

Protein name	Gene symbol	Chr	Start	End	Size	Band	Spectral counts	RPKM value of two gastric cancer cell lines	
								SNU16	KATOIII
MXRA5	MXRA5	X	3.20E+06	3.30E+06	3.80E+04	Xp22.33	3	ND	ND
DDX3Y	DDX3Y	Y	1.50E+07	1.50E+07	1.60E+04	Yq11.21	11	ND	ND
TIMP1	TIMP1	X	4.70E+07	4.70E+07	4.50E+03	Xp11.23	4	1.5	5.1
MAGA4	MAGEA4	X	1.50E+08	1.50E+08	1.30E+04	Xq28	10	ND	ND
MAGAA	MAGEA10	X	1.50E+08	1.50E+08	5.30E+03	Xq28	6	ND	ND
TKTL1	TKTL1	X	1.50E+08	1.50E+08	3.50E+04	Xq28	31	ND	ND
AGRIN	AGRN	1	9.60E+05	9.90E+05	3.60E+04	1p36.33	3	9.2	13.2
PLOD1	PLOD1	1	1.20E+07	1.20E+07	4.10E+04	1p36.22	5	10.2	6.6
NECP2	NECAP2	1	1.70E+07	1.70E+07	1.90E+04	1p36.13	4	5.4	2.2
MFAP2	MFAP2	1	1.70E+07	1.70E+07	7.10E+03	1p36.13	7	0.6	ND
ARGAL	ARHGEF10L	1	1.80E+07	1.80E+07	1.60E+05	1p36.13	3	14.8	0.7
KHDR1	KHDRBS1	1	3.20E+07	3.30E+07	4.70E+04	1p35.1	9	17.3	6.2
FHL3	FHL3	1	3.80E+07	3.80E+07	8.80E+03	1p34.3	4	0.4	ND
PABP4	PABPC4	1	4.00E+07	4.00E+07	1.60E+04	1p34.3	7	11.4	3.2
PYRG1	CTPS	1	4.10E+07	4.10E+07	3.30E+04	1p34.2	14	4.2	1.6
P3H1	LEPRE1	1	4.30E+07	4.30E+07	2.10E+04	1p34.2	6	1.9	1.1
FUBP1	FUBP1	1	7.80E+07	7.80E+07	3.50E+04	1p31.1	5	9.8	4.3
GBP5	GBP5	1	9.00E+07	9.00E+07	1.40E+04	1p22.2	3	ND	ND
LASS2	CERS2	1	1.50E+08	1.50E+08	1.40E+04	1q21.3	5	ND	ND
HDGF	HDGF	1	1.60E+08	1.60E+08	2.50E+04	1q23.1	3	46.5	21.8
FHR1	CFHR1	1	2.00E+08	2.00E+08	1.20E+04	1q31.3	3	ND	ND
KCC1G	CAMK1G	1	2.10E+08	2.10E+08	3.00E+04	1q32.2	3	ND	ND
P5CR2	PYCR2	1	2.30E+08	2.30E+08	4.40E+03	1q42.12	4	13.2	4.0
GREM2	GREM2	1	2.40E+08	2.40E+08	1.20E+05	1q43	3	ND	ND
CEBPZ	CEBPZ	2	3.70E+07	3.70E+07	3.00E+04	2p22.2	3	7.4	3.8
MSH2	MSH2	2	4.80E+07	4.80E+07	1.60E+05	2p21	6	7.5	4.8
MSH6	MSH6	2	4.80E+07	4.80E+07	2.40E+04	2p16.3	3	6.4	4.3
FBLN3	EFEMP1	2	5.60E+07	5.60E+07	5.80E+04	2p16.1	25	ND	ND
SNUT2	USP39	2	8.60E+07	8.60E+07	4.60E+04	2p11.2	4	9.7	3.6
PTCD3	PTCD3	2	8.60E+07	8.60E+07	3.60E+04	2p11.2	4	7.4	2.5
RPIA	RPIA	2	8.90E+07	8.90E+07	5.90E+04	2p11.2	8	10.8	2.9
KV312	IGKV3-20	2	8.90E+07	8.90E+07	5.90E+02	2p11.2	20	ND	ND
