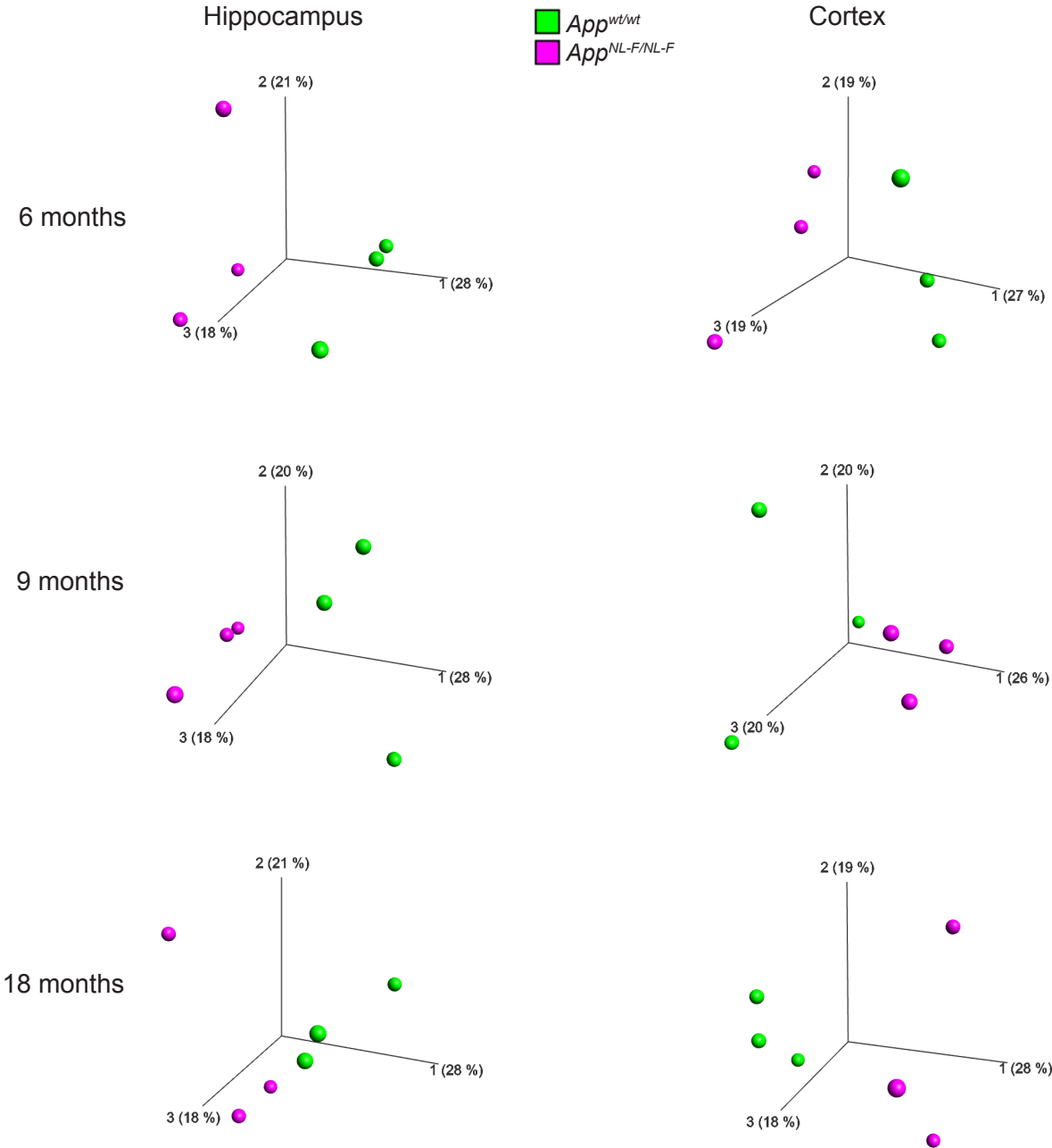


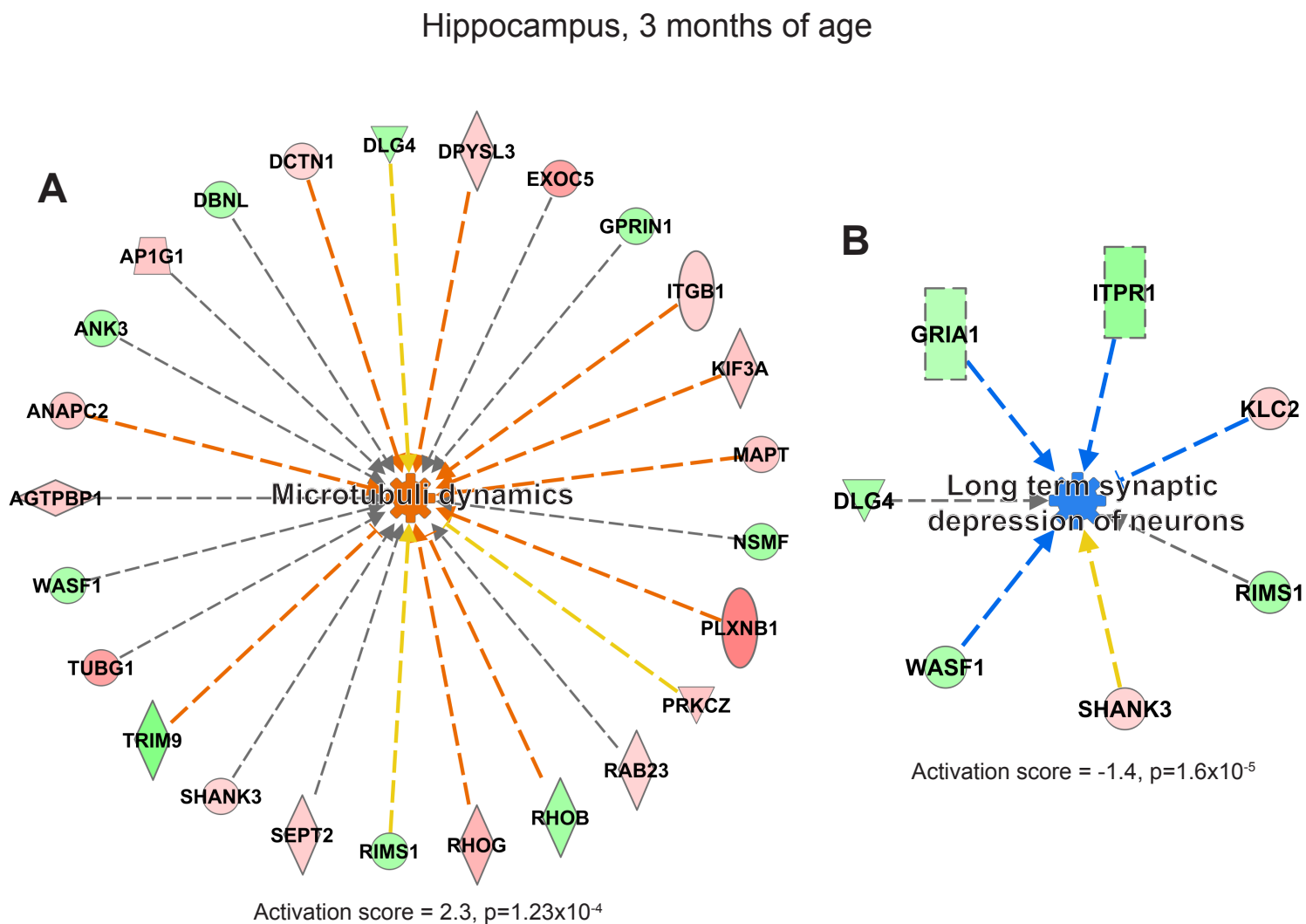
# Supplementary Material

## Proteomics Time-Course Study of *App* Knock-In Mice Reveals Novel Presymptomatic A $\beta$ 42-Induced Pathways to Alzheimer's Disease Pathology

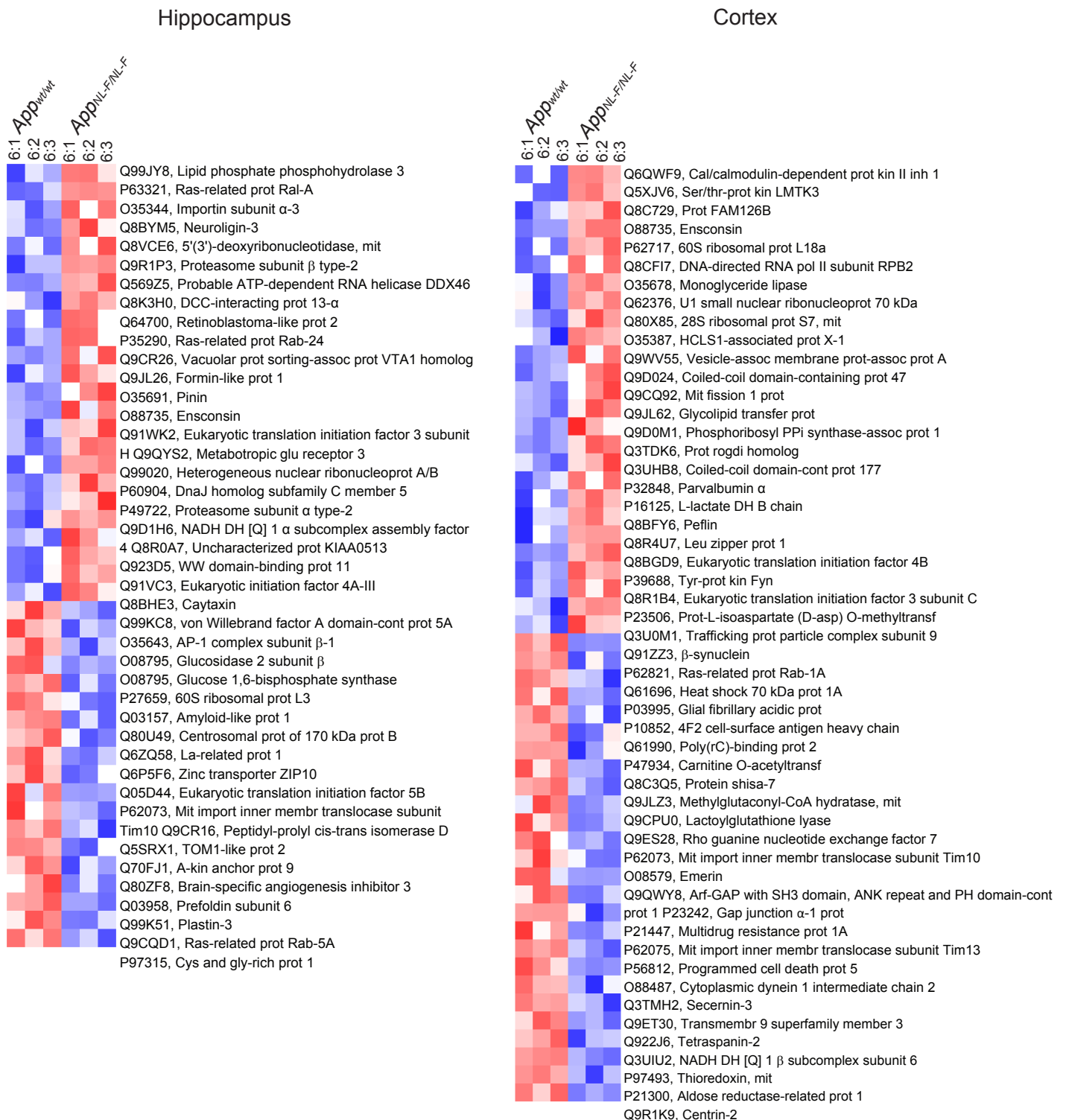
**Supplementary Figure 1.** PCA plots showing altered protein levels in hippocampus and cortex from *App*<sup>NL-F/NL-F</sup> mice compared to *App*<sup>wt/wt</sup> mice at six, nine and 18 months of age. *App*<sup>NL-F/NL-F</sup> and *App*<sup>wt/wt</sup> mice are shown in magenta and green, respectively.



**Supplementary Figure 2.** Processes predicted by IPA to be affected in hippocampus at three months of age. Red and green color, up- and down-regulation, respectively, of protein levels determined by  $^{18}\text{O}$  labeling of tryptic peptides followed by LC-MS/MS analysis. Orange and blue color, predicted up- and down-regulation, respectively. Blue and orange arrows, consistent with literature data, yellow lines, inconsistent with literature data.

