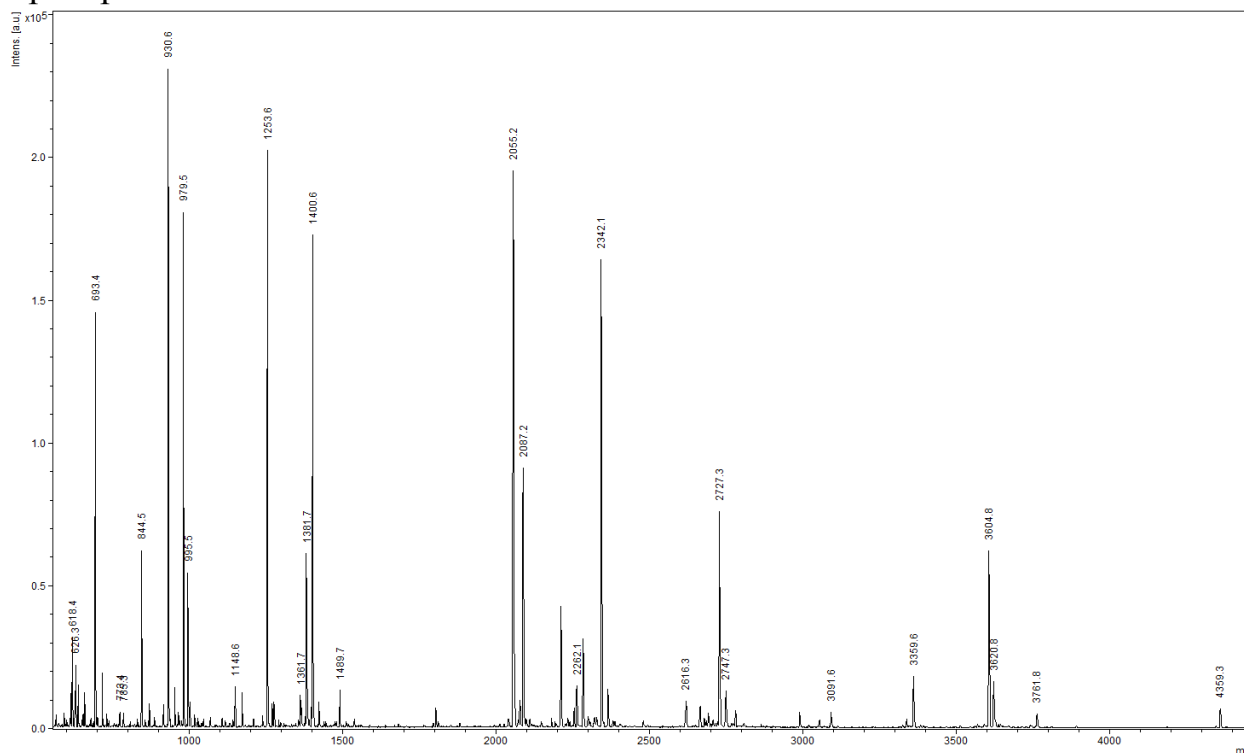


С.В. Топилин
Топилин С.В.

С.Ю. Жилкин

Приложения:

Приложение 1. Масс-спектр трипсического гидролизата выделенного белка препарата.



Приложение 2. Сопоставление с базой данных Mascot.

MATRIX SCIENCE Mascot Search Results

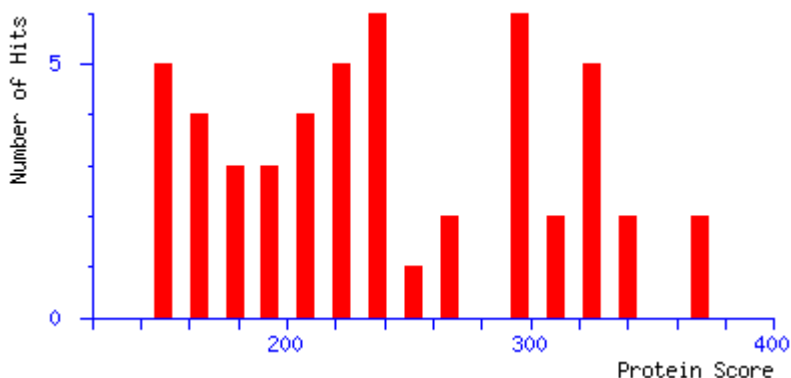
Database : NCBIInr 20140220 (36984152 sequences; 13075283088 residues)
 Timestamp : 30 Apr 2014 at 09:06:05 GMT
 Top Score : 369 for **gi|2781338**, Chain A, 1:2 Complex Of Human Growth Hormone With Its Soluble Binding Protein

	NCBIInr	Decoy
Protein hits above identity threshold	52	0
Highest scoring protein hit	369	85

Mascot Score Histogram

Protein score is $-10 \cdot \log(P)$, where P is the probability that the observed match is a random event.

Protein scores greater than 88 are significant ($p < 0.05$).



Overview Table

Click on column header to jump to entry in results list.
 Move mouse over any indicator to highlight identical peptides.
 Click on an indicator to see details of individual match.
 Use check boxes to select sub-set of queries for new search.

Mouse over:

Hit:	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
<input checked="" type="checkbox"/> 618.3510 (1+)	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>
<input checked="" type="checkbox"/> 626.3285 (1+)	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>
<input checked="" type="checkbox"/> 693.4030 (1+)	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>
<input checked="" type="checkbox"/> 773.3829 (1+)	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>
<input checked="" type="checkbox"/> 785.3133 (1+)	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>
<input checked="" type="checkbox"/> 844.4897 (1+)	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>
<input checked="" type="checkbox"/> 930.5503 (1+)	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
<input checked="" type="checkbox"/> 979.5110 (1+)	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>
<input checked="" type="checkbox"/> 995.5014 (1+)	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>
<input checked="" type="checkbox"/> 1148.5569 (1+)	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>
<input checked="" type="checkbox"/> 1253.6293 (1+)	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>
<input checked="" type="checkbox"/> 1361.6731 (1+)	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>
<input checked="" type="checkbox"/> 1381.7177 (1+)	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>
<input checked="" type="checkbox"/> 1400.6427 (1+)	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
<input checked="" type="checkbox"/> 1489.6977 (1+)	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>
<input checked="" type="checkbox"/> 2055.2103 (1+)	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>
<input checked="" type="checkbox"/> 2087.1987 (1+)	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
<input checked="" type="checkbox"/> 2262.1322 (1+)	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>

785.3133	784.3061	784.3062	-0.12	184 - 191	0	R.SVEGSCGF-
844.4897	843.4824	843.4814	1.24	71 - 77	0	K.SNLELLR.I
930.5503	929.5430	929.5334	10.3	1 - 8	0	-.FPTIPLSR.L
979.5110	978.5037	978.4957	8.23	9 - 16	0	R.LFDNAMLR.A
995.5014	994.4941	994.4906	3.51	9 - 16	0	R.LFDNAMLR.A + Oxidation (M)
1148.5569	1147.5496	1147.5484	1.06	159 - 167	0	K.NYGLLYCFR.K
1253.6293	1252.6220	1252.6122	7.89	169 - 178	1	K.DMDKVETFLR.I
1361.6731	1360.6658	1360.6656	0.11	116 - 127	0	K.DLEEGIQTLMGR.L
1381.7177	1380.7105	1380.7071	2.42	168 - 178	2	R.KDMDKVETFLR.I
1489.6977	1488.6904	1488.6845	4.01	146 - 158	0	K.FDTNSHNDDALLK.N
2055.2103	2054.2031	2054.1928	4.99	78 - 94	0	R.ISLLLLIQSWLEPVQFLR.S
2262.1322	2261.1249	2261.1216	1.47	95 - 115	0	R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLK.D
2342.1427	2341.1354	2341.1266	3.76	20 - 38	0	R.LHQLAFDITYQEFEEAYIPK.E
2616.2559	2615.2486	2615.2326	6.13	42 - 64	0	K.YSFLQNPQTSLCSFSESIPTPSNR.E
2727.3414	2726.3342	2726.3228	4.18	20 - 41	1	R.LHQLAFDITYQEFEEAYIPKEQK.Y
2747.3349	2746.3276	2746.3173	3.74	146 - 168	2	K.FDTNSHNDDALLKNYGLLYCFRK.D
3091.5558	3090.5485	3090.5199	9.26	17 - 41	2	R.AHRLHQLAFDITYQEFEEAYIPKEQK.Y
3359.6308	3358.6235	3358.5776	13.7	42 - 70	1	K.YSFLQNPQTSLCSFSESIPTPSNREETQQK.S
3604.8398	3603.8326	3603.7767	15.5	95 - 127	1	R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLKDLEEGIQTLMGR.L
3620.8358	3619.8285	3619.7716	15.7	95 - 127	1	R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLKDLEEGIQTLMGR.L + Oxidation (M)
4359.2758	4358.2686	4358.1376	30.0	95 - 134	2	R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLKDLEEGIQTLMGRLEDGSPR.T

No match to: 1400.6427, 2087.1987, 3761.8360

2. [gi|14582904](#) Mass: 22246 Score: 369 Expect: 4.7e-30 Matches: 25

human growth hormone [synthetic construct] >gi|208475|gb|AAC42099.1| growth hormone [synthetic construct] >gi|208528|gb|AAA72260.1| human growth hormone [synthetic construct]

Observed	Mr(expt)	Mr(calcd)	ppm	Start	End	Miss	Peptide
618.3510	617.3437	617.3319	19.1	180 - 184	0	R.IVQCR.S	
626.3285	625.3212	625.3071	22.5	142 - 146	0	K.QTYSK.F	
693.4030	692.3957	692.3857	14.4	136 - 141	0	R.TGQIFK.Q	
773.3829	772.3757	772.3715	5.36	129 - 135	0	R.LEDGSPR.T	
785.3133	784.3061	784.3062	-0.12	185 - 192	0	R.SVEGSCGF-	
844.4897	843.4824	843.4814	1.24	72 - 78	0	K.SNLELLR.I	
930.5503	929.5430	929.5334	10.3	2 - 9	0	M.FPTIPLSR.L	
979.5110	978.5037	978.4957	8.23	10 - 17	0	R.LFDNAMLR.A	
995.5014	994.4941	994.4906	3.51	10 - 17	0	R.LFDNAMLR.A + Oxidation (M)	
1148.5569	1147.5496	1147.5484	1.06	160 - 168	0	K.NYGLLYCFR.K	
1253.6293	1252.6220	1252.6122	7.89	170 - 179	1	K.DMDKVETFLR.I	
1361.6731	1360.6658	1360.6656	0.11	117 - 128	0	K.DLEEGIQTLMGR.L	
1381.7177	1380.7105	1380.7071	2.42	169 - 179	2	R.KDMDKVETFLR.I	
1489.6977	1488.6904	1488.6845	4.01	147 - 159	0	K.FDTNSHNDDALLK.N	
2055.2103	2054.2031	2054.1928	4.99	79 - 95	0	R.ISLLLLIQSWLEPVQFLR.S	
2262.1322	2261.1249	2261.1216	1.47	96 - 116	0	R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLK.D	
2342.1427	2341.1354	2341.1266	3.76	21 - 39	0	R.LHQLAFDITYQEFEEAYIPK.E	
2616.2559	2615.2486	2615.2326	6.13	43 - 65	0	K.YSFLQNPQTSLCSFSESIPTPSNR.E	
2727.3414	2726.3342	2726.3228	4.18	21 - 42	1	R.LHQLAFDITYQEFEEAYIPKEQK.Y	
2747.3349	2746.3276	2746.3173	3.74	147 - 169	2	K.FDTNSHNDDALLKNYGLLYCFRK.D	
3091.5558	3090.5485	3090.5199	9.26	18 - 42	2	R.AHRLHQLAFDITYQEFEEAYIPKEQK.Y	
3359.6308	3358.6235	3358.5776	13.7	43 - 71	1	K.YSFLQNPQTSLCSFSESIPTPSNREETQQK.S	
3604.8398	3603.8326	3603.7767	15.5	96 - 128	1	R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLKDLEEGIQTLMGR.L	
3620.8358	3619.8285	3619.7716	15.7	96 - 128	1	R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLKDLEEGIQTLMGR.L + Oxidation (M)	
4359.2758	4358.2686	4358.1376	30.0	96 - 135	2	R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLKDLEEGIQTLMGRLEDGSPR.T	