FHL2	FHL2	2	1.10E+08	1.10E+08	8.10E+04	2q12.2	6	20.1	5.9
RBP2	RANBP2	2	1.10E+08	1.10E+08	6.60E+04	2q12.3	4	8.1	2.0
DDX18	DDX18	2	1.20E+08	1.20E+08	1.80E+04	2q14.1	5	11.3	3.7
MCM6	MCM6	2	1.40E+08	1.40E+08	3.70E+04	2q21.3	3	9.6	2.7
HAT1	HAT1	2	1.70E+08	1.70E+08	7.00E+04	2q31.1	3	5.9	4.0
ITAV	ITGAV	2	1.90E+08	1.90E+08	9.10E+04	2q32.1	5	2.7	1.9
TOP2B	TOP2B	3	2.60E+07	2.60E+07	6.70E+04	3p24.2	8	7.3	2.4
CO7A1	COL7A1	3	4.90E+07	4.90E+07	3.10E+04	3p21.31	10	0.7	ND
RL29	RPL29	3	5.20E+07	5.20E+07	2.30E+03	3p21.2	4	165.0	61.3
UBA3	UBA3	3	6.90E+07	6.90E+07	2.60E+04	3p14.1	3	3.1	2.5

DTX3L	DTX3L	3	1.20E+08	1.20E+08	1.10E+04	3q21.1	3	2.6	3.0
PROF2	PFN2	3	1.50E+08	1.50E+08	8.60E+04	3q25.1	5	10.1	ND
DHX36	DHX36	3	1.50E+08	1.50E+08	5.20E+04	3q25.2	3	2.7	2.7
LXN	LXN	3	1.60E+08	1.60E+08	2.70E+04	3q25.32	6	ND	ND
FND3B	FNDC3B	3	1.70E+08	1.70E+08	3.60E+05	3q26.31	4	2.7	3.9
GBB4	GNB4	3	1.80E+08	1.80E+08	5.60E+04	3q26.33	11	0.4	0.4
LPP	LPP	3	1.90E+08	1.90E+08	7.40E+05	3q27.3	6	3.8	3.1
PALLD	PALLD	4	1.70E+08	1.70E+08	4.30E+05	4q32.3	10	1.2	3.2
WWC2	WWC2	4	1.80E+08	1.80E+08	2.20E+05	4q35.1	3	ND	0.7
HMCS1	HMGCS1	5	4.30E+07	4.30E+07	2.40E+04	5p12	3	25.4	11.3
SK2L2	SKIV2L2	5	5.50E+07	5.50E+07	1.20E+05	5q11.2	4	6.3	2.6
ARSB	ARSB	5	7.80E+07	7.80E+07	2.10E+05	5q14.1	6	0.5	0.3
TSP4	THBS4	5	7.90E+07	7.90E+07	9.20E+04	5q14.1	6	ND	ND
CSPG2	VCAN	5	8.30E+07	8.30E+07	1.10E+05	5q14.2	26	ND	ND
NUDC2	NUDCD2	5	1.60E+08	1.60E+08	6.70E+03	5q34	3	4.9	2.4
HXK3	HK3	5	1.80E+08	1.80E+08	1.80E+04	5q35.2	5	ND	ND
DREB	DBN1	5	1.80E+08	1.80E+08	1.80E+04	5q35.3	4	0.4	2.3
PDLI7	PDLIM7	5	1.80E+08	1.80E+08	1.40E+04	5q35.3	10	0.8	1.6
1A68	ENSG0000235657	6	n/a	n/a	4.60E+03	HSCR6_MHC_DB_B	9	ND	ND
1A23	ENSG0000223980	6	n/a	n/a	4.60E+03	HSCR6_MHC_SST_O	6	ND	ND
TBB2B	TUBB2B	6	3.20E+06	3.20E+06	7.50E+03	6p25.2	71	ND	ND
H12	HIST1H1C	6	2.60E+07	2.60E+07	7.80E+02	6p22.2	5	191.8	237.0
H2B1J	HIST1H2B_J	6	2.70E+07	2.70E+07	6.50E+03	6p22.1	12	349.2	281.8
H2B1K	HIST1H2B_K	6	2.70E+07	2.70E+07	8.60E+03	6p22.1	15	366.1	157.6