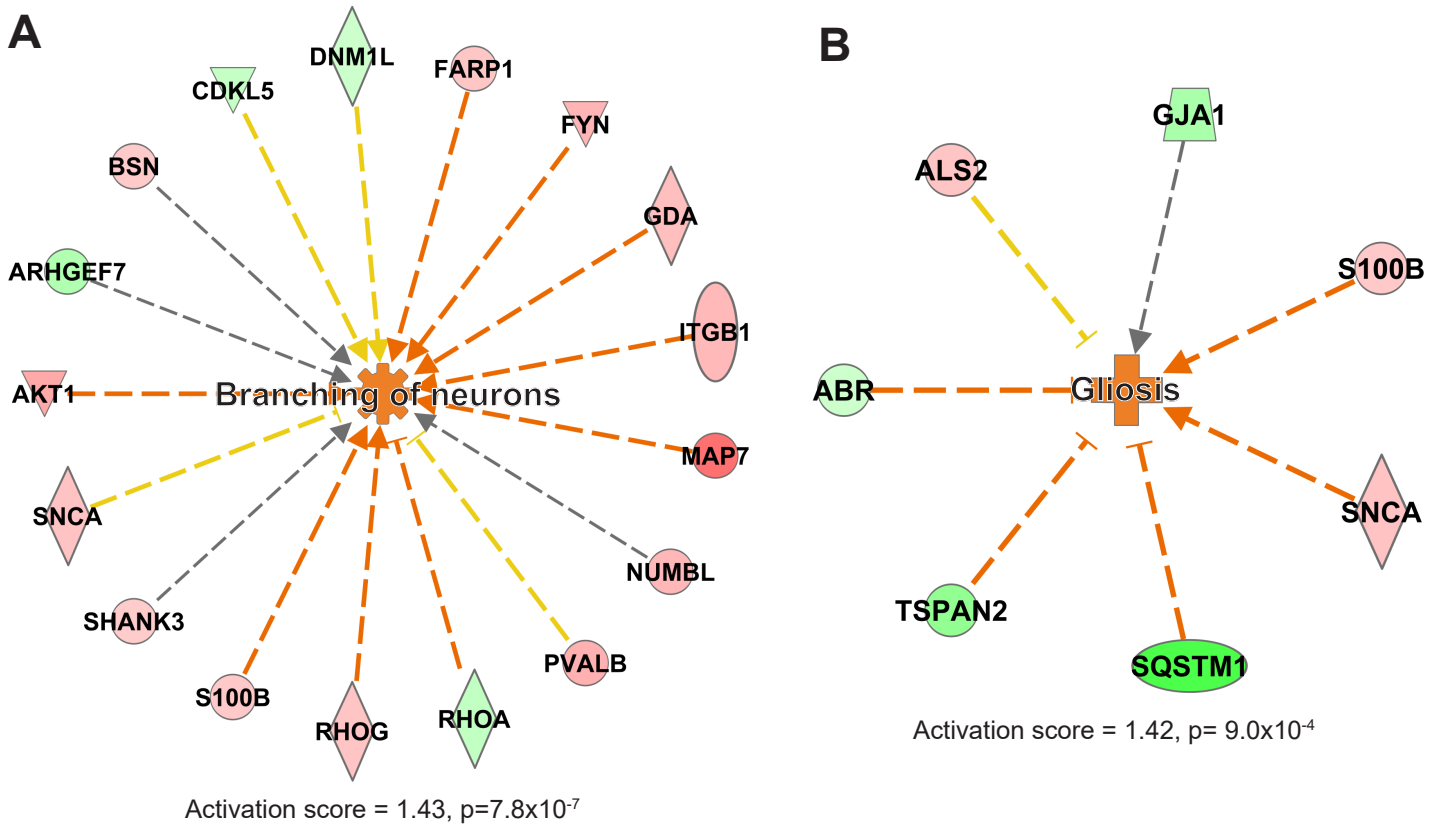


**Supplementary Figure 3.** Heat maps showing altered protein levels in hippocampus and cortex from *App<sup>NL-F/NL-F</sup>* mice compared to *App<sup>wt/wt</sup>* mice at six months of age. The data were subjected to two-group comparison using Qlucore Omics Explorer version 3.3 to generate heat maps to display proteins with altered levels in hippocampus (left) and cortex (right) using significance threshold of  $p < 0.05$  and at least 1.5-fold up- or downregulation. Red, upregulated; blue, downregulated. The UniProt code and abbreviated protein names are shown for each protein hit.