No match to: 1400.6427, 2087.1987, 3761.8360

3. [gi|515300](#) Mass: 21968 Score: 344 Expect: 1.5e-27 Matches: 24

Chain A, Human Growth Hormone And Extracellular Domain Of Its Receptor: Crystal Structure Of The Complex

Observed	Mr(expt)	Mr(calcd)	ppm	Start	End	Miss	Peptide
618.3510	617.3437	617.3319	19.1	179 - 183	0	R.IVQCR.S	
626.3285	625.3212	625.3071	22.5	141 - 145	0	K.QTYSK.F	
693.4030	692.3957	692.3857	14.4	135 - 140	0	R.TGQIFK.Q	
773.3829	772.3757	772.3715	5.36	128 - 134	0	R.LEDGSPR.T	
844.4897	843.4824	843.4814	1.24	71 - 77	0	K.SNLELLR.I	
930.5503	929.5430	929.5334	10.3	1 - 8	0	-.FPTIPLSR.L	
979.5110	978.5037	978.4957	8.23	9 - 16	0	R.LFDNAMLR.A	
995.5014	994.4941	994.4906	3.51	9 - 16	0	R.LFDNAMLR.A + Oxidation (M)	
1148.5569	1147.5496	1147.5484	1.06	159 - 167	0	K.NYGLLYCFR.K	
1253.6293	1252.6220	1252.6122	7.89	169 - 178	1	K.DMDKVETFLR.I	
1361.6731	1360.6658	1360.6656	0.11	116 - 127	0	K.DLEEGIQTLMGR.L	
1381.7177	1380.7105	1380.7071	2.42	168 - 178	2	R.KDMDKVETFLR.I	
1489.6977	1488.6904	1488.6845	4.01	146 - 158	0	K.FDTNSHNDDALLK.N	
2055.2103	2054.2031	2054.1928	4.99	78 - 94	0	R.ISLLLLIQSWLEPVQFLR.S	
2262.1322	2261.1249	2261.1216	1.47	95 - 115	0	R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLK.D	
2342.1427	2341.1354	2341.1266	3.76	20 - 38	0	R.LHQLAFDITYQEFEEAYIPK.E	
2616.2559	2615.2486	2615.2326	6.13	42 - 64	0	K.YSFLQNPQTSLCSFSESIPTPSNR.E	
2727.3414	2726.3342	2726.3228	4.18	20 - 41	1	R.LHQLAFDITYQEFEEAYIPKEQK.Y	
2747.3349	2746.3276	2746.3173	3.74	146 - 168	2	K.FDTNSHNDDALLKNYGLLYCFRK.D	
3091.5558	3090.5485	3090.5199	9.26	17 - 41	2	R.AHRLHQLAFDITYQEFEEAYIPKEQK.Y	
3359.6308	3358.6235	3358.5776	13.7	42 - 70	1	K.YSFLQNPQTSLCSFSESIPTPSNREETQQK.S	

3604.8398 3603.8326 3603.7767 15.5 95 - 127 1 R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLKDLEEGIQTLMGR.L
 3620.8358 3619.8285 3619.7716 15.7 95 - 127 1 R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLKDLEEGIQTLMGR.L + Oxidation (M)
 4359.2758 4358.2686 4358.1376 30.0 95 - 134 2 R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLKDLEEGIQTLMGRLEDGSPR.T
No match to: 785.3133, 1400.6427, 2087.1987, 3761.8360

4. [gi|6671284](#) Mass: 22317 Score: **342** Expect: 2.3e-27 Matches: 24

somatotropin [synthetic construct]

Observed	Mr(expt)	Mr(calc)	ppm	Start	End	Miss	Peptide
618.3510	617.3437	617.3319	19.1	181	- 185	0	R.IVQCR.S
626.3285	625.3212	625.3071	22.5	143	- 147	0	K.QTYSK.F
693.4030	692.3957	692.3857	14.4	137	- 142	0	R.TGQIFK.Q
773.3829	772.3757	772.3715	5.36	130	- 136	0	R.LEDGSPR.T
785.3133	784.3061	784.3062	-0.12	186	- 193	0	R.SVEGSCGF.-
844.4897	843.4824	843.4814	1.24	73	- 79	0	K.SNLELLR.I
979.5110	978.5037	978.4957	8.23	11	- 18	0	R.LFDNAMLR.A
995.5014	994.4941	994.4906	3.51	11	- 18	0	R.LFDNAMLR.A + Oxidation (M)
1148.5569	1147.5496	1147.5484	1.06	161	- 169	0	K.NYGGLLYCFR.K
1253.6293	1252.6220	1252.6122	7.89	171	- 180	1	K.DMDKVETFLR.I
1361.6731	1360.6658	1360.6656	0.11	118	- 129	0	K.DLEEGIQTLMGR.L
1381.7177	1380.7105	1380.7071	2.42	170	- 180	2	R.KDMDKVETFLR.I
1489.6977	1488.6904	1488.6845	4.01	148	- 160	0	K.FDTNSHNDDALLK.N
2055.2103	2054.2031	2054.1928	4.99	80	- 96	0	R.ISLLLIQSWLEPVQFLR.S
2262.1322	2261.1249	2261.1216	1.47	97	- 117	0	R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLK.D
2342.1427	2341.1354	2341.1266	3.76	22	- 40	0	R.LHQLAFDITYQEFEEAYIPK.E
2616.2559	2615.2486	2615.2326	6.13	44	- 66	0	K.YSFLQNPQTSLCSFSESIPTPSNR.E
2727.3414	2726.3342	2726.3228	4.18	22	- 43	1	R.LHQLAFDITYQEFEEAYIPKEQK.Y
2747.3349	2746.3276	2746.3173	3.74	148	- 170	2	K.FDTNSHNDDALLKNYGGLLYCFR.K.D
3091.5558	3090.5485	3090.5199	9.26	19	- 43	2	R.AHRLHQLAFDITYQEFEEAYIPKEQK.Y
3359.6308	3358.6235	3358.5776	13.7	44	- 72	1	K.YSFLQNPQTSLCSFSESIPTPSNREETQQK.S
3604.8398	3603.8326	3603.7767	15.5	97	- 129	1	R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLKDLEEGIQTLMGR.L
3620.8358	3619.8285	3619.7716	15.7	97	- 129	1	R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLKDLEEGIQTLMGR.L + Oxidation (M)
4359.2758	4358.2686	4358.1376	30.0	97	- 136	2	R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLKDLEEGIQTLMGRLEDGSPR.T

No match to: 930.5503, 1400.6427, 2087.1987, 3761.8360

5. [gi|297701522](#) Mass: 24815 Score: **331** Expect: 2.9e-26 Matches: 24

PREDICTED: somatotropin isoform 1 [Pongo abelii]

Observed	Mr(expt)	Mr(calc)	ppm	Start	End	Miss	Peptide
618.3510	617.3437	617.3319	19.1	205	- 209	0	R.IVQCR.S
626.3285	625.3212	625.3071	22.5	167	- 171	0	K.QTYSK.F
693.4030	692.3957	692.3857	14.4	161	- 166	0	R.TGQIFK.Q
773.3829	772.3757	772.3715	5.36	154	- 160	0	R.LEDGSPR.T
785.3133	784.3061	784.3062	-0.12	210	- 217	0	R.SVEGSCGF.-
844.4897	843.4824	843.4814	1.24	97	- 103	0	K.SNLELLR.I
979.5110	978.5037	978.4957	8.23	35	- 42	0	R.LFDNAMLR.A
995.5014	994.4941	994.4906	3.51	35	- 42	0	R.LFDNAMLR.A + Oxidation (M)
1148.5569	1147.5496	1147.5484	1.06	185	- 193	0	K.NYGGLLYCFR.K
1253.6293	1252.6220	1252.6122	7.89	195	- 204	1	K.DMDKVETFLR.I
1361.6731	1360.6658	1360.6656	0.11	142	- 153	0	K.DLEEGIQTLMGR.L
1381.7177	1380.7105	1380.7071	2.42	194	- 204	2	R.KDMDKVETFLR.I
1489.6977	1488.6904	1488.6845	4.01	172	- 184	0	K.FDTNSHNDDALLK.N
2055.2103	2054.2031	2054.1928	4.99	104	- 120	0	R.ISLLLIQSWLEPVQFLR.S
2262.1322	2261.1249	2261.1216	1.47	121	- 141	0	R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLK.D
2342.1427	2341.1354	2341.1266	3.76	46	- 64	0	R.LHQLAFDITYQEFEEAYIPK.E
2616.2559	2615.2486	2615.2326	6.13	68	- 90	0	K.YSFLQNPQTSLCSFSESIPTPSNR.E
2727.3414	2726.3342	2726.3228	4.18	46	- 67	1	R.LHQLAFDITYQEFEEAYIPKEQK.Y
2747.3349	2746.3276	2746.3173	3.74	172	- 194	2	K.FDTNSHNDDALLKNYGGLLYCFR.K.D
3091.5558	3090.5485	3090.5199	9.26	43	- 67	2	R.AHRLHQLAFDITYQEFEEAYIPKEQK.Y
3359.6308	3358.6235	3358.5776	13.7	68	- 96	1	K.YSFLQNPQTSLCSFSESIPTPSNREETQQK.S
3604.8398	3603.8326	3603.7767	15.5	121	- 153	1	R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLKDLEEGIQTLMGR.L
3620.8358	3619.8285	3619.7716	15.7	121	- 153	1	R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLKDLEEGIQTLMGR.L + Oxidation (M)
4359.2758	4358.2686	4358.1376	30.0	121	- 160	2	R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLKDLEEGIQTLMGRLEDGSPR.T

No match to: 930.5503, 1400.6427, 2087.1987, 3761.8360

6. [gi|426347157](#) Mass: 24801 Score: **331** Expect: 2.9e-26 Matches: 24

PREDICTED: somatotropin [Gorilla gorilla gorilla] >gi|426347163|ref|XP_004041228.1| PREDICTED: somatotropin [Gorilla gorilla gorilla] >gi|313575

Observed	Mr(expt)	Mr(calc)	ppm	Start	End	Miss	Peptide
618.3510	617.3437	617.3319	19.1	205	- 209	0	R.IVQCR.S
626.3285	625.3212	625.3071	22.5	167	- 171	0	K.QTYSK.F
693.4030	692.3957	692.3857	14.4	161	- 166	0	R.TGQIFK.Q
773.3829	772.3757	772.3715	5.36	154	- 160	0	R.LEDGSPR.T
785.3133	784.3061	784.3062	-0.12	210	- 217	0	R.SVEGSCGF.-
844.4897	843.4824	843.4814	1.24	97	- 103	0	K.SNLELLR.I
979.5110	978.5037	978.4957	8.23	35	- 42	0	R.LFDNAMLR.A
995.5014	994.4941	994.4906	3.51	35	- 42	0	R.LFDNAMLR.A + Oxidation (M)
1148.5569	1147.5496	1147.5484	1.06	185	- 193	0	K.NYGGLLYCFR.K
1253.6293	1252.6220	1252.6122	7.89	195	- 204	1	K.DMDKVETFLR.I
1361.6731	1360.6658	1360.6656	0.11	142	- 153	0	K.DLEEGIQTLMGR.L

1381.7177	1380.7105	1380.7071	2.42	194 - 204	2	R.KDMDKVETFLR.I
1489.6977	1488.6904	1488.6845	4.01	172 - 184	0	K.FDTNSHNDDALLK.N
2055.2103	2054.2031	2054.1928	4.99	104 - 120	0	R.ISLLLIQSWLEPVQFLR.S
2262.1322	2261.1249	2261.1216	1.47	121 - 141	0	R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLK.D
2342.1427	2341.1354	2341.1266	3.76	46 - 64	0	R.LHQLAFDITYQEFEEAYIPK.E
2616.2559	2615.2486	2615.2326	6.13	68 - 90	0	K.YSFLQNPQTSLCFSESIPTPSNR.E
2727.3414	2726.3342	2726.3228	4.18	46 - 67	1	R.LHQLAFDITYQEFEEAYIPKEQK.Y
2747.3349	2746.3276	2746.3173	3.74	172 - 194	2	K.FDTNSHNDDALLKNYGLLYCFRK.D
3091.5558	3090.5485	3090.5199	9.26	43 - 67	2	R.AHRLHQLAFDITYQEFEEAYIPKEQK.Y
3359.6308	3358.6235	3358.5776	13.7	68 - 96	1	K.YSFLQNPQTSLCFSESIPTPSNREETQK.S
3604.8398	3603.8326	3603.7767	15.5	121 - 153	1	R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLKDLEEGIQTLMGR.L
3620.8358	3619.8285	3619.7716	15.7	121 - 153	1	R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLKDLEEGIQTLMGR.L + Oxidation (M)
4359.2758	4358.2686	4358.1376	30.0	121 - 160	2	R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLKDLEEGIQTLMGRLEDGSPR.T