1C01	HLA-C	6	3.10E+07	3.10E+07	3.40E+03	6p21.33	7	13.2	25.5
1B51	HLA-B	6	3.10E+07	3.10E+07	3.30E+03	6p21.33	14	6.5	29.4
1B59	HLA-B	6	3.10E+07	3.10E+07	3.30E+03	6p21.33	11	6.5	29.4
1B07	HLA-B	6	3.10E+07	3.10E+07	3.30E+03	6p21.33	9	6.5	29.4
1B41	HLA-B	6	3.10E+07	3.10E+07	3.30E+03	6p21.33	7	6.5	29.4
HA24	HLA-DQA1	6	3.30E+07	3.30E+07	1.90E+04	6q21.32	5	ND	ND
MEP1A	MEP1A	6	4.70E+07	4.70E+07	4.60E+04	6p12.3	16	6.5	ND
MCM3	MCM3	6	5.20E+07	5.20E+07	2.10E+04	6p12.2	6	32.6	12.0
RAB23	RAB23	6	5.70E+07	5.70E+07	3.30E+04	6p11.2	3	0.9	0.6
HDAC2	HDAC2	6	1.10E+08	1.10E+08	7.80E+04	6q21	9	3.5	2.0
E41L2	EPB41L2	6	1.30E+08	1.30E+08	2.20E+05	6q23.2	7	9.9	3.4
TSP2	THBS2	6	1.70E+08	1.70E+08	3.80E+04	6q27	3	ND	2.7
AGR3	AGR3	7	1.70E+07	1.70E+07	2.30E+04	7p21.1	21	14.1	18.5
IF2B3	IGF2BP3	7	2.30E+07	2.40E+07	1.60E+05	7p15.3	9	8.0	0.8
CPVL	CPVL	7	2.90E+07	2.90E+07	2.00E+05	7p14.3	3	ND	2.7
AEBP1	AEBP1	7	4.40E+07	4.40E+07	1.00E+04	7p13	7	ND	ND
ABCAD	ABCA13	7	4.80E+07	4.90E+07	4.80E+05	7p12.3	3	ND	ND
EGFR	EGFR	7	5.50E+07	5.50E+07	2.40E+05	7p11.2	6	11.3	4.0

LANC2	LANCL2	7	5.50E+07	5.60E+07	6.80E+04	7p11.2	8	3.2	1.0
CLD3	CLDN3	7	7.30E+07	7.30E+07	1.30E+03	7q11.23	6	18.7	1.7
PON2	PON2	7	9.50E+07	9.50E+07	3.00E+04	7q21.3	3	5.0	1.0
POP7	POP7	7	1.00E+08	1.00E+08	1.40E+03	7q22.1	3	13.7	5.6
MPPB	PMPCB	7	1.00E+08	1.00E+08	3.20E+04	7q22.1	5	6.9	2.8
MEST	MEST	7	1.30E+08	1.30E+08	2.00E+04	7q32.2	4	23.8	8.5
COPG2	COPG2	7	1.30E+08	1.30E+08	2.10E+05	7q32.2	10	6.5	2.1
ABP1	ABP1	7	1.50E+08	1.50E+08	3.70E+04	7q36.1	7	2.9	0.3
DEF4	DEFA4	8	6.80E+06	6.80E+06	2.50E+03	8p23.1	28	ND	ND
GGH	GGH	8	6.40E+07	6.40E+07	2.40E+04	8q12.3	8	3.1	0.7
HNF4G	HNF4G	8	7.60E+07	7.60E+07	1.60E+05	8q21.11	4	2.8	1.3
PUF60	PUF60	8	1.40E+08	1.40E+08	1.40E+04	8q24.3	5	19.1	11.4
BOP1	BOP1	8	1.50E+08	1.50E+08	2.90E+04	8q24.3	4	11.4	6.1
RRAGA	RRAGA	9	1.90E+07	1.90E+07	1.70E+03	9p22.1	3	2.3	3.3
CD2A1	CDKN2A	9	2.20E+07	2.20E+07	2.80E+04	9p21.3	4	ND	ND
TF3C4	GTF3C4	9	1.40E+08	1.40E+08	2.50E+04	9q34.13	7	4.2	3.0