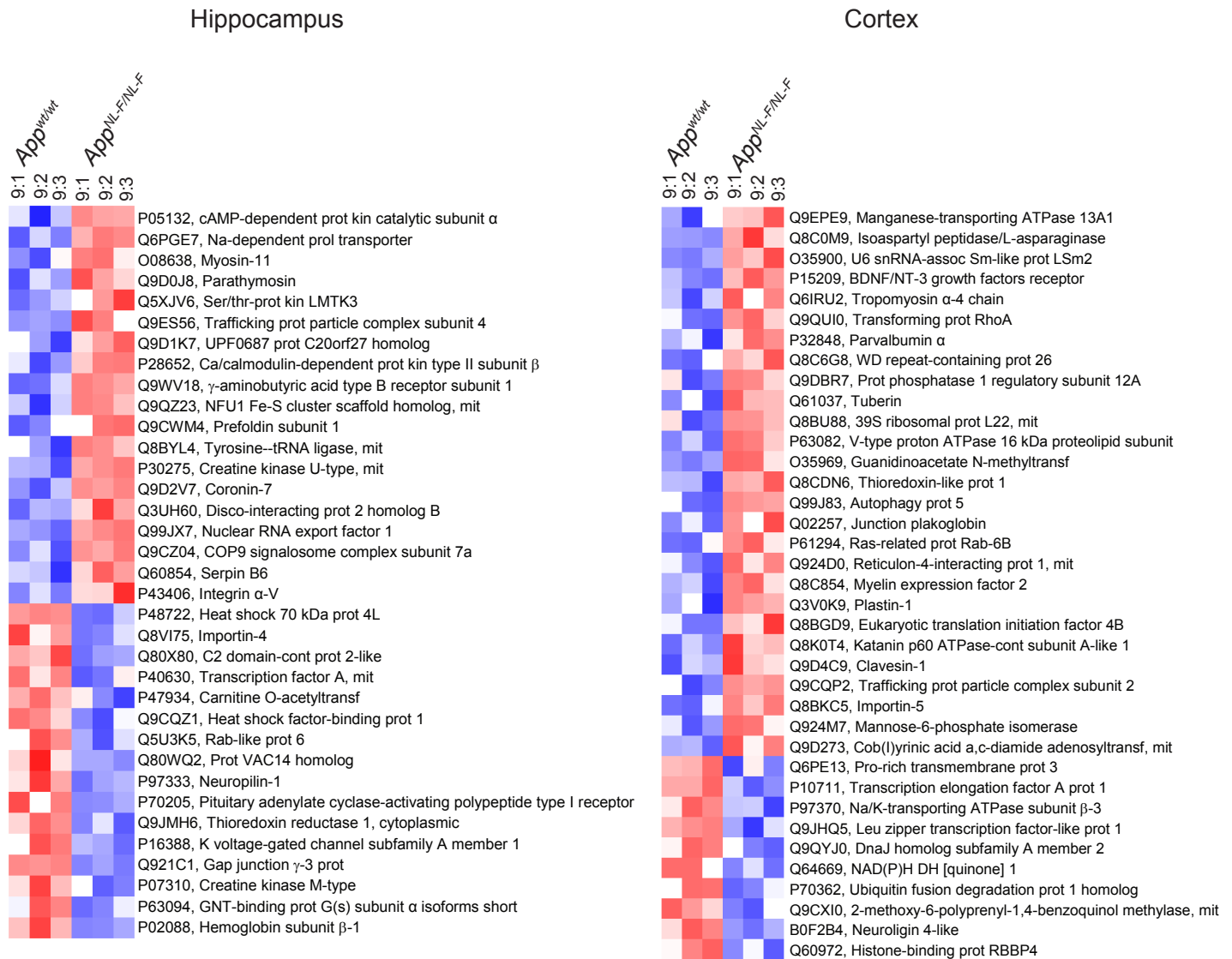


**Supplementary Figure 4.** Processes predicted by IPA to be affected in cortex at six months of age. Red and green color, up- and downregulation, respectively, of protein levels determined by  $^{18}\text{O}$  labeling of tryptic peptides followed by LC-MS/MS analysis. Orange color, predicted upregulation. Orange arrows, consistent with literature data, yellow lines, inconsistent with literature data.