No match to: 930.5503, 1400.6427, 2087.1987, 3761.8360

7. [gi|308210818](#) Mass: 24827 Score: **331** Expect: 2.9e-26 Matches: 24

somatotropin precursor [Pan troglodytes] >gi|397480244|ref|XP_003811397.1| PREDICTED: somatotropin [Pan paniscus] >gi|20140015|sp|P58756.1|SOM

Observed	Mr(expt)	Mr(calcd)	ppm	Start	End	Miss	Peptide
618.3510	617.3437	617.3319	19.1	205 - 209	0	R.IVQCR.S	
626.3285	625.3212	625.3071	22.5	167 - 171	0	K.QTYSK.F	
693.4030	692.3957	692.3857	14.4	161 - 166	0	R.TGQIFK.Q	
773.3829	772.3757	772.3715	5.36	154 - 160	0	R.LEDGSPR.T	
785.3133	784.3061	784.3062	-0.12	210 - 217	0	R.SVEGSCGF.-	
844.4897	843.4824	843.4814	1.24	97 - 103	0	K.SNLELLR.I	
979.5110	978.5037	978.4957	8.23	35 - 42	0	R.LFDNAMLR.A	
995.5014	994.4941	994.4906	3.51	35 - 42	0	R.LFDNAMLR.A + Oxidation (M)	
1148.5569	1147.5496	1147.5484	1.06	185 - 193	0	K.NYGLLYCFR.K	
1253.6293	1252.6220	1252.6122	7.89	195 - 204	1	K.DMDKVETFLR.I	
1361.6731	1360.6658	1360.6656	0.11	142 - 153	0	K.DLEEGIQTLMGR.L	
1381.7177	1380.7105	1380.7071	2.42	194 - 204	2	R.KDMDKVETFLR.I	
1489.6977	1488.6904	1488.6845	4.01	172 - 184	0	K.FDTNSHNDDALLK.N	
2055.2103	2054.2031	2054.1928	4.99	104 - 120	0	R.ISLLLIQSWLEPVQFLR.S	
2262.1322	2261.1249	2261.1216	1.47	121 - 141	0	R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLK.D	
2342.1427	2341.1354	2341.1266	3.76	46 - 64	0	R.LHQLAFDITYQEFEEAYIPK.E	
2616.2559	2615.2486	2615.2326	6.13	68 - 90	0	K.YSFLQNPQTSLCFSESIPTPSNR.E	
2727.3414	2726.3342	2726.3228	4.18	46 - 67	1	R.LHQLAFDITYQEFEEAYIPKEQK.Y	
2747.3349	2746.3276	2746.3173	3.74	172 - 194	2	K.FDTNSHNDDALLKNYGLLYCFRK.D	
3091.5558	3090.5485	3090.5199	9.26	43 - 67	2	R.AHRLHQLAFDITYQEFEEAYIPKEQK.Y	
3359.6308	3358.6235	3358.5776	13.7	68 - 96	1	K.YSFLQNPQTSLCFSESIPTPSNREETQK.S	
3604.8398	3603.8326	3603.7767	15.5	121 - 153	1	R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLKDLEEGIQTLMGR.L	
3620.8358	3619.8285	3619.7716	15.7	121 - 153	1	R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLKDLEEGIQTLMGR.L + Oxidation (M)	
4359.2758	4358.2686	4358.1376	30.0	121 - 160	2	R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLKDLEEGIQTLMGRLEDGSPR.T	

No match to: 930.5503, 1400.6427, 2087.1987, 3761.8360

8. [gi|13027812](#) Mass: 24831 Score: **331** Expect: 2.9e-26 Matches: 24

somatotropin isoform 1 precursor [Homo sapiens] >gi|134703|sp|P01241.2|SOMA_HUMAN RecName: Full=Somatotropin; AltName: Full=Growth hormone; Short=GH; Short=GH-N; AltName: Full=Growth hormone 1; AltName: Full= Pituitary growth hormone; Flags: Precursor

Observed	Mr(expt)	Mr(calcd)	ppm	Start	End	Miss	Peptide
618.3510	617.3437	617.3319	19.1	205 - 209	0	R.IVQCR.S	
626.3285	625.3212	625.3071	22.5	167 - 171	0	K.QTYSK.F	
693.4030	692.3957	692.3857	14.4	161 - 166	0	R.TGQIFK.Q	
773.3829	772.3757	772.3715	5.36	154 - 160	0	R.LEDGSPR.T	
785.3133	784.3061	784.3062	-0.12	210 - 217	0	R.SVEGSCGF.-	
844.4897	843.4824	843.4814	1.24	97 - 103	0	K.SNLELLR.I	
979.5110	978.5037	978.4957	8.23	35 - 42	0	R.LFDNAMLR.A	
995.5014	994.4941	994.4906	3.51	35 - 42	0	R.LFDNAMLR.A + Oxidation (M)	
1148.5569	1147.5496	1147.5484	1.06	185 - 193	0	K.NYGLLYCFR.K	
1253.6293	1252.6220	1252.6122	7.89	195 - 204	1	K.DMDKVETFLR.I	
1361.6731	1360.6658	1360.6656	0.11	142 - 153	0	K.DLEEGIQTLMGR.L	
1381.7177	1380.7105	1380.7071	2.42	194 - 204	2	R.KDMDKVETFLR.I	
1489.6977	1488.6904	1488.6845	4.01	172 - 184	0	K.FDTNSHNDDALLK.N	
2055.2103	2054.2031	2054.1928	4.99	104 - 120	0	R.ISLLLIQSWLEPVQFLR.S	
2262.1322	2261.1249	2261.1216	1.47	121 - 141	0	R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLK.D	
2342.1427	2341.1354	2341.1266	3.76	46 - 64	0	R.LHQLAFDITYQEFEEAYIPK.E	
2616.2559	2615.2486	2615.2326	6.13	68 - 90	0	K.YSFLQNPQTSLCFSESIPTPSNR.E	
2727.3414	2726.3342	2726.3228	4.18	46 - 67	1	R.LHQLAFDITYQEFEEAYIPKEQK.Y	
2747.3349	2746.3276	2746.3173	3.74	172 - 194	2	K.FDTNSHNDDALLKNYGLLYCFRK.D	
3091.5558	3090.5485	3090.5199	9.26	43 - 67	2	R.AHRLHQLAFDITYQEFEEAYIPKEQK.Y	
3359.6308	3358.6235	3358.5776	13.7	68 - 96	1	K.YSFLQNPQTSLCFSESIPTPSNREETQK.S	
3604.8398	3603.8326	3603.7767	15.5	121 - 153	1	R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLKDLEEGIQTLMGR.L	
3620.8358	3619.8285	3619.7716	15.7	121 - 153	1	R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLKDLEEGIQTLMGR.L + Oxidation (M)	
4359.2758	4358.2686	4358.1376	30.0	121 - 160	2	R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLKDLEEGIQTLMGRLEDGSPR.T	

No match to: 930.5503, 1400.6427, 2087.1987, 3761.8360

9. [gi|119614648](#) Mass: 20643 Score: **318** Expect: 5.9e-25 Matches: 22

hCG1749481, isoform CRA_j [Homo sapiens]

Observed	Mr(expt)	Mr(calcd)	ppm	Start	End	Miss	Peptide
618.3510	617.3437	617.3319	19.1	166	-	170	0 R.IVQCR.S
626.3285	625.3212	625.3071	22.5	128	-	132	0 K.QTYSK.F
693.4030	692.3957	692.3857	14.4	122	-	127	0 R.TGQIFK.Q
773.3829	772.3757	772.3715	5.36	115	-	121	0 R.LEDGSPR.T
785.3133	784.3061	784.3062	-0.12	171	-	178	0 R.SVEGSCGF.-
844.4897	843.4824	843.4814	1.24	58	-	64	0 K.SNLELLR.I
1148.5569	1147.5496	1147.5484	1.06	146	-	154	0 K.NYGLLYCFR.K
1253.6293	1252.6220	1252.6122	7.89	156	-	165	1 K.DMDKVETFLR.I
1361.6731	1360.6658	1360.6656	0.11	103	-	114	0 K.DLEEGIQTLMGR.L
1381.7177	1380.7105	1380.7071	2.42	155	-	165	2 R.KDMDKVETFLR.I
1489.6977	1488.6904	1488.6845	4.01	133	-	145	0 K.FDTNSHNDDALLK.N
2055.2103	2054.2031	2054.1928	4.99	65	-	81	0 R.ISLLLIQSWLEPVQFLR.S
2262.1322	2261.1249	2261.1216	1.47	82	-	102	0 R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLK.D
2342.1427	2341.1354	2341.1266	3.76	7	-	25	0 R.LHQLAFDITYQEFEEAYIPK.E
2616.2559	2615.2486	2615.2326	6.13	29	-	51	0 K.YSFLQNPQTSLCFSES IPTSPNR.E
2727.3414	2726.3342	2726.3228	4.18	7	-	28	1 R.LHQLAFDITYQEFEEAYIPKEQK.Y
2747.3349	2746.3276	2746.3173	3.74	133	-	155	2 K.FDTNSHNDDALLKKNYGLLYCFR.K.D
3091.5558	3090.5485	3090.5199	9.26	4	-	28	2 R.AHRLHQLAFDITYQEFEEAYIPKEQK.Y
3359.6308	3358.6235	3358.5776	13.7	29	-	57	1 K.YSFLQNPQTSLCFSES IPTSPNR.E.S
3604.8398	3603.8326	3603.7767	15.5	82	-	114	1 R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLKDLEEGIQTLMGR.L
3620.8358	3619.8285	3619.7716	15.7	82	-	114	1 R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLKDLEEGIQTLMGR.L + Oxidation (M)
4359.2758	4358.2686	4358.1376	30.0	82	-	121	2 R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLKDLEEGIQTLMGRLEDGSPR.T

No match to: 930.5503, 979.5110, 995.5014, 1400.6427, 2087.1987, 3761.8360

10. [gi|6671282](#) Mass: 31056 Score: 311 Expect: 2.9e-24 Matches: 24

recombinant ubiquitin-somatotropin fusion protein [synthetic construct]

Observed	Mr(expt)	Mr(calcd)	ppm	Start	End	Miss	Peptide
618.3510	617.3437	617.3319	19.1	258	-	262	0 R.IVQCR.S
626.3285	625.3212	625.3071	22.5	220	-	224	0 K.QTYSK.F
693.4030	692.3957	692.3857	14.4	214	-	219	0 R.TGQIFK.Q
773.3829	772.3757	772.3715	5.36	207	-	213	0 R.LEDGSPR.T
785.3133	784.3061	784.3062	-0.12	263	-	270	0 R.SVEGSCGF.-
844.4897	843.4824	843.4814	1.24	150	-	156	0 K.SNLELLR.I
979.5110	978.5037	978.4957	8.23	88	-	95	0 R.LFDNAMLR.A
995.5014	994.4941	994.4906	3.51	88	-	95	0 R.LFDNAMLR.A + Oxidation (M)
1148.5569	1147.5496	1147.5484	1.06	238	-	246	0 K.NYGLLYCFR.K
1253.6293	1252.6220	1252.6122	7.89	248	-	257	1 K.DMDKVETFLR.I
1361.6731	1360.6658	1360.6656	0.11	195	-	206	0 K.DLEEGIQTLMGR.L
1381.7177	1380.7105	1380.7071	2.42	247	-	257	2 R.KDMDKVETFLR.I
1489.6977	1488.6904	1488.6845	4.01	225	-	237	0 K.FDTNSHNDDALLK.N
2055.2103	2054.2031	2054.1928	4.99	157	-	173	0 R.ISLLLIQSWLEPVQFLR.S
2262.1322	2261.1249	2261.1216	1.47	174	-	194	0 R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLK.D
2342.1427	2341.1354	2341.1266	3.76	99	-	117	0 R.LHQLAFDITYQEFEEAYIPK.E
2616.2559	2615.2486	2615.2326	6.13	121	-	143	0 K.YSFLQNPQTSLCFSES IPTSPNR.E
2727.3414	2726.3342	2726.3228	4.18	99	-	120	1 R.LHQLAFDITYQEFEEAYIPKEQK.Y
2747.3349	2746.3276	2746.3173	3.74	225	-	247	2 K.FDTNSHNDDALLKKNYGLLYCFR.K.D
3091.5558	3090.5485	3090.5199	9.26	96	-	120	2 R.AHRLHQLAFDITYQEFEEAYIPKEQK.Y
3359.6308	3358.6235	3358.5776	13.7	121	-	149	1 K.YSFLQNPQTSLCFSES IPTSPNR.E.S
3604.8398	3603.8326	3603.7767	15.5	174	-	206	1 R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLKDLEEGIQTLMGR.L
3620.8358	3619.8285	3619.7716	15.7	174	-	206	1 R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLKDLEEGIQTLMGR.L + Oxidation (M)
4359.2758	4358.2686	4358.1376	30.0	174	-	213	2 R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLKDLEEGIQTLMGRLEDGSPR.T