EF1A3	EEF1A1P5	9	1.40E+08	1.40E+08	1.70E+03	9q34.13	147	ND	ND
VAV2	VAV2	9	1.40E+08	1.40E+08	2.30E+05	9q34.2	5	1.8	3.6
TBB8	TUBB8	10	9.30E+04	9.60E+04	3.20E+03	10p15.3	22	ND	ND
CDC2	CDK1	10	6.30E+07	6.30E+07	1.70E+04	10q21.2	7	7.3	4.9
P4HA1	P4HA1	10	7.50E+07	7.50E+07	9.00E+04	10q22.1	5	5.8	4.3
BTAF1	BTAF1	10	9.40E+07	9.40E+07	1.10E+05	10q23.32	4	4.7	2.3
ERLN1	ERLN1	10	1.00E+08	1.00E+08	3.80E+04	10q24.31	6	5.6	2.3
NPM3	NPM3	10	1.00E+08	1.00E+08	2.10E+03	10q24.32	3	26.4	6.4
RRP5	PDCD11	10	1.10E+08	1.10E+08	5.00E+04	10q24.33	3	9.0	2.4
ADDG	ADD3	10	1.10E+08	1.10E+08	1.40E+05	10q25.1	4	6.5	7.4
BCCIP	BCCIP	10	1.30E+08	1.30E+08	3.00E+04	10q26.2	4	7.6	3.5
GLRX3	GLRX3	10	1.30E+08	1.30E+08	4.80E+04	10q26.3	5	8.3	2.6
RIC8A	RIC8A	11	2.10E+05	2.20E+05	7.60E+03	11p15.5	3	5.5	2.1
PKP3	PKP3	11	3.90E+05	4.00E+05	1.20E+04	11p15.5	9	27.6	6.7
GHC1	SLC25A22	11	7.90E+05	8.00E+05	7.80E+03	11p15.5	4	3.4	0.8
NAT10	NAT10	11	3.40E+07	3.40E+07	4.20E+04	11p13	11	10.3	1.6
DDB1	DDB1	11	6.10E+07	6.10E+07	4.30E+04	11q12.2	6	32.6	15.0
NC2A	DRAP1	11	6.60E+07	6.60E+07	2.30E+03	11q13.1	3	4.8	4.5
RBM4	RBM4	11	6.60E+07	6.60E+07	2.80E+04	11q13.2	3	12.7	6.4
HEM3	HMBS	11	1.20E+08	1.20E+08	8.70E+03	11q23.3	4	5.1	4.4
NOL1	NOP2	12	6.70E+06	6.70E+06	1.20E+04	12p13.31	4	5.9	2.8
DDX47	DDX47	12	1.30E+07	1.30E+07	1.70E+04	12p13.1	7	4.5	5.4
RT35	MRPS35	12	2.80E+07	2.80E+07	4.60E+04	12p11.22	3	31.2	9.8
K6PF	PFKM	12	4.80E+07	4.90E+07	4.10E+04	12q13.11	8	13.4	3.1
ARF3	ARF3	12	4.90E+07	4.90E+07	5.40E+04	12q13.12	126	11.6	7.1
KRT81	KRT81	12	5.30E+07	5.30E+07	5.60E+03	12q13.13	162	ND	ND
K2C79	KRT79	12	5.30E+07	5.30E+07	1.30E+04	12q13.13	10	ND	ND
ROA1	HNRNPA1	12	5.50E+07	5.50E+07	6.90E+03	12q13.13	37	0.9	1.2
SMRC2	SMARCC2	12	5.70E+07	5.70E+07	2.80E+04	12q13.2	4	5.4	2.0

IKIP	IKBIP	12	9.90E+07	9.90E+07	3.20E+04	12q23.1	4	ND	0.4
RAB35	RAB35	12	1.20E+08	1.20E+08	2.20E+04	12q24.23	19	3.7	2.0
TRUA	PUS1	12	1.30E+08	1.30E+08	1.50E+04	12q24.33	4	11.1	1.9
HS105	HSPH1	13	3.20E+07	3.20E+07	2.60E+04	13q12.3	17	8.1	6.5