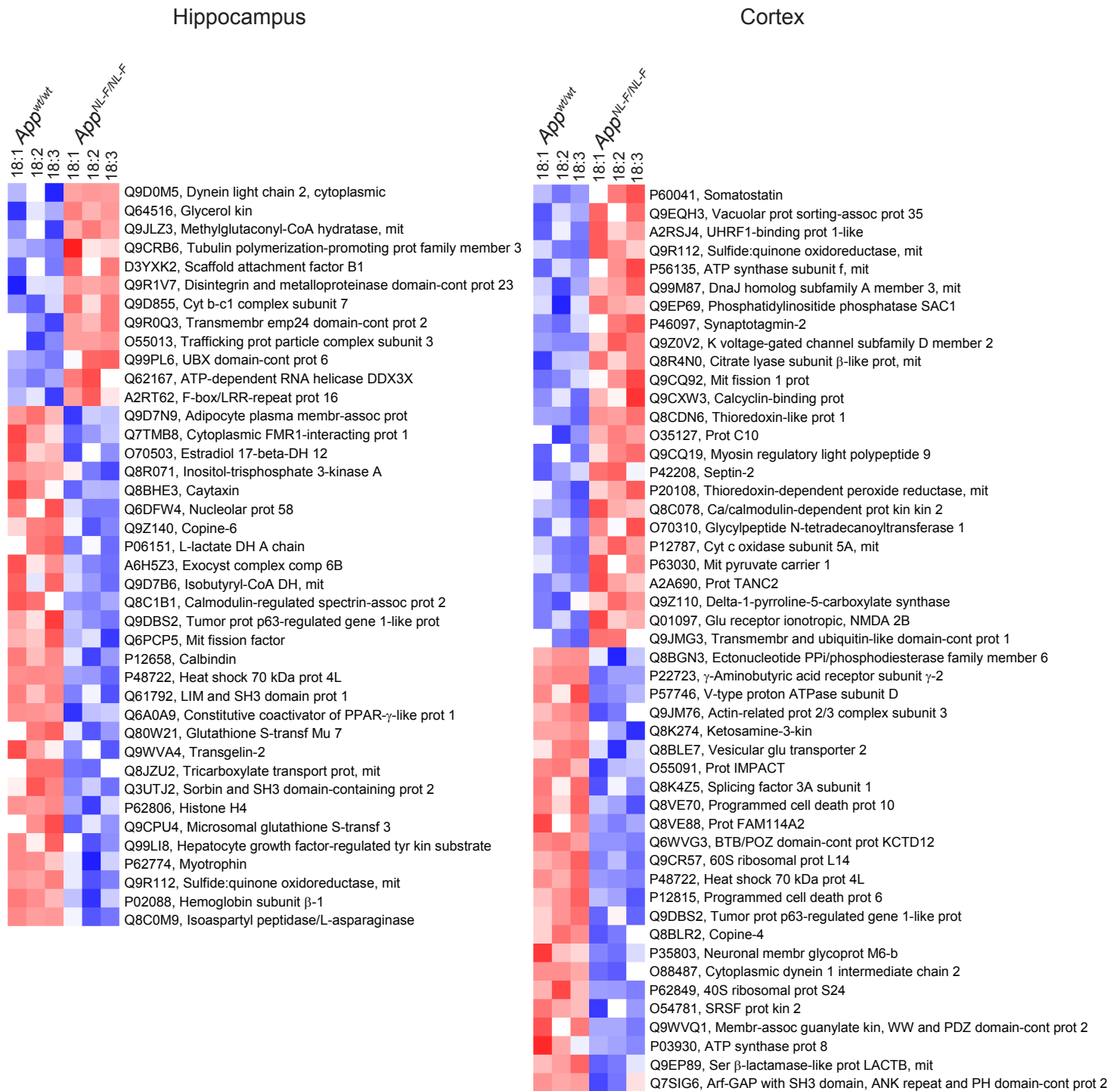
Cortex, 6 months of age



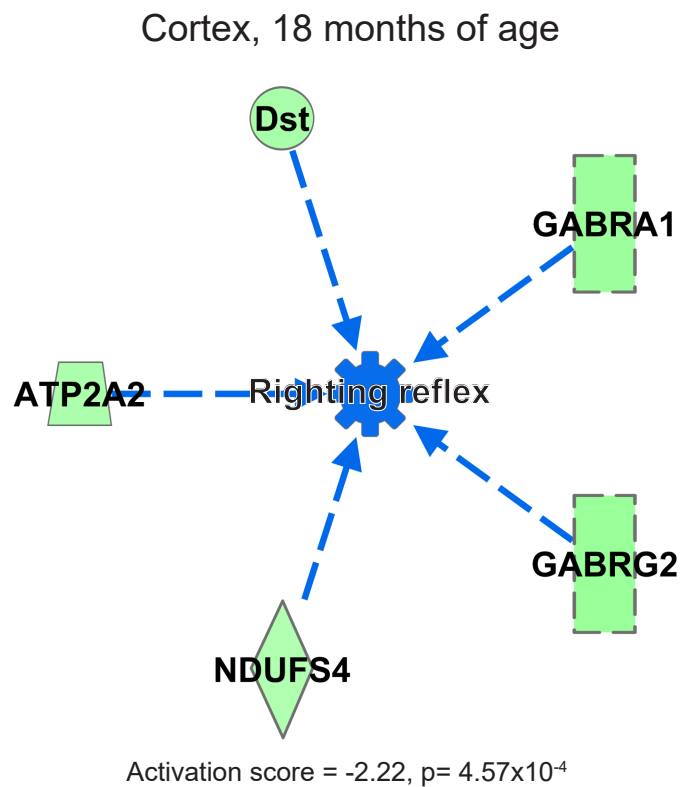
**Supplementary Figure 5.** Heat maps showing altered protein levels in hippocampus and cortex from *App<sup>NL-F/NL-F</sup>* mice compared to *App<sup>wt/wt</sup>* mice at nine months of age. The data were subjected to two-group comparison using Qlucore Omics Explorer version 3.3 to generate heat maps for proteins with altered levels in hippocampus (left) and cortex (right) using significance threshold of  $p < 0.05$  and at least 1.5-fold up-or down-regulation. Red, up-regulated; blue, down-regulated. The UniProt code and abbreviated protein names are shown for each protein hit.



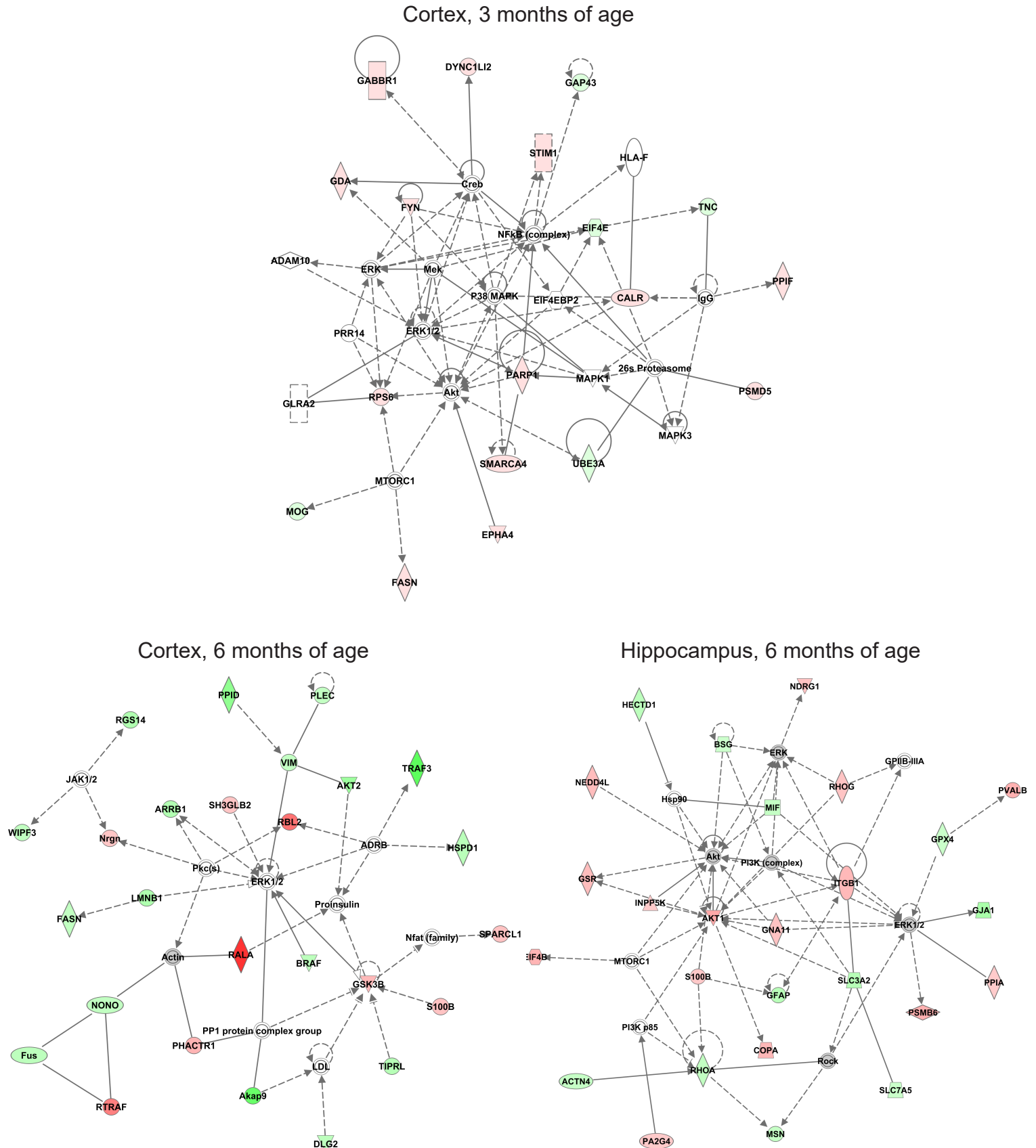
**Supplementary Figure 6.** Heat maps showing altered protein levels in hippocampus and cortex from *App<sup>NL-F/NL-F</sup>* mice compared to *App<sup>wt/wt</sup>* mice at 18 months of age. The data were subjected to two-group comparison using Qlucore Omics Explorer version 3.3 to generate heat maps to display proteins with altered levels in hippocampus (left) and cortex (right) using significance threshold of  $p < 0.05$  and at least 1.5-fold up-or down-regulation. Red, up-regulated; blue, down-regulated. The UniProt code and abbreviated protein names are shown for each protein hit.



**Supplementary Figure 7.** Affected process in cortex of 18-month old *App<sup>NL-F/NL-F</sup>* mice. Green color, down-regulation of protein levels determined by <sup>18</sup>O labeling of tryptic peptides followed by LC-MS/MS analysis. Blue color, down-regulation. Blue arrows, consistent with literature data.



