

Spot Number	Accession number	Protein Name	Progenesis SameSpots		Predicted		Exper		Protein Score	Unique Peptides	Secuence coverage
			Fold change	p	Mr	pI	Mr	pI			
289	ALBU_MOUSE	Serum albumin	2,5	0,028	68,7	5,75			602	15	30
347			2	0,047					506	15	31
492			2,9	0,054			66	5,18	225	14	30
702			2,5	0,021			57	5,26	157	9	18
825			2,1	0,06			52	5,4	128	5	11
886			2,1	0,06			46	5,33	112	8	18
964			1,9	0,004			44	5,23	177	9	17
1000			2,3	0,01			42	5,27	144	7	16
981			2,7	5,45E-04			43	5,26	148	9	19
1072			2,1	2,08E-04			38	5,28	344	11	24
1078			2,5	1,90E-02			38	5,19	269	9	19
492			MYH6_MOUSE	Myosin-6			2,9	0,054	223	5,57	66
825	2,1	0,06			52	5,4	522	23			12
492	MYH7_MOUSE	Myosin-7	2,9	0,054	223	5,59	66	5,18	168	19	9
825			2,1	0,06			52	5,4	384	18	8
1376	MYL3_MOUSE	Myosin light chain 3	1,8	0,021	22,4	5,03	22	5,13	560	12	64
1890			-2,5	0,005			13	5,46	208	5	29
2462			1,5	0,07			22	5,24	159	8	48
2465			2,2	0,013			22	5,16	347	12	61
492	QCR1_MOUSE	Cytochrome b-c1	2,9	0,054	52,8	5,81	66	5,18	153	13	36
702			2,5	0,021			57	5,26	143	13	33
865			2,2	0,007			47	5,24	321	6	20
492	GRP75_MOUSE	Stress-70 protein, mitochondrial	2,9	0,054	73,4	5,81	66	5,18	118	6	10
663	MDHC_MOUSE	Malate dehydrogenase, cyt	2,6	0,046	36,5	6,16	59	6,18	162	10	33
717			2,2	0,003			56	6,2	259	11	43
1107			2,1	0,033			37	6,28	334	12	40
1113			1,9	0,013			36	6,16	627	15	50
2354			1,5	0,07			37	5,48	172	8	24
663	DHSA_MOUSE	Succinate dehydrogenase [ubiquinone]	2,6	0,046	68	6,32	59	6,18	135	12	25
667	ACTBL_MOUSE	Beta-actin-like protein 2	1,8	3,40E-02	42	5,3	59	5,13	137	3	9
697			2,6	2,30E-02			57	5,03	102	4	10
781			2,3	2,50E-02			53	5,08	103	2	6
2405			1,7	1,40E-02			45	5,49	91	4	14
697	VIME_MOUSE	Vimentin	2,6	2,30E-02	53,5	5,05	57	5,03	624	30	62
702	SUCB1_MOUSE	Succinyl-CoA ligase [ADP-forming]	2,5	2,10E-02	50	6,57	57	5,26	136	12	25
2516			1,9	3,40E-02			45	5,24	566	22	52
741	DESM_MOUSE	Desmin	2,4	1,30E-02	53,4	5,21	55	5,17	484	19	52
750			2,1	6,00E-03			54	5,14	1010	36	71
1000			2,3	1,00E-02			42	5,27	234	14	39
781	ATPB_MOUSE	ATP synthase subunit beta, mit	2,3	2,5E-02	56,3	5,19	53	5,11	869	25	74
792			2,4	3,20E-03			53	5,07	939	24	71
839			2	3,80E-02			50	5,05	307	15	44
828			1,9	1,50E-02			52	4,99	1040	24	71
829			2	3,10E-02			51	5,02	1160	24	71
2028	ATP5J_MOUSE	ATP synthase - coupling factor 6, mit	1,8	5,60E-02	12,5	9,36	9	5,2	151	6	52
836	LDHB_MOUSE	L-lactate dehydrogenase B chain	1,8	5,80E-02	36,4	5,7	50	5,48	110	11	37
2356			2,4	1,40E-02			38	5,49	465	18	66
867	ENOB_MOUSE	Beta-enolase	1,9	4,00E-02	46,9	6,73	47	6,8	471	22	61
867	ENOG_MOUSE	Gamma-enolase	1,9	4,00E-02	47,2	4,99	47	6,8	293	11	28
964	TNNT2_MOUSE	Troponin T cardiac muscle	1,9	0,004	35,8	4,98	44	5,23	505	16	42
979			2,3	0,009			43	5,2	706	19	46
980			1,9	0,037			43	5,16	755	20	47
981			2,7	5,45E-04			43	5,26	145	10	28