IMA3	KPNA3	13	5.00E+07	5.00E+07	9.40E+04	13q14.2	3	5.2	2.2
RRP44	DIS3	13	7.30E+07	7.30E+07	2.70E+04	13q22.1	3	2.8	1.7
DHRS2	DHRS2	14	2.40E+07	2.40E+07	1.50E+04	14q11.2	134	0.9	1.2
HSP72	HSPA2	14	6.50E+07	6.50E+07	7.30E+03	14q23.3	46	4.5	ND
FBLN5	FBLN5	14	9.20E+07	9.20E+07	7.80E+04	14q32.12	4	ND	ND
TRM61	TRMT61A	14	1.00E+08	1.00E+08	7.90E+03	14q32.32	3	7.4	2.2
TSP1	THBS1	15	4.00E+07	4.00E+07	1.80E+04	15q14	19	ND	ND
GCNT3	GCNT3	15	6.00E+07	6.00E+07	9.00E+03	15q22.2	5	18.0	15.9
TLN2	TLN2	15	6.30E+07	6.30E+07	2.00E+05	15q22.2	6	10.8	4.8
RB11A	RAB11A	15	6.60E+07	6.60E+07	2.30E+04	15q22.31	6	11.1	8.4
MP2K1	MAP2K1	15	6.70E+07	6.70E+07	1.00E+05	15q22.31	3	6.0	3.8
PML	PML	15	7.40E+07	7.40E+07	5.30E+04	15q24.1	4	2.4	1.0
CSK	CSK	15	7.50E+07	7.50E+07	2.10E+04	15q24.1	5	14.7	4.7
IMP3	IMP3	15	7.60E+07	7.60E+07	9.60E+03	15q24.2	4	22.8	8.8
DMN	SYNM	15	1.00E+08	1.00E+08	3.10E+04	15q26.3	36	0.3	ND
TRYD	TPSD1	16	1.30E+06	1.30E+06	2.40E+03	16p13.3	3	ND	ND
ELOB	TCEB2	16	2.80E+06	2.80E+06	5.90E+03	16p13.3	3	34.3	22.3
RLID1	RSLID1	16	1.20E+07	1.20E+07	1.70E+04	16p13.13	9	11.4	4.1
THUM1	THUMPD1	16	2.10E+07	2.10E+07	8.40E+03	16p12.3	4	3.3	2.7
XTP3A	DCTPP1	16	3.00E+07	3.00E+07	6.40E+03	16p11.2	3	8.0	6.8
MMP2	MMP2	16	5.60E+07	5.60E+07	2.80E+04	16q12.2	4	ND	ND
EST1	CES1	16	5.60E+07	5.60E+07	3.00E+04	16q12.2	27	ND	ND
GNAO	GNAO1	16	5.60E+07	5.60E+07	1.70E+05	16q12.2	3	ND	ND
ULA1	NAE1	16	6.70E+07	6.70E+07	2.80E+04	16q22.1	5	16.9	5.8
TPPP3	TPPP3	16	6.70E+07	6.70E+07	3.70E+03	16q22.1	3	0.6	2.1
HPTR	HPR	16	7.20E+07	7.20E+07	2.30E+04	16q22.2	3	ND	ND
DPEP1	DPEP1	16	9.00E+07	9.00E+07	2.50E+04	16q24.3	20	ND	ND
NXN	NXN	17	7.00E+05	8.80E+05	1.80E+05	17p13.3	9	2.3	5.5
GLYC	SHMT1	17	1.80E+07	1.80E+07	3.60E+04	17p11.2	3	4.0	3.9
RAB34	RAB34	17	2.70E+07	2.70E+07	4.10E+03	17q11.2	5	2.7	ND
BLMH	BLMH	17	2.90E+07	2.90E+07	4.40E+04	17q11.2	3	10.6	ND
ACACA	ACACA	17	3.50E+07	3.60E+07	3.20E+05	17q12	12	12.4	5.5
RM45	MRPL45	17	3.60E+07	3.60E+07	2.60E+04	17q12	4	7.8	3.3