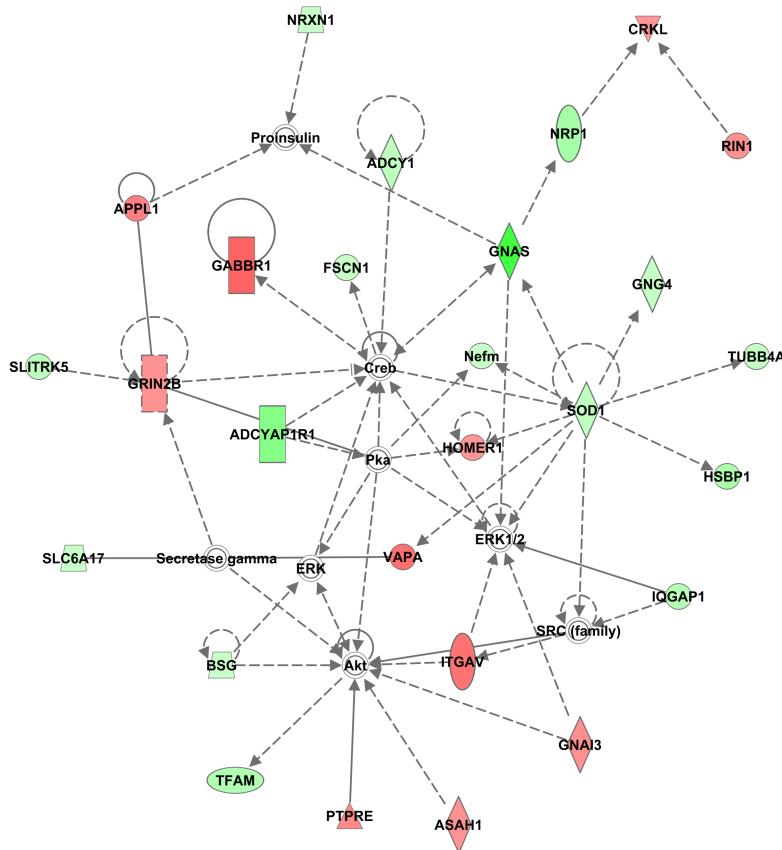
**Supplementary Figure 8.** Top-ranked IPA networks for cortex at three months of age and cortex and hippocampus at six months of age. The network for cortex at 3 months of age involved cellular assembly and organization, cellular function and maintenance, embryonic development. The network for cortex at six months involved cellular movement, hair and skin development and function, immune cell trafficking. The network for hippocampus at six months of age involved cell morphology, developmental disorder, organismal injury and abnormalities. Red and green color, up- and down-regulation, respectively, of protein levels determined by  $^{18}\text{O}$  labeling of tryptic peptides followed by LC-MS/MS analysis.



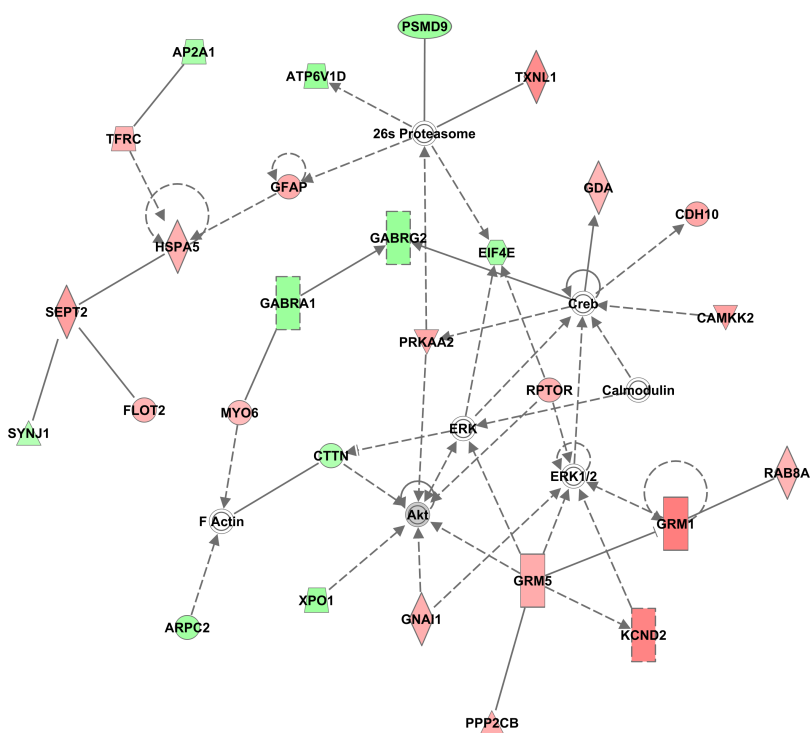


**Supplementary Figure 9.** Top-ranked IPA networks for hippocampus at nine months of age and cortex and hippocampus at 18 months of age. The network for hippocampus at nine months involves cell morphology, cellular assembly and organization, cellular function and maintenance. The network for cortex at 18 months involves cellular assembly and organization, cellular function and maintenance, molecular transport. The network in hippocampus at 18 months involves cell morphology, nervous system development and function, neurological disease. Red and green color, up- and down-regulation, respectively, of protein levels determined by  $^{18}\text{O}$  labeling of tryptic peptides followed by LC-MS/MS analysis.