No match to: 930.5503, 1400.6427, 2087.1987, 3761.8360

11. [gi|33341802](#) Mass: 50123 Score: 309 Expect: 4.7e-24 Matches: 26

Staphylococcus hyicus lipase precursor/human growth hormone fusion protein [synthetic construct]

Observed	Mr(expt)	Mr(calcd)	ppm	Start	End	Miss	Peptide
618.3510	617.3437	617.3319	19.1	436	-	440	0 R.IVQCR.S
626.3285	625.3212	625.3071	22.5	398	-	402	0 K.QTYSK.F
693.4030	692.3957	692.3857	14.4	392	-	397	0 R.TGQIFK.Q
773.3829	772.3757	772.3715	5.36	385	-	391	0 R.LEDGSPR.T
785.3133	784.3061	784.3062	-0.12	441	-	448	0 R.SVEGSCGF.-
844.4897	843.4824	843.4814	1.24	328	-	334	0 K.SNLELLR.I
930.5503	929.5430	929.5334	10.3	258	-	265	0 K.FPTIPLSR.L
979.5110	978.5037	978.4957	8.23	266	-	273	0 R.LFDNAMLR.A
995.5014	994.4941	994.4906	3.51	266	-	273	0 R.LFDNAMLR.A + Oxidation (M)
1148.5569	1147.5496	1147.5484	1.06	416	-	424	0 K.NYGLLYCFR.K
1253.6293	1252.6220	1252.6122	7.89	426	-	435	1 K.DMDKVETFLR.I
1361.6731	1360.6658	1360.6656	0.11	373	-	384	0 K.DLEEGIQTLMGR.L
1381.7177	1380.7105	1380.7071	2.42	425	-	435	2 R.KDMDKVETFLR.I
1489.6977	1488.6904	1488.6845	4.01	403	-	415	0 K.FDTNSHNDDALLK.N
2055.2103	2054.2031	2054.1928	4.99	335	-	351	0 R.ISLLLIQSWLEPVQFLR.S
2087.1987	2086.1914	2085.9967	93.4	163	-	180	1 R.LETNETTPPSVDREFSHK.I
2262.1322	2261.1249	2261.1216	1.47	352	-	372	0 R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLK.D
2342.1427	2341.1354	2341.1266	3.76	277	-	295	0 R.LHQLAFDITYQEFEEAYIPK.E
2616.2559	2615.2486	2615.2326	6.13	299	-	321	0 K.YSFLQNPQTSLCFSES IPTSPNR.E
2727.3414	2726.3342	2726.3228	4.18	277	-	298	1 R.LHQLAFDITYQEFEEAYIPKEQK.Y

2747.3349	2746.3276	2746.3173	3.74	403 - 425	2	K.FDTNSHNDDALLKKNYGLLYCFRK.D
3091.5558	3090.5485	3090.5199	9.26	274 - 298	2	R.AHRLHQLAFDITYQEFEEAYIPKEQK.Y
3359.6308	3358.6235	3358.5776	13.7	299 - 327	1	K.YSFLQNPQTSLCFSESIPSNREETQK.S
3604.8398	3603.8326	3603.7767	15.5	352 - 384	1	R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLKDLEEGIQTLMGR.L
3620.8358	3619.8285	3619.7716	15.7	352 - 384	1	R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLKDLEEGIQTLMGR.L + Oxidation (M)
4359.2758	4358.2686	4358.1376	30.0	352 - 391	2	R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLKDLEEGIQTLMGRLEDGSPR.T

No match to: 1400.6427, 3761.8360

12. [gi|47121568](#) Mass: 24860 Score: 300 Expect: 3.7e-23 Matches: 22

growth hormone 1 variant 1 [Homo sapiens]

Observed	Mr(expt)	Mr(calcd)	ppm	Start	End	Miss	Peptide
618.3510	617.3437	617.3319	19.1	205 - 209	0	R.IVQCR.S	
626.3285	625.3212	625.3071	22.5	167 - 171	0	K.QTYSK.F	
693.4030	692.3957	692.3857	14.4	161 - 166	0	R.TGQIFK.Q	
773.3829	772.3757	772.3715	5.36	154 - 160	0	R.LEDGSPR.T	
785.3133	784.3061	784.3062	-0.12	210 - 217	0	R.SVEGSCGF.-	
844.4897	843.4824	843.4814	1.24	97 - 103	0	K.SNLELLR.I	
1148.5569	1147.5496	1147.5484	1.06	185 - 193	0	K.NYGLLYCFR.K	
1253.6293	1252.6220	1252.6122	7.89	195 - 204	1	K.DMDKVETFLR.I	
1361.6731	1360.6658	1360.6656	0.11	142 - 153	0	K.DLEEGIQTLMGR.L	
1381.7177	1380.7105	1380.7071	2.42	194 - 204	2	R.KDMDKVETFLR.I	
1489.6977	1488.6904	1488.6845	4.01	172 - 184	0	K.FDTNSHNDDALLK.N	
2055.2103	2054.2031	2054.1928	4.99	104 - 120	0	R.ISLLLIQSWLEPVQFLR.S	
2262.1322	2261.1249	2261.1216	1.47	121 - 141	0	R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLK.D	
2342.1427	2341.1354	2341.1266	3.76	46 - 64	0	R.LHQLAFDITYQEFEEAYIPK.E	
2616.2559	2615.2486	2615.2326	6.13	68 - 90	0	K.YSFLQNPQTSLCFSESIPSNRE.E	
2727.3414	2726.3342	2726.3228	4.18	46 - 67	1	R.LHQLAFDITYQEFEEAYIPKEQK.Y	
2747.3349	2746.3276	2746.3173	3.74	172 - 194	2	K.FDTNSHNDDALLKKNYGLLYCFRK.D	
3091.5558	3090.5485	3090.5199	9.26	43 - 67	2	R.AHRLHQLAFDITYQEFEEAYIPKEQK.Y	
3359.6308	3358.6235	3358.5776	13.7	68 - 96	1	K.YSFLQNPQTSLCFSESIPSNREETQK.S	
3604.8398	3603.8326	3603.7767	15.5	121 - 153	1	R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLKDLEEGIQTLMGR.L	
3620.8358	3619.8285	3619.7716	15.7	121 - 153	1	R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLKDLEEGIQTLMGR.L + Oxidation (M)	
4359.2758	4358.2686	4358.1376	30.0	121 - 160	2	R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLKDLEEGIQTLMGRLEDGSPR.T	

No match to: 930.5503, 979.5110, 995.5014, 1400.6427, 2087.1987, 3761.8360

13. [gi|31905](#) Mass: 24815 Score: 300 Expect: 3.7e-23 Matches: 22

unnamed protein product [Homo sapiens]

Observed	Mr(expt)	Mr(calcd)	ppm	Start	End	Miss	Peptide
618.3510	617.3437	617.3319	19.1	205 - 209	0	R.IVQCR.S	
626.3285	625.3212	625.3071	22.5	167 - 171	0	K.QTYSK.F	
693.4030	692.3957	692.3857	14.4	161 - 166	0	R.TGQIFK.Q	
773.3829	772.3757	772.3715	5.36	154 - 160	0	R.LEDGSPR.T	
785.3133	784.3061	784.3062	-0.12	210 - 217	0	R.SVEGSCGF.-	
844.4897	843.4824	843.4814	1.24	97 - 103	0	K.SNLELLR.I	
1148.5569	1147.5496	1147.5484	1.06	185 - 193	0	K.NYGLLYCFR.K	
1253.6293	1252.6220	1252.6122	7.89	195 - 204	1	K.DMDKVETFLR.I	
1361.6731	1360.6658	1360.6656	0.11	142 - 153	0	K.DLEEGIQTLMGR.L	
1381.7177	1380.7105	1380.7071	2.42	194 - 204	2	R.KDMDKVETFLR.I	
1489.6977	1488.6904	1488.6845	4.01	172 - 184	0	K.FDTNSHNDDALLK.N	
2055.2103	2054.2031	2054.1928	4.99	104 - 120	0	R.ISLLLIQSWLEPVQFLR.S	
2262.1322	2261.1249	2261.1216	1.47	121 - 141	0	R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLK.D	
2342.1427	2341.1354	2341.1266	3.76	46 - 64	0	R.LHQLAFDITYQEFEEAYIPK.E	
2616.2559	2615.2486	2615.2326	6.13	68 - 90	0	K.YSFLQNPQTSLCFSESIPSNRE.E	
2727.3414	2726.3342	2726.3228	4.18	46 - 67	1	R.LHQLAFDITYQEFEEAYIPKEQK.Y	
2747.3349	2746.3276	2746.3173	3.74	172 - 194	2	K.FDTNSHNDDALLKKNYGLLYCFRK.D	
3091.5558	3090.5485	3090.5199	9.26	43 - 67	2	R.AHRLHQLAFDITYQEFEEAYIPKEQK.Y	
3359.6308	3358.6235	3358.5776	13.7	68 - 96	1	K.YSFLQNPQTSLCFSESIPSNREETQK.S	
3604.8398	3603.8326	3603.7767	15.5	121 - 153	1	R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLKDLEEGIQTLMGR.L	
3620.8358	3619.8285	3619.7716	15.7	121 - 153	1	R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLKDLEEGIQTLMGR.L + Oxidation (M)	
4359.2758	4358.2686	4358.1376	30.0	121 - 160	2	R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLKDLEEGIQTLMGRLEDGSPR.T	

No match to: 930.5503, 979.5110, 995.5014, 1400.6427, 2087.1987, 3761.8360

14. [gi|312406](#) Mass: 24787 Score: 300 Expect: 3.7e-23 Matches: 22

growth hormone [Homo sapiens] >gi|225906|prf|1403262B somatoliberin 20kD variant

Observed	Mr(expt)	Mr(calcd)	ppm	Start	End	Miss	Peptide
618.3510	617.3437	617.3319	19.1	205 - 209	0	R.IVQCR.S	
626.3285	625.3212	625.3071	22.5	167 - 171	0	K.QTYSK.F	
693.4030	692.3957	692.3857	14.4	161 - 166	0	R.TGQIFK.Q	
773.3829	772.3757	772.3715	5.36	154 - 160	0	R.LEDGSPR.T	
785.3133	784.3061	784.3062	-0.12	210 - 217	0	R.SVEGSCGF.-	
844.4897	843.4824	843.4814	1.24	97 - 103	0	K.SNLELLR.I	
1148.5569	1147.5496	1147.5484	1.06	185 - 193	0	K.NYGLLYCFR.K	
1253.6293	1252.6220	1252.6122	7.89	195 - 204	1	K.DMDKVETFLR.I	
1361.6731	1360.6658	1360.6656	0.11	142 - 153	0	K.DLEEGIQTLMGR.L	
1381.7177	1380.7105	1380.7071	2.42	194 - 204	2	R.KDMDKVETFLR.I	
1489.6977	1488.6904	1488.6845	4.01	172 - 184	0	K.FDTNSHNDDALLK.N	
2055.2103	2054.2031	2054.1928	4.99	104 - 120	0	R.ISLLLIQSWLEPVQFLR.S	