2404			1,9	0,03			44	5,49	147	7	23
1258	NDUS3_MOUSE	NADH dehydrogenase (ubiquinone) iron-sulfur protein 3, mitochondrial	2,1	0,05	30	5,67	29	5,42	286	9	34
2462	NDUV2_MOUSE	NADH dehydrogenase (ubiquinone) flavoprotein 2	1,5	0,07	27,2	7	22	5,24	301	11	51
1847	TTHY_MOUSE	Transthyretin	2,7	0,059	15,7	5,77	15	5,91	179	6	76
1890	FABPH_MOUSE	Fatty acid-binding protein, heart	-2,5	0,005	14,8	6,11	13	5,46	85	3	32
2462	APOA1_MOUSE	Apolipoprotein A-1	1,5	0,07	20,5	5,51	22	5,24	152	8	31
2465			2,2	0,013			22	5,16	375	16	44
781	ACTC_MOUSE	Actin, alpha cardiac muscle 1	2,3	0,025	42	5,23	42,3	5,08	155	25	29
839			2	0,038			50	5,02	462	15	44
886			2,1	0,06			46	5,33	132	8	26
1072			2,1	2,08E-04			38	5,28	429	12	42
1078			2,5	1,90E-02			38	5,19	113	7	24
2405			1,7	1,40E-02			45	5,49	370	9	28
981			2,7	5,45E-04			43	5,26	193	10	31
667			1,8	3,40E-02			59	5,13	624	14	54
2516			1,9	3,40E-02			45	5,24	183	12	38
981			ACTH_MOUSE	Actin, gamma-enteric smooth muscle			2,7	5,45E-04	41,8	5,3	43
683	CH60_MOUSE	60 Kda heat shock protein, mit	1,8	2,80E-02	57,9	5,35	58	5,22	1120	27	61
836	IDH3A_MOUSE	Isocitrate dehydrogenase	1,8	5,80E-02	36,7	5,71	50	5,48	134	6	23
1000			2,3	1,00E-02			45	5,27	210	8	30
1089	ODPB_MOUSE	Pyruvate dehydrogenase E1 comp	2,1	0,009	35,8	5,29	38	5,23	317	10	16
1149			2,2	0,003			36	5,29	727	16	67
1150			1,9	0,014			36	5,21	503	15	60
1270	PHB_MOUSE	Prohibitin	1,8	0,024	29,8	5,57	38	5,28	739	14	61
1302	No confirmed Protein Found										
1916	No confirmed Protein Found										
1919	No confirmed Protein Found										

Supplementary Table 1. Classification of the proteins identified as altered in the cardiac left ventricles from TPCN1 KO vs. WT mice by 2-DE-MADI-MS. The spot number, SwissProt accession number, protein name, relative fold-change and P-value (given by the software SameSpots), experimental and theoretical pI and Mw values, Mascot score, assigned unique peptides and sequence coverage are listed. The proteins were considered as differentially expressed when a relative fold-change >1.8 and p-value <0.05 were observed. n=3. table 1. Proteins identified as altered in cardiac left ventricles from TPCN1 KO vs. WT mice by 2-DE-MALDI-MS.