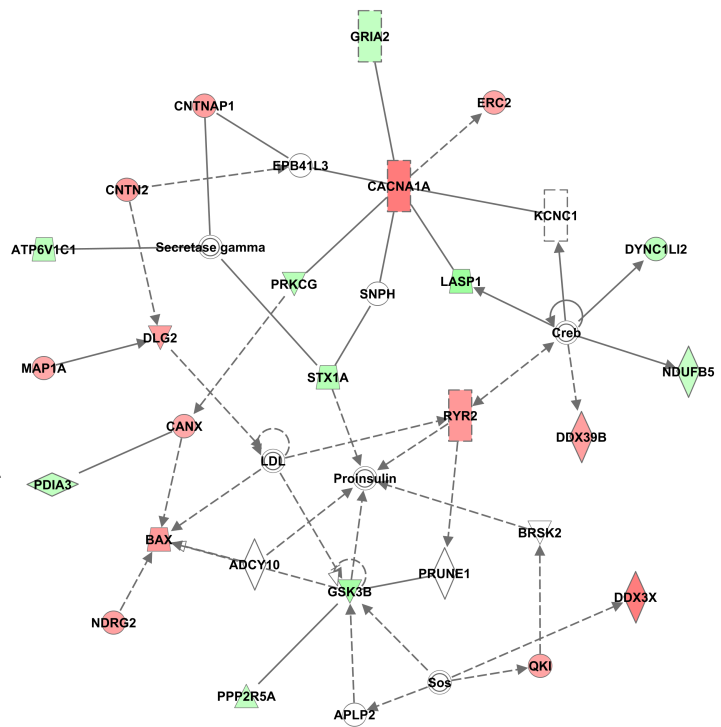
### Hippocampus, 9 months of age



### Cortex, 18 months of age

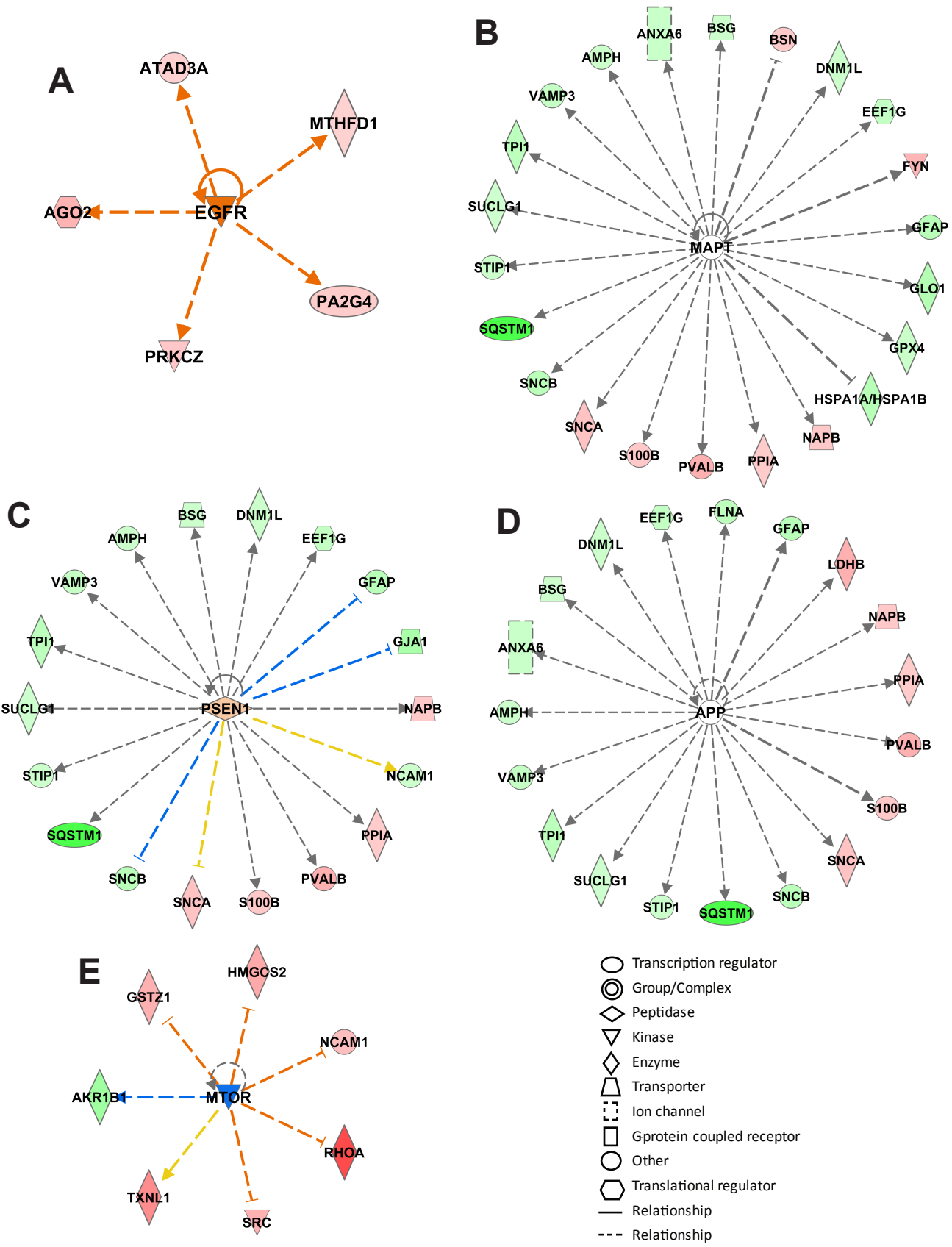


### Hippocampus, 18 months of age



**Supplementary Figure 10.** Predicted top key upstream regulators at the different ages of the *App<sup>NL-F/NL F</sup>* mice.

Selected key upstream regulators based on IPA analyses of proteins with altered levels (1.1-fold altered levels,  $p < 0.1$ ) from the various time points are displayed (p-values for all top five upstream regulators at all time points are shown in Table 1). Red and green color, up- and down-regulation, respectively. Orange and blue color, predicted up- and down-regulation, respectively. Blue and orange arrows, consistent with literature data, yellow lines, inconsistent with literature data. (A) The key upstream regulator with highest activation score at 3 months in hippocampus, EGFR. The p-value for EGFR was the eighth highest of the upstream regulators in hippocampus at three months of age ( $1.11 \times 10^{-3}$ ). (B-D) The top key upstream regulators in cortex at six months of age. (E) The top key upstream regulator in cortex at nine months of age. The second top key upstream regulator in cortex at 18 months of age is shown in Fig 7.



**Supplementary Table 1.** Protein quantification in hippocampus at three months of age.

Protein hits and signal ratio compared to standard (STD)  
for each individual mouse used for IPA analysis.