PPR1B	PPP1R1B	17	3.80E+07	3.80E+07	9.70E+03	17q12	9	0.6	21.1
ERBB2	ERBB2	17	3.80E+07	3.80E+07	4.10E+04	17q12	38	12.6	5.9
GRB7	GRB7	17	3.80E+07	3.80E+07	9.40E+03	17q12	16	3.0	1.8
TOP2A	TOP2A	17	3.90E+07	3.90E+07	3.00E+04	17q21.2	11	17.0	16.0
KRA21	KRTAP2-1	17	3.90E+07	3.90E+07	7.80E+02	17q21.2	5	ND	ND
KIH2	KRT32	17	4.00E+07	4.00E+07	7.90E+03	17q21.2	15	ND	ND
FKB10	FKBP10	17	4.00E+07	4.00E+07	1.10E+04	17q21.2	50	ND	4.5
U5S1	EFTUD2	17	4.30E+07	4.30E+07	4.90E+04	17q21.31	16	19.2	2.2

NMT1	NMT1	17	4.30E+07	4.30E+07	4.80E+04	17q21.31	5	6.9	5.5
CBX1	CBX1	17	4.60E+07	4.60E+07	3.10E+04	17q21.32	4	6.5	3.3
MRC2	MRC2	17	6.10E+07	6.10E+07	6.60E+04	17q23.2	3	ND	0.7
DDX42	DDX42	17	6.20E+07	6.20E+07	4.50E+04	17q23.3	3	8.2	3.7
IMA2	KPNA2	17	6.60E+07	6.60E+07	1.10E+04	17q24.2	10	22.0	17.2
GALK1	GALK1	17	7.40E+07	7.40E+07	7.30E+03	17q25.1	3	5.3	2.8
RAB31	RAB31	18	9.70E+06	9.90E+06	1.50E+05	18p11.22	8	2.9	ND
SMCA4	SMARCA4	19	1.10E+07	1.10E+07	1.00E+05	19p13.2	4	21.1	3.3
LEG7	LGALS7	19	3.90E+07	3.90E+07	2.50E+03	19q13.2	6	ND	ND
CEAM5	CEACAM5	19	4.20E+07	4.20E+07	2.20E+04	19q13.2	23	ND	ND
CEAM6	CEACAM6	19	4.20E+07	4.20E+07	1.70E+04	19q13.2	10	24.5	113.8
CEAM1	CEACAM1	19	4.30E+07	4.30E+07	2.10E+04	19q13.2	3	1.1	2.8
AP2A1	AP2A1	19	5.00E+07	5.00E+07	4.00E+04	19q13.33	14	9.2	4.0
TNNI3	TNNI3	19	5.60E+07	5.60E+07	6.00E+03	19q13.42	3	0.4	ND
RT26	MRPS26	20	3.00E+06	3.00E+06	2.30E+03	20p13	5	14.6	5.3
OFUT1	POFUT1	20	3.10E+07	3.10E+07	3.10E+04	20q11.21	5	6.4	3.2
CHM4B	CHMP4B	20	3.20E+07	3.20E+07	4.30E+04	20q11.22	4	8.7	5.5
RALY	RALY	20	3.30E+07	3.30E+07	1.10E+05	20q11.22	12	23.1	17.1
MYH7B	MYH7B	20	3.40E+07	3.40E+07	4.70E+04	20q11.22	5	ND	ND
SRC	SRC	20	3.60E+07	3.60E+07	6.10E+04	20q11.23	10	7.1	4.8
ACOT8	ACOT8	20	4.40E+07	4.40E+07	1.60E+04	20q13.12	4	3.1	2.7
MMP9	MMP9	20	4.50E+07	4.50E+07	7.70E+03	20q13.12	7	ND	ND
ATP9A	ATP9A	20	5.00E+07	5.00E+07	1.70E+05	20q13.2	3	7.5	3.7
PFD4	PFDN4	20	5.30E+07	5.30E+07	2.00E+04	20q13.2	5	2.1	1.6
U2AF1	U2AF1	21	4.50E+07	4.50E+07	1.50E+04	21q22.3	3	9.2	2.9