2262.1322	2261.1249	2261.1216	1.47	121 - 141	0	R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLK.D
2342.1427	2341.1354	2341.1266	3.76	46 - 64	0	R.LHQLAFDITYQEFEEAYIPK.E
2616.2559	2615.2486	2615.2326	6.13	68 - 90	0	K.YSFLQNPQTSLCFSES IPTPSNR.E
2727.3414	2726.3342	2726.3228	4.18	46 - 67	1	R.LHQLAFDITYQEFEEAYIPKEQK.Y
2747.3349	2746.3276	2746.3173	3.74	172 - 194	2	K.FDTNSHNDDALLKKNYGLLYCFRK.D
3091.5558	3090.5485	3090.5199	9.26	43 - 67	2	R.AHRLHQLAFDITYQEFEEAYIPKEQK.Y
3359.6308	3358.6235	3358.5776	13.7	68 - 96	1	K.YSFLQNPQTSLCFSES IPTPSNREETQQK.S
3604.8398	3603.8326	3603.7767	15.5	121 - 153	1	R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLKDLEEGIQTLMGR.L
3620.8358	3619.8285	3619.7716	15.7	121 - 153	1	R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLKDLEEGIQTLMGR.L + Oxidation (M)
4359.2758	4358.2686	4358.1376	30.0	121 - 160	2	R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLKDLEEGIQTLMGRLEDGSPR.T

No match to: 930.5503, 979.5110, 995.5014, 1400.6427, 2087.1987, 3761.8360

15. [gi|19614650](#) Mass: 27090 Score: 298 Expect: 5.9e-23 Matches: 23

hCG1749481, isoform CRA_1 [Homo sapiens]

Observed	Mr(expt)	Mr(calc)	ppm	Start	End	Miss	Peptide
618.3510	617.3437	617.3319	19.1	205 - 209	0	R.IVQCR.S	
626.3285	625.3212	625.3071	22.5	167 - 171	0	K.QTYSK.F	
693.4030	692.3957	692.3857	14.4	161 - 166	0	R.TGQIFK.Q	
773.3829	772.3757	772.3715	5.36	154 - 160	0	R.LEDGSPR.T	
844.4897	843.4824	843.4814	1.24	97 - 103	0	K.SNLELLR.I	
979.5110	978.5037	978.4957	8.23	35 - 42	0	R.LFDNAMLR.A	
995.5014	994.4941	994.4906	3.51	35 - 42	0	R.LFDNAMLR.A + Oxidation (M)	
1148.5569	1147.5496	1147.5484	1.06	185 - 193	0	K.NYGLLYCFR.K	
1253.6293	1252.6220	1252.6122	7.89	195 - 204	1	K.DMDKVETFLR.I	
1361.6731	1360.6658	1360.6656	0.11	142 - 153	0	K.DLEEGIQTLMGR.L	
1381.7177	1380.7105	1380.7071	2.42	194 - 204	2	R.KDMDKVETFLR.I	
1489.6977	1488.6904	1488.6845	4.01	172 - 184	0	K.FDTNSHNDDALLK.N	
2055.2103	2054.2031	2054.1928	4.99	104 - 120	0	R.ISLLLIQSWLEPVQFLR.S	
2262.1322	2261.1249	2261.1216	1.47	121 - 141	0	R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLK.D	
2342.1427	2341.1354	2341.1266	3.76	46 - 64	0	R.LHQLAFDITYQEFEEAYIPK.E	
2616.2559	2615.2486	2615.2326	6.13	68 - 90	0	K.YSFLQNPQTSLCFSES IPTPSNR.E	
2727.3414	2726.3342	2726.3228	4.18	46 - 67	1	R.LHQLAFDITYQEFEEAYIPKEQK.Y	
2747.3349	2746.3276	2746.3173	3.74	172 - 194	2	K.FDTNSHNDDALLKKNYGLLYCFRK.D	
3091.5558	3090.5485	3090.5199	9.26	43 - 67	2	R.AHRLHQLAFDITYQEFEEAYIPKEQK.Y	
3359.6308	3358.6235	3358.5776	13.7	68 - 96	1	K.YSFLQNPQTSLCFSES IPTPSNREETQQK.S	
3604.8398	3603.8326	3603.7767	15.5	121 - 153	1	R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLKDLEEGIQTLMGR.L	
3620.8358	3619.8285	3619.7716	15.7	121 - 153	1	R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLKDLEEGIQTLMGR.L + Oxidation (M)	
4359.2758	4358.2686	4358.1376	30.0	121 - 160	2	R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLKDLEEGIQTLMGRLEDGSPR.T	

No match to: 785.3133, 930.5503, 1400.6427, 2087.1987, 3761.8360

16. [gi|2781341](#) Mass: 22214 Score: 294 Expect: 1.5e-22 Matches: 21

Chain A, 1:1 Complex Of Human Growth Hormone Mutant G120r With Its Soluble Binding Protein >gi|6729890|pdb|1BP3|A Chain A, The Xray Structure Of A Growth Hormone-Prolactin Receptor Complex >gi|157838058|pdb|1A22|A Chain A, Human Growth Hormone Bound

Observed	Mr(expt)	Mr(calc)	ppm	Start	End	Miss	Peptide
618.3510	617.3437	617.3319	19.1	179 - 183	0	R.IVQCR.S	
626.3285	625.3212	625.3071	22.5	141 - 145	0	K.QTYSK.F	
693.4030	692.3957	692.3857	14.4	135 - 140	0	R.TGQIFK.Q	
773.3829	772.3757	772.3715	5.36	128 - 134	0	R.LEDGSPR.T	
785.3133	784.3061	784.3062	-0.12	184 - 191	0	R.SVEGSCGF.-	
844.4897	843.4824	843.4814	1.24	71 - 77	0	K.SNLELLR.I	
930.5503	929.5430	929.5334	10.3	1 - 8	0	-FPTIPLSR.L	
979.5110	978.5037	978.4957	8.23	9 - 16	0	R.LFDNAMLR.A	
995.5014	994.4941	994.4906	3.51	9 - 16	0	R.LFDNAMLR.A + Oxidation (M)	
1148.5569	1147.5496	1147.5484	1.06	159 - 167	0	K.NYGLLYCFR.K	
1253.6293	1252.6220	1252.6122	7.89	169 - 178	1	K.DMDKVETFLR.I	
1381.7177	1380.7105	1380.7071	2.42	168 - 178	2	R.KDMDKVETFLR.I	
1489.6977	1488.6904	1488.6845	4.01	146 - 158	0	K.FDTNSHNDDALLK.N	
2055.2103	2054.2031	2054.1928	4.99	78 - 94	0	R.ISLLLIQSWLEPVQFLR.S	
2262.1322	2261.1249	2261.1216	1.47	95 - 115	0	R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLK.D	
2342.1427	2341.1354	2341.1266	3.76	20 - 38	0	R.LHQLAFDITYQEFEEAYIPK.E	
2616.2559	2615.2486	2615.2326	6.13	42 - 64	0	K.YSFLQNPQTSLCFSES IPTPSNR.E	
2727.3414	2726.3342	2726.3228	4.18	20 - 41	1	R.LHQLAFDITYQEFEEAYIPKEQK.Y	
2747.3349	2746.3276	2746.3173	3.74	146 - 168	2	K.FDTNSHNDDALLKKNYGLLYCFRK.D	
3091.5558	3090.5485	3090.5199	9.26	17 - 41	2	R.AHRLHQLAFDITYQEFEEAYIPKEQK.Y	
3359.6308	3358.6235	3358.5776	13.7	42 - 70	1	K.YSFLQNPQTSLCFSES IPTPSNREETQQK.S	

No match to: 1361.6731, 1400.6427, 2087.1987, 3604.8398, 3620.8358, 3761.8360, 4359.2758

17. [gi|12584848](#) Mass: 29149 Score: 293 Expect: 1.9e-22 Matches: 23

human growth hormone/octahistidine/etch virus protease recognition site fusion protein precursor [Cloning vector pSGHV0]

Observed	Mr(expt)	Mr(calc)	ppm	Start	End	Miss	Peptide
618.3510	617.3437	617.3319	19.1	205 - 209	0	R.IVQCR.S	
626.3285	625.3212	625.3071	22.5	167 - 171	0	K.QTYSK.F	
693.4030	692.3957	692.3857	14.4	161 - 166	0	R.TGQIFK.Q	
773.3829	772.3757	772.3715	5.36	154 - 160	0	R.LEDGSPR.T	
844.4897	843.4824	843.4814	1.24	97 - 103	0	K.SNLELLR.I	
979.5110	978.5037	978.4957	8.23	35 - 42	0	R.LFDNAMLR.A	

995.5014	994.4941	994.4906	3.51	35 - 42	0	R.LFDNAMLR.A + Oxidation (M)
1148.5569	1147.5496	1147.5484	1.06	185 - 193	0	K.NYGLLYCFR.K
1253.6293	1252.6220	1252.6122	7.89	195 - 204	1	K.DMDKVETFLR.I
1361.6731	1360.6658	1360.6656	0.11	142 - 153	0	K.DLEEGIQTLMGR.L
1381.7177	1380.7105	1380.7071	2.42	194 - 204	2	R.KDMDKVETFLR.I
1489.6977	1488.6904	1488.6845	4.01	172 - 184	0	K.FDTNSHNDDALLK.N
2055.2103	2054.2031	2054.1928	4.99	104 - 120	0	R.ISLLLIQSWLEPVQFLR.S
2262.1322	2261.1249	2261.1216	1.47	121 - 141	0	R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLK.D
2342.1427	2341.1354	2341.1266	3.76	46 - 64	0	R.LHQLAFDITYQEFEEAYIPK.E
2616.2559	2615.2486	2615.2326	6.13	68 - 90	0	K.YSFLQNPQTSLCSFSEIPTSINR.E
2727.3414	2726.3342	2726.3228	4.18	46 - 67	1	R.LHQLAFDITYQEFEEAYIPKEQ.Y
2747.3349	2746.3276	2746.3173	3.74	172 - 194	2	K.FDTNSHNDDALLKKNYGLLYCFR.K.D
3091.5558	3090.5485	3090.5199	9.26	43 - 67	2	R.AHRLHQLAFDITYQEFEEAYIPKEQK.Y
3359.6308	3358.6235	3358.5776	13.7	68 - 96	1	K.YSFLQNPQTSLCSFSEIPTSINREETQQK.S
3604.8398	3603.8326	3603.7767	15.5	121 - 153	1	R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLKDLLEEGIQTLMGR.L
3620.8358	3619.8285	3619.7716	15.7	121 - 153	1	R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLKDLLEEGIQTLMGR.L + Oxidation (M)
4359.2758	4358.2686	4358.1376	30.0	121 - 160	2	R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLKDLLEEGIQTLMGRLEDGSPR.T

No match to: 785.3133, 930.5503, 1400.6427, 2087.1987, 3761.8360

18. [gi|47121579](#) Mass: 24931 Score: **261** Expect: 2.9e-19 Matches: 20

growth hormone 1 variant 2 [Homo sapiens]

Observed	Mr(expt)	Mr(calcd)	ppm	Start	End	Miss	Peptide
618.3510	617.3437	617.3319	19.1	205 - 209	0	R.IVQCR.S	
626.3285	625.3212	625.3071	22.5	167 - 171	0	K.QTYSK.F	
693.4030	692.3957	692.3857	14.4	161 - 166	0	R.TGQIFK.Q	
773.3829	772.3757	772.3715	5.36	154 - 160	0	R.LEDGSPR.T	
785.3133	784.3061	784.3062	-0.12	210 - 217	0	R.SVEGSCGF.-	
844.4897	843.4824	843.4814	1.24	97 - 103	0	K.SNLELLR.I	
979.5110	978.5037	978.4957	8.23	35 - 42	0	R.LFDNAMLR.A	
995.5014	994.4941	994.4906	3.51	35 - 42	0	R.LFDNAMLR.A + Oxidation (M)	
1148.5569	1147.5496	1147.5484	1.06	185 - 193	0	K.NYGLLYCFR.K	
1253.6293	1252.6220	1252.6122	7.89	195 - 204	1	K.DMDKVETFLR.I	
1381.7177	1380.7105	1380.7071	2.42	194 - 204	2	R.KDMDKVETFLR.I	
1489.6977	1488.6904	1488.6845	4.01	172 - 184	0	K.FDTNSHNDDALLK.N	
2055.2103	2054.2031	2054.1928	4.99	104 - 120	0	R.ISLLLIQSWLEPVQFLR.S	
2262.1322	2261.1249	2261.1216	1.47	121 - 141	0	R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLK.D	
2342.1427	2341.1354	2341.1266	3.76	46 - 64	0	R.LHQLAFDITYQEFEEAYIPK.E	
2616.2559	2615.2486	2615.2326	6.13	68 - 90	0	K.YSFLQNPQTSLCSFSEIPTSINR.E	
2727.3414	2726.3342	2726.3228	4.18	46 - 67	1	R.LHQLAFDITYQEFEEAYIPKEQ.Y	
2747.3349	2746.3276	2746.3173	3.74	172 - 194	2	K.FDTNSHNDDALLKKNYGLLYCFR.K.D	
3091.5558	3090.5485	3090.5199	9.26	43 - 67	2	R.AHRLHQLAFDITYQEFEEAYIPKEQK.Y	
3359.6308	3358.6235	3358.5776	13.7	68 - 96	1	K.YSFLQNPQTSLCSFSEIPTSINREETQQK.S	