ID	Protein	STD/ NLF1	STD/ NLF2	STD/ NLF3	STD/ WT1	STD/ WT2	STD/ WT3	P	Average STD/NLF	Average STD/WT	Ratio NLF/WT
Q99KY4	Cyclin-G-associated kinase	0,81	0,76	0,86	1,41	1,46	1,54	0,000	0,81	1,47	1,81
P29758	Ornithine aminotransferase, mitochondrial	1,39	1,48	1,37	1,01	0,97	1,07	0,001	1,41	1,02	0,72
P11881	Inositol 1,4,5-trisphosphate receptor type 1	0,95	1,04	1,08	0,60	0,65	0,72	0,002	1,02	0,66	0,64
O35737	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein H	0,56	0,62	0,53	0,76	0,86	0,84	0,003	0,57	0,82	1,44
Q8BK08	Transmembrane protein 11, mitochondrial	1,22	1,24	1,27	1,13	1,09	1,06	0,005	1,24	1,09	0,88
Q9WUR2	Enoyl-CoA delta isomerase 2, mitochondrial	0,65	0,72	0,78	1,25	1,07	1,09	0,006	0,72	1,13	1,59
O35639	Annexin A3	0,88	0,81	0,77		1,10	1,13	0,006	0,82	1,11	1,36
Q810U3	Neurofascin	1,01	0,99	0,99	0,92	0,93	0,95	0,006	1,00	0,93	0,94
P28741	Kinesin-like protein KIF3A		0,74	0,67	1,12	1,13	1,04	0,008	0,70	1,10	1,56
P97492	Regulator of G-protein signaling 14	1,27	1,25	1,43	0,93	0,85	1,04	0,009	1,32	0,94	0,72
P21995	Embigin	0,88		0,92	0,53		0,48	0,009	0,90	0,50	0,56
P56376	Acylphosphatase-1	1,06	1,18	1,21	1,40	1,58	1,57	0,010	1,15	1,52	1,32
P08113	Endoplasmic	1,14	1,00	1,04	1,25	1,31	1,37	0,010	1,06	1,31	1,23
O55234	Proteasome subunit beta type-5	0,89	0,88	0,83	0,71	0,71	0,69	0,011	0,87	0,70	0,81
P70202	Latexin	1,29	1,10	0,98		1,91	1,88	0,011	1,12	1,90	1,69
P61205	ADP-ribosylation factor 3	0,88	0,71	0,91	1,26	1,11	1,21	0,012	0,83	1,19	1,43
P84089	Enhancer of rudimentary homolog	0,66		0,20	2,81	1,95	2,53	0,012	0,43	2,43	5,61
Q8K3W0	BRCA1-A complex subunit BRE	1,70	1,78		1,28	1,39	1,47	0,013	1,74	1,38	0,79
P22892	AP-1 complex subunit gamma-1	1,45	1,14	1,19	2,06	1,89	1,69	0,013	1,26	1,88	1,49
Q9WUM5	Succinyl-CoA ligase [ADP/GDP-forming] subunit alpha, mito	0,84	0,81	0,81	0,78	0,77	0,75	0,013	0,82	0,77	0,93
O35593	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 14	1,37	1,31	1,22	1,58	1,49	1,52	0,014	1,30	1,53	1,18
Q9JIK9	28S ribosomal protein S34, mitochondrial	1,94	1,81	1,27	3,14	2,98		0,014	1,67	3,06	1,83
Q9DCM0	Persulfide dioxygenase ETHE1, mitochondrial	1,14	1,45	0,79	2,23	2,40	2,12	0,015	1,13	2,25	2,00
O88448	Kinesin light chain 2	1,02	1,20	1,17	1,38	1,41	1,56	0,016	1,13	1,45	1,28
Q64521	Glycerol-3-phosphate dehydrogenase, mitochondrial	1,08	1,14	1,07	1,02	0,99	0,96	0,017	1,10	0,99	0,90
P18242	Cathepsin D	0,68	0,71	0,69	0,72	0,76	0,75	0,018	0,69	0,74	1,07
Q80WJ7	Protein LYRIC	1,74	1,30	1,26	0,63	0,76	0,49	0,018	1,44	0,62	0,43
Q80XN0	D-beta-hydroxybutyrate dehydrogenase, mitochondrial	0,97	0,91	0,89	1,02	1,09	1,04	0,019	0,92	1,05	1,14
Q60634	Flotillin-2	0,97	0,96	1,02	0,89	0,90	0,83	0,019	0,98	0,87	0,89
Q9Z1R2	Large proline-rich protein BAG6	1,82	1,52	1,74	1,19	1,34	1,18	0,019	1,69	1,24	0,73
Q9ERE7	LDLR chaperone MESD		0,93	0,88	1,14	1,34	1,24	0,020	0,91	1,24	1,36
Q61097	Kinase suppressor of Ras 1	1,12	0,94	1,25	0,55	0,74	0,70	0,020	1,10	0,66	0,60
Q8CJH3	Plexin-B1	0,61		0,36	1,57	1,76		0,021	0,49	1,66	3,40
P60202	Myelin proteolipid protein	0,82	1,08	1,05	1,31	1,30	1,50	0,022	0,98	1,37	1,40
P63325	40S ribosomal protein S10	0,82	0,80	0,79	0,76	0,74	0,76	0,023	0,80	0,75	0,94
P10711	Transcription elongation factor A protein 1	1,02	0,97	0,90	0,83	0,80	0,70	0,023	0,96	0,78	0,81
Q8BH04	Phosphoenolpyruvate carboxykinase [GTP], mitochondrial	1,02	0,92	0,88	1,30	1,16	1,12	0,024	0,94	1,19	1,27
Q9R0Y5	Adenylate kinase isoenzyme 1	1,00	0,92	0,67	1,21	1,45	1,30	0,024	0,86	1,32	1,53
P61164	Alpha-centractin	1,08	0,86	0,96	1,44	1,58	1,23	0,027	0,97	1,42	1,47
Q9Z2H5	Band 4.1-like protein 1	1,17	1,14	1,10	0,94	0,92	1,04	0,027	1,14	0,97	0,85
Q9DBN4	Putative monooxygenase p33MONOX	1,01	0,93	1,01	0,84	0,84		0,028	0,98	0,84	0,85
Q61233	Plastin-2	0,73		0,78	0,84	0,92	0,92	0,028	0,76	0,89	1,18
Q99LY9	NADH dehydrogenase [ubiquinone] iron-sulfur protein 5	1,02	0,81	1,03	0,66	0,58		0,029	0,95	0,62	0,65
Q8VCE6	5'(3')-deoxyribonucleotidase, mitochondrial	1,97	1,02	1,51	5,17	4,31		0,029	1,50	4,74	3,16
O35682	Myeloid-associated differentiation marker	0,86	0,91		1,04		1,07	0,030	0,88	1,05	1,19
O88532	Zinc finger RNA-binding protein	1,05		1,03	0,74	0,75	0,89	0,032	1,04	0,79	0,76
Q62418	Drebrin-like protein	0,77	0,89	0,84	0,67	0,65	0,73	0,032	0,83	0,69	0,82
O08997	Copper transport protein ATOX1	0,64	0,62	0,79	0,95	0,93	0,84	0,032	0,68	0,90	1,32
Q9CQ75	NADH dehydrogenase [ubiquinone] 1 