No match to: 930.5503, 1361.6731, 1400.6427, 2087.1987, 3604.8398, 3620.8358, 3761.8360, 4359.2758

19. [gi|374638325](#) Mass: 24900 Score: **261** Expect: 2.9e-19 Matches: 20

pituitary growth hormone [Pan troglodytes]

Observed	Mr(expt)	Mr(calcd)	ppm	Start	End	Miss	Peptide
618.3510	617.3437	617.3319	19.1	205 - 209	0	R.IVQCR.S	
626.3285	625.3212	625.3071	22.5	167 - 171	0	K.QTYSK.F	
693.4030	692.3957	692.3857	14.4	161 - 166	0	R.TGQIFK.Q	
773.3829	772.3757	772.3715	5.36	154 - 160	0	R.LEDGSPR.T	
785.3133	784.3061	784.3062	-0.12	210 - 217	0	R.SVEGSCGF.-	
844.4897	843.4824	843.4814	1.24	97 - 103	0	K.SNLELLR.I	
979.5110	978.5037	978.4957	8.23	35 - 42	0	R.LFDNAMLR.A	
995.5014	994.4941	994.4906	3.51	35 - 42	0	R.LFDNAMLR.A + Oxidation (M)	
1148.5569	1147.5496	1147.5484	1.06	185 - 193	0	K.NYGLLYCFR.K	
1253.6293	1252.6220	1252.6122	7.89	195 - 204	1	K.DMDKVETFLR.I	
1381.7177	1380.7105	1380.7071	2.42	194 - 204	2	R.KDMDKVETFLR.I	
1489.6977	1488.6904	1488.6845	4.01	172 - 184	0	K.FDTNSHNDDALLK.N	
2055.2103	2054.2031	2054.1928	4.99	104 - 120	0	R.ISLLLIQSWLEPVQFLR.S	
2262.1322	2261.1249	2261.1216	1.47	121 - 141	0	R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLK.D	
2342.1427	2341.1354	2341.1266	3.76	46 - 64	0	R.LHQLAFDITYQEFEEAYIPK.E	
2616.2559	2615.2486	2615.2326	6.13	68 - 90	0	K.YSFLQNPQTSLCSFSEIPTSINR.E	
2727.3414	2726.3342	2726.3228	4.18	46 - 67	1	R.LHQLAFDITYQEFEEAYIPKEQ.Y	
2747.3349	2746.3276	2746.3173	3.74	172 - 194	2	K.FDTNSHNDDALLKKNYGLLYCFR.K.D	
3091.5558	3090.5485	3090.5199	9.26	43 - 67	2	R.AHRLHQLAFDITYQEFEEAYIPKEQK.Y	
3359.6308	3358.6235	3358.5776	13.7	68 - 96	1	K.YSFLQNPQTSLCSFSEIPTSINREETQQK.S	

No match to: 930.5503, 1361.6731, 1400.6427, 2087.1987, 3604.8398, 3620.8358, 3761.8360, 4359.2758

20. [gi|530411916](#) Mass: 20548 Score: **254** Expect: 1.5e-18 Matches: 19

PREDICTED: somatotropin isoform X1 [Homo sapiens] >gi|9963799|gb|AAG09699.1|AF185611_1 growth hormone variant [Homo sapiens]

Observed	Mr(expt)	Mr(calcd)	ppm	Start	End	Miss	Peptide
618.3510	617.3437	617.3319	19.1	167 - 171	0	R.IVQCR.S	
626.3285	625.3212	625.3071	22.5	129 - 133	0	K.QTYSK.F	
693.4030	692.3957	692.3857	14.4	123 - 128	0	R.TGQIFK.Q	
773.3829	772.3757	772.3715	5.36	116 - 122	0	R.LEDGSPR.T	
785.3133	784.3061	784.3062	-0.12	172 - 179	0	R.SVEGSCGF.-	

844.4897	843.4824	843.4814	1.24	97 - 103	0	K.SNLELLR.I
979.5110	978.5037	978.4957	8.23	35 - 42	0	R.LFDNAML.R.A
995.5014	994.4941	994.4906	3.51	35 - 42	0	R.LFDNAML.R.A + Oxidation (M)
1148.5569	1147.5496	1147.5484	1.06	147 - 155	0	K.NYGLLYCFR.K
1253.6293	1252.6220	1252.6122	7.89	157 - 166	1	K.DMDKVETFLR.I
1381.7177	1380.7105	1380.7071	2.42	156 - 166	2	R.KDMDKVETFLR.I
1489.6977	1488.6904	1488.6845	4.01	134 - 146	0	K.FDTNSHNDDALLK.N
2055.2103	2054.2031	2054.0433	77.8	116 - 133	2	R.LEDGSPTGQIFKQYISK.F
2342.1427	2341.1354	2341.1266	3.76	46 - 64	0	R.LHQLAFDITYQEFEEAYIPK.E
2616.2559	2615.2486	2615.2326	6.13	68 - 90	0	K.YSFLQNPQTSLSLSESIPTPSNR.E
2727.3414	2726.3342	2726.3228	4.18	46 - 67	1	R.LHQLAFDITYQEFEEAYIPKEQK.Y
2747.3349	2746.3276	2746.3173	3.74	134 - 156	2	K.FDTNSHNDDALLKNYGLLYCFR.K.D
3091.5558	3090.5485	3090.5199	9.26	43 - 67	2	R.AHRLHQLAFDITYQEFEEAYIPKEQK.Y
3359.6308	3358.6235	3358.5776	13.7	68 - 96	1	K.YSFLQNPQTSLSLSESIPTPSNREETQK.S

No match to: 930.5503, 1361.6731, 1400.6427, 2087.1987, 2262.1322, 3604.8398, 3620.8358, 3761.8360, 4359.2758

Search Parameters

Type of search : Peptide Mass Fingerprint
 Enzyme : Trypsin
 Variable modifications : [Oxidation \(M\)](#), [Propionamide \(C\)](#)
 Mass values : Monoisotopic
 Protein Mass : Unrestricted
 Peptide Mass Tolerance : ± 100 ppm
 Peptide Charge State : 1+
 Max Missed Cleavages : 3
 Number of queries : 28

Mascot: <http://www.matrixscience.com/>



MASCOT Search Results

Protein View: [gi|2781338](#)

Chain A, 1:2 Complex Of Human Growth Hormone With Its Soluble Binding Protein

Database: NCBIInr
 Score: 369
 Expect: 4.7e-30
 Nominal mass (M_r): 22115
 Calculated pI: 5.27
 Taxonomy: [Homo sapiens](#)

Sequence similarity is available as [an NCBI BLAST search of gi|2781338 against nr.](#)

Search parameters

Enzyme: Trypsin: cuts C-term side of KR unless next residue is P.
 Variable modifications: [Oxidation \(M\)](#), [Propionamide \(C\)](#)
 Mass values searched: 28
 Mass values matched: 25

Protein sequence coverage: 100%

Matched peptides shown in **bold red**.

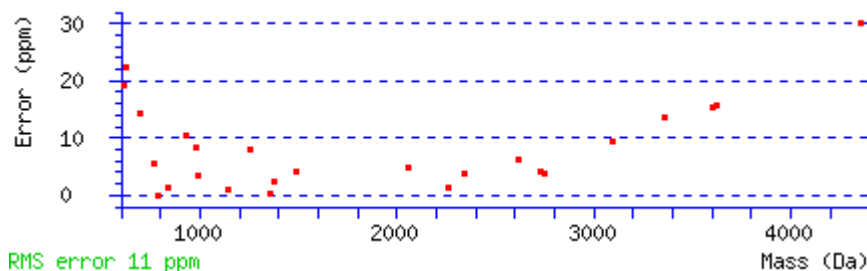
1 **FPTIPLSRLF** **DNAMLRAHRL** **HQLAFDITYQE** **FEEAYIPKEQ** **KYSFLQNPQT**
51 **SLCFSESIPT** **PSNREETQK** **SNLELLRISL** **LLIQSWLEPV** **QFLRSVFANS**
101 **LVYGASDSNV** **YDLLKDLEEG** **IQTLMGRLED** **GSPRTGQIFK** **QTYSKFDTNS**
151 **HNDDALLKNY** **GLLYCFRKDM** **DKVETFLRIV** **QCRSVEGSCG** **F**

Unformatted sequence string: [191 residues](#) (for pasting into other applications).

Start – End	Observed	Mr(expt)	Mr(calc)	ppm	M	Peptide
1 – 8	930.5503	929.5430	929.5334	10.3	0	-.FPTIPLSRL
9 – 16	979.5110	978.5037	978.4957	8.23	0	R.LFDNAML.R.A

Start	End	Observed	Mr(expt)	Mr(calc)	ppm	M	Peptide
9	-16	995.5014	994.4941	994.4906	3.51	0	R.LFDNAMLR.A + Oxidation (M)
17	-41	3091.5558	3090.5485	3090.5199	9.26	2	R.AHRLHQLAFDITYQEFEEAYIPKEQK.Y
20	-38	2342.1427	2341.1354	2341.1266	3.76	0	R.LHQLAFDITYQEFEEAYIPK.E
20	-41	2727.3414	2726.3342	2726.3228	4.18	1	R.LHQLAFDITYQEFEEAYIPKEQK.Y
42	-64	2616.2559	2615.2486	2615.2326	6.13	0	K.YSFLQNPQTSLCSFSEIPTPSNR.E
42	-70	3359.6308	3358.6235	3358.5776	13.7	1	K.YSFLQNPQTSLCSFSEIPTPSNREETQQK.S
71	-77	844.4897	843.4824	843.4814	1.24	0	K.SNLELLR.I
78	-94	2055.2103	2054.2031	2054.1928	4.99	0	R.ISLLLIQSWLEPVQFLR.S
95	-115	2262.1322	2261.1249	2261.1216	1.47	0	R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLK.D
95	-127	3604.8398	3603.8326	3603.7767	15.5	1	R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLKDLEEGIQTLMGR.L
95	-127	3620.8358	3619.8285	3619.7716	15.7	1	R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLKDLEEGIQTLMGR.L + Oxidation (M)
95	-134	4359.2758	4358.2686	4358.1376	30.0	2	R.SVFANSLVYGASDSNVYDLLKDLEEGIQTLMGRLEDGSPR.T
116	-127	1361.6731	1360.6658	1360.6656	0.11	0	K.DLEEGIQTLMGR.L
128	-134	773.3829	772.3757	772.3715	5.36	0	R.LEDGSPR.T
135	-140	693.4030	692.3957	692.3857	14.4	0	R.TGQIFK.Q
141	-145	626.3285	625.3212	625.3071	22.5	0	K.QTYSK.F
146	-158	1489.6977	1488.6904	1488.6845	4.01	0	K.FDTNSHNDDALLK.N
146	-168	2747.3349	2746.3276	2746.3173	3.74	2	K.FDTNSHNDDALLKKNYGLLYCFRK.D
159	-167	1148.5569	1147.5496	1147.5484	1.06	0	K.NYGLLYCFR.K
168	-178	1381.7177	1380.7105	1380.7071	2.42	2	R.KDMDKVETFLR.I
169	-178	1253.6293	1252.6220	1252.6122	7.89	1	K.DMDKVETFLR.I
179	-183	618.3510	617.3437	617.3319	19.1	0	R.IVQCR.S
184	-191	785.3133	784.3061	784.3062	-0.12	0	R.SVEGSCGF-

No match to: 1400.6427, 2087.1987, 3761.8360

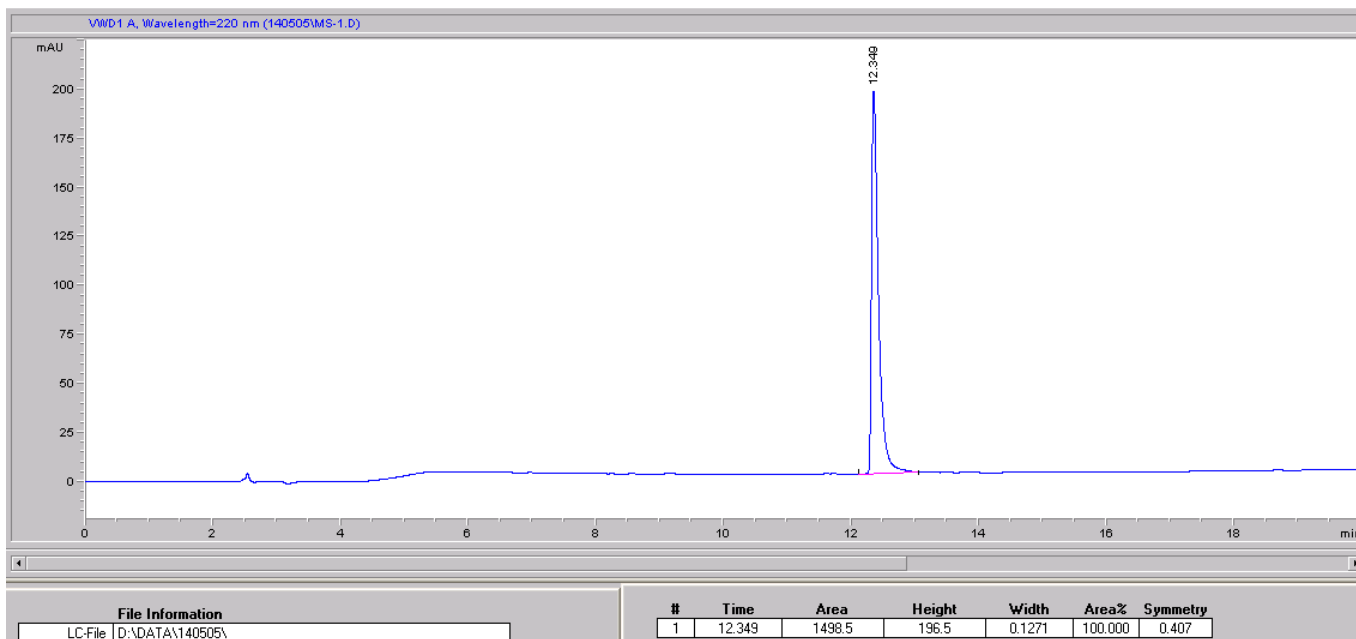


LOCUS 1HWG_A 191 aa linear PRI 10-OCT-2012
 DEFINITION Chain A, 1:2 Complex Of Human Growth Hormone With Its Soluble Binding Protein.
 ACCESSION 1HWG_A
 VERSION 1HWG_A GI:2781338
 DBSOURCE pdb: molecule 1HWG, chain 65, release Jun 18, 2009;
 deposition: Nov 13, 1996;
 class: Complex (HormoneRECEPTOR);
 source: Mmdb_id: 6974, Pdb_id 1: 1HWG;
 Exp. method: X-Ray Diffraction.
 KEYWORDS .
 SOURCE Homo sapiens (human)
 ORGANISM Homo sapiens
 Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
 Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Haplorrhini;
 Catarrhini; Hominidae; Homo.
 REFERENCE 1 (residues 1 to 191)
 AUTHORS Sundstrom,M., Lundqvist,T., Rodin,J., Giebel,L.B., Milligan,D. and Norstedt,G.
 TITLE Crystal structure of an antagonist mutant of human growth hormone, G120R, in complex with its receptor at 2.9 A resolution
 JOURNAL J. Biol. Chem. 271 (50), 32197-32203 (1996)
 PUBMED 8943276
 REFERENCE 2 (residues 1 to 191)
 AUTHORS Sundstrom,S.M. and Lundqvist,T.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (13-NOV-1996)
 COMMENT SEQRES.
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..191
 /organism="Homo sapiens"

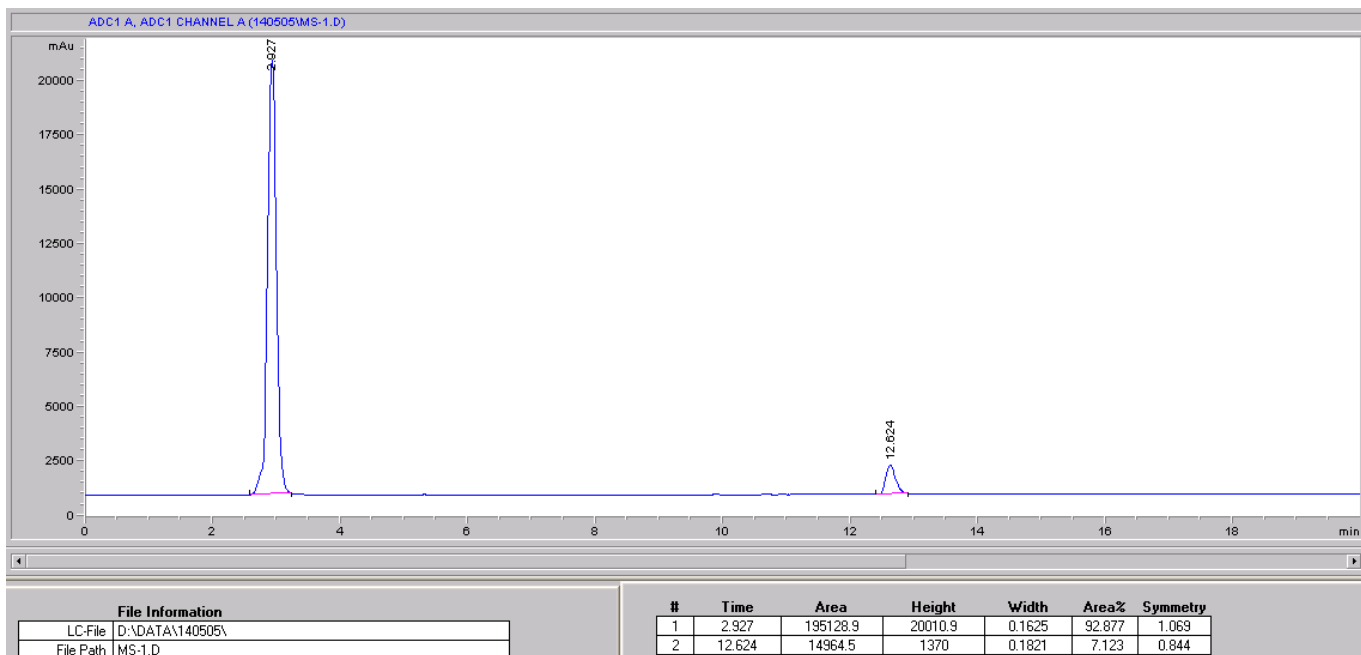
```

/db_xref="taxon:9606"
SecStr 6..34
/sec_str_type="helix"
/note="helix 1"
Region 9..189
/region_name="somatotropin_like"
/note="Somatotropin or growth hormone (GH), placental lactogen, and related pituitary gland hormones; cd10285"
/db_xref="CDD:198435"
Site order(9,12,15..16,18,21..22,25,41..42,45..46,48,61..64,67..68,116,119..120,123,164,167..168,171..172,174..175,178..179,182,189)
/site_type="other"
/note="receptor binding interface [polypeptide binding]"
/db_xref="CDD:198435"
SecStr 38..46
/sec_str_type="helix"
/note="helix 2"
Bond bond(53,165)
/bond_type="disulfide"
SecStr 63..70
/sec_str_type="helix"
/note="helix 3"
SecStr 72..86
/sec_str_type="helix"
/note="helix 4"
SecStr 93..100
/sec_str_type="helix"
/note="helix 5"
SecStr 107..127
/sec_str_type="helix"
/note="helix 6"
SecStr 157..184
/sec_str_type="helix"
/note="helix 7"
Bond bond(182,189)
/bond_type="disulfide"
    
```

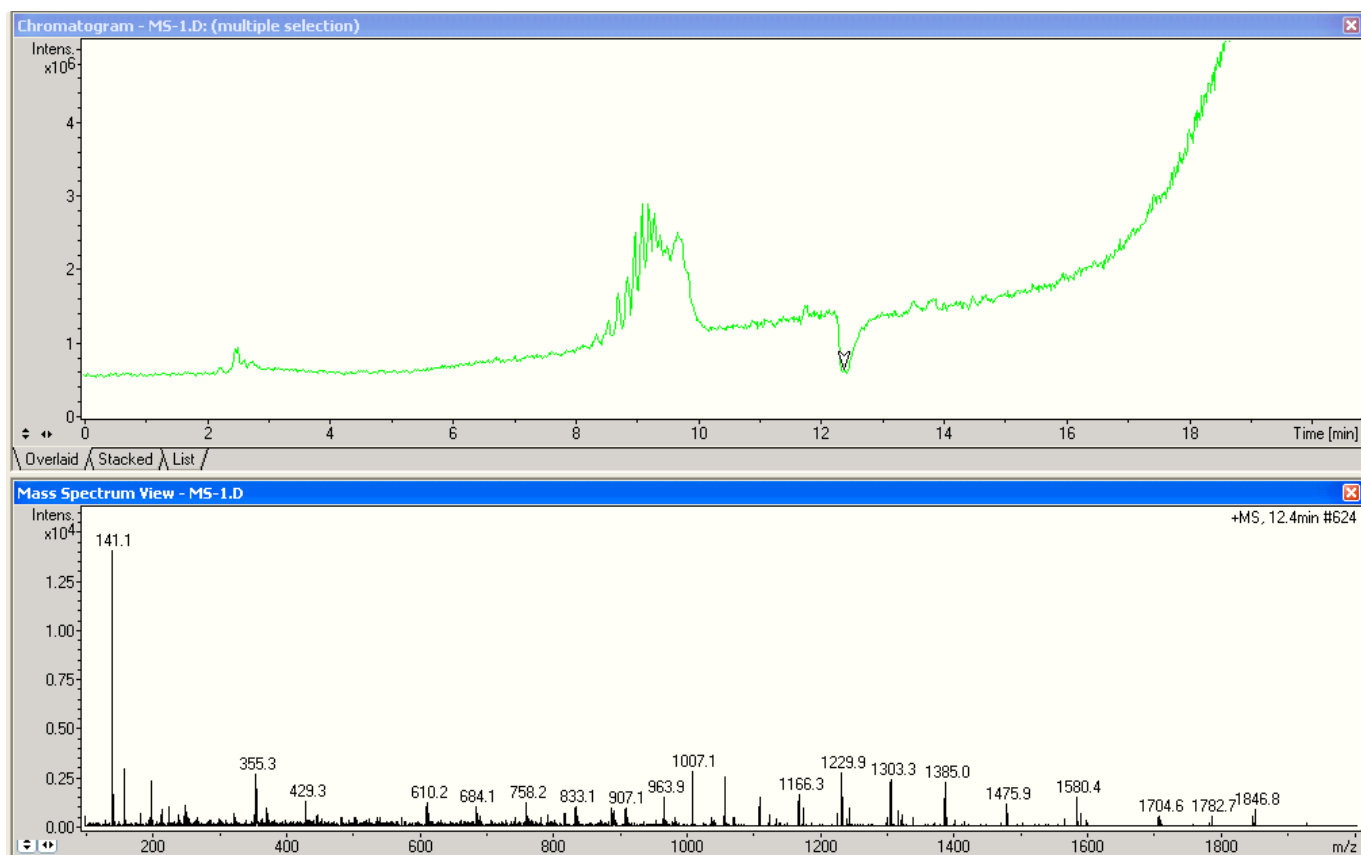
Приложение 3. Хроматограммы с УФ и ELSD и масс-детекторами препарата «Нугетропин». Результаты деконволюции.



Хроматограмма с УФ детектором.



Хроматограмма с ELSD детектором.



Масспектр пика с временем удерживания 12.4 минуты.

Результаты деконволюции

Component	Molecular Mass	Molecular Mass	Average Abundance	Molecule Abundance	Absolute	Relative
A	22118.3	22118.3	[M + H] ⁺	4771	81.19	
B	22146.1	22146.1	[M + H] ⁺	5876	100.00	

Component A Detail

Actual Peak	Charge	Isotopic Mass ([M + H] ⁺)	Predicted Peak
1230.0	18+	22122.9	1230.0
1301.9	17+	22117.0	1302.0
1383.3	16+	22117.8	1383.3
1475.6	15+	22119.3	1475.6
1580.6	14+	22115.8	1580.7
1702.2	13+	22116.0	1702.3
1844.0	12+	22117.4	1844.1

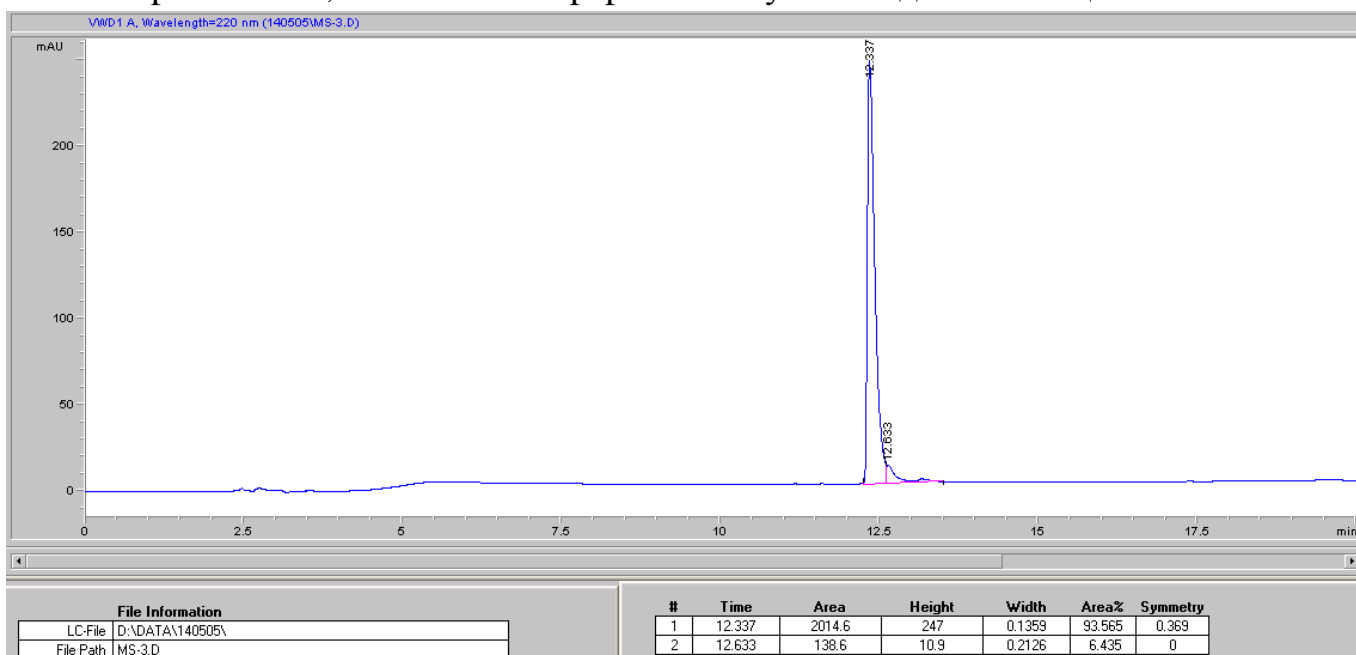
Molecular Mass ([M + H]⁺): 22118.3 Std. Deviation: 0.853715
 Average Mass ([M + H]⁺): 22118.3

Component B Detail

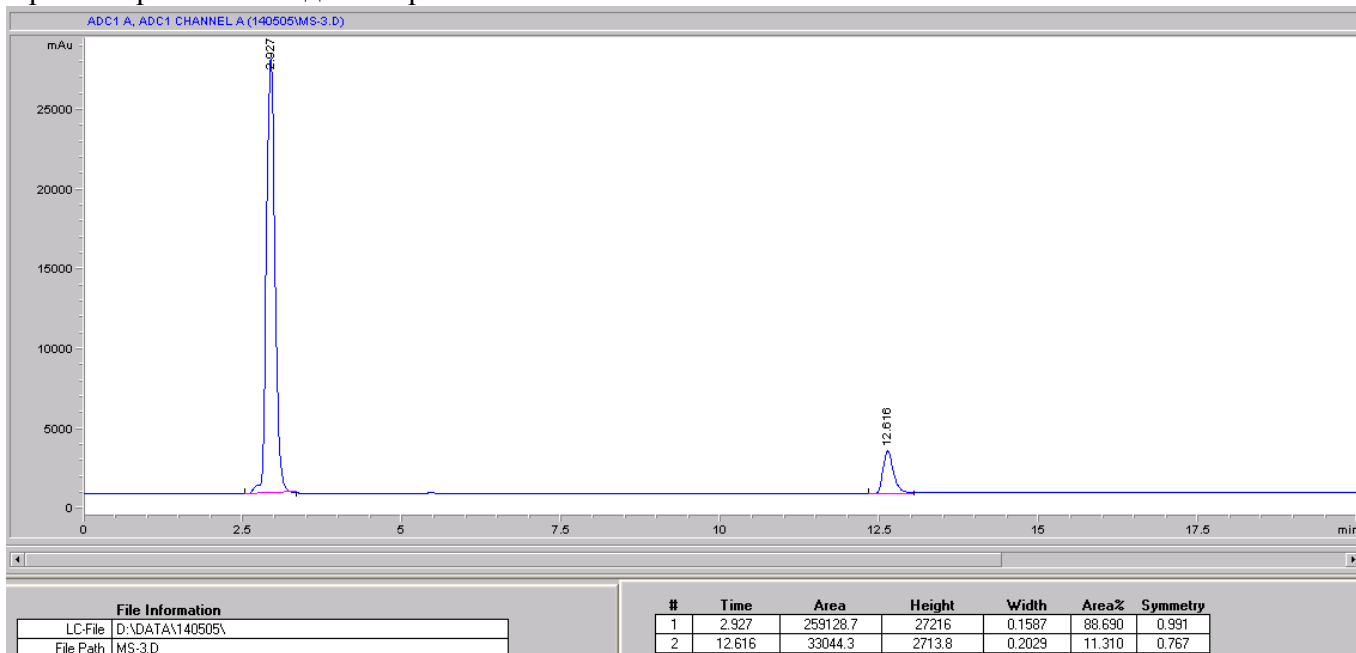
Actual Peak	Charge	Isotopic Mass ([M + H] ⁺)	Predicted Peak
1055.6	21+	22148.0	1055.6
1108.3	20+	22147.7	1108.4
1166.4	19+	22142.7	1166.4
1231.3	18+	22146.3	1231.3
1303.7	17+	22147.2	1303.7

Molecular Mass ([M + H]⁺): 22146.1 Std. Deviation: 0.644655
 Average Mass ([M + H]⁺): 22146.1

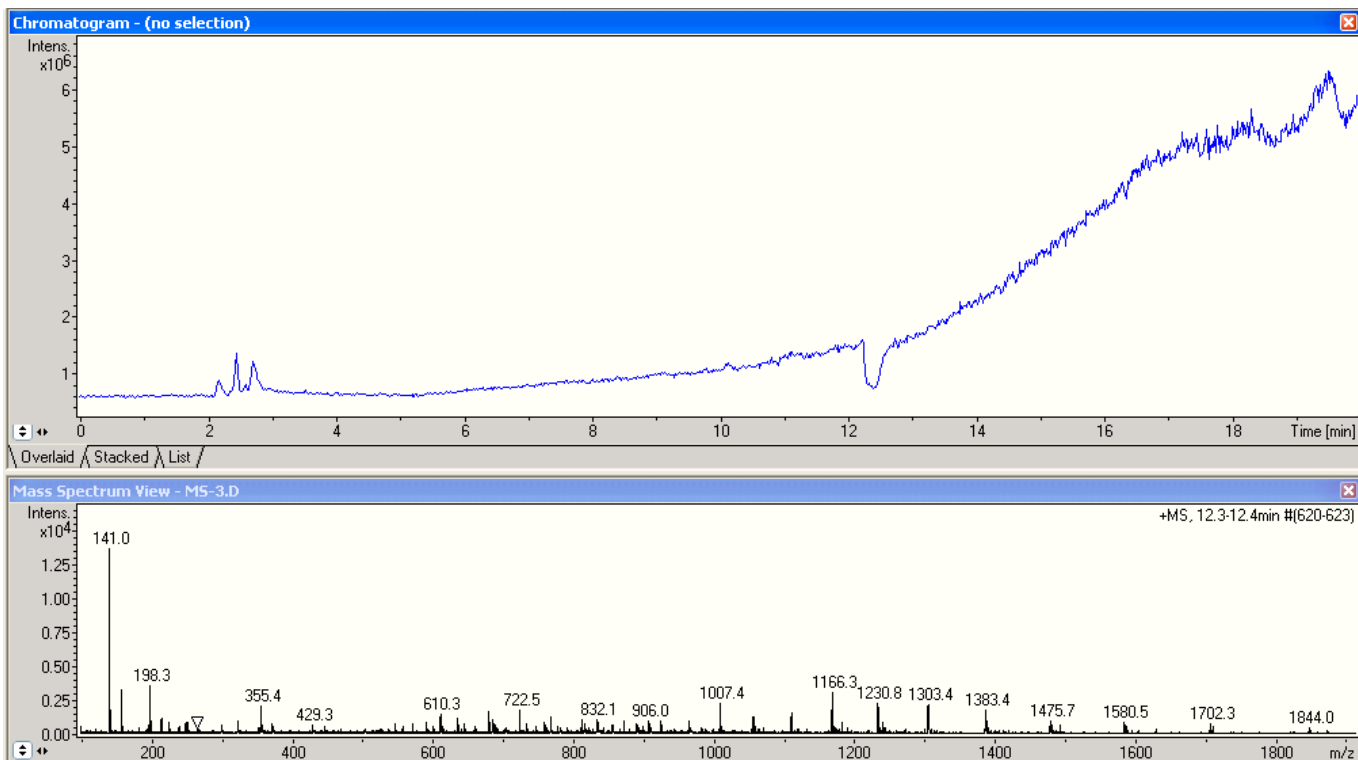
Приложение 4. Хроматограммы с УФ и ELSD и масс-детекторами препарата «Somatropin 191 AA, 10 IU» Canadapeptides. Результаты деконволюции.



Хроматограмма с УФ детектором.



Хроматограмма с ELSD детектором.



Масспектр пика с временем удерживания 12.4 минуты.

Результаты деконволюции

Component	Molecular Mass	Average Mass	Molecule	Absolute	Relative
		Abundance	Abundance		
A	22143.2	22143.2	[M + H] ⁺	12665	100.00
B	22148.3	22148.3	[M + H] ⁺	7608	60.07
C	22120.9	22120.9	[M + H] ⁺	8740	69.01
D	22113.6	22113.6	[M + H] ⁺	3439	27.15
E	22123.8	22123.8	[M + H] ⁺	5145	40.62

Component A Detail

Actual Peak	Charge	Isotopic Mass ([M + H] ⁺)	Predicted Peak
1166.4	19+	22142.6	1166.4
1231.2	18+	22143.7	1231.2
1303.5	17+	22142.6	1303.5
1385.0	16+	22144.1	1385.0
1477.2	15+	22143.2	1477.2

Molecular Mass ([M + H]⁺): 22143.2 Std. Deviation: 0.407439
 Average Mass ([M + H]⁺): 22143.2

Component B Detail

Actual Charge Peak	Isotopic Mass ([M + H] ⁺)	Predicted Peak
1055.7 21+	22149.0	1055.7
1108.4 20+	22148.0	1108.4
1166.6 19+	22147.4	1166.7

Molecular Mass ([M + H]⁺): 22148.3 Std. Deviation: 0.572468
 Average Mass ([M + H]⁺): 22148.3

Component C Detail

Actual Charge Peak	Isotopic Mass ([M + H] ⁺)	Predicted Peak
1229.8 18+	22120.0	1229.9
1302.2 17+	22122.1	1302.2
1383.4 16+	22120.0	1383.5
1475.7 15+	22121.9	1475.7

Molecular Mass ([M + H]⁺): 22120.9 Std. Deviation: 0.605044
 Average Mass ([M + H]⁺): 22120.9

Component D Detail

Actual Charge Peak	Isotopic Mass ([M + H] ⁺)	Predicted Peak
1383.1 16+	22114.3	1383.1
1475.2 15+	22114.1	1475.2
1580.5 14+	22113.4	1580.5

Molecular Mass ([M + H]⁺): 22113.6 Std. Deviation: 0.346116
 Average Mass ([M + H]⁺): 22113.6

Component E Detail

Actual Charge Peak	Isotopic Mass ([M + H] ⁺)	Predicted Peak
962.9 23+	22124.9	962.9
1006.6 22+	22124.3	1006.6
1054.4 21+	22121.5	1054.4
1107.2 20+	22124.0	1107.1

Molecular Mass ([M + H]⁺): 22123.8 Std. Deviation: 0.726288
 Average Mass ([M + H]⁺): 22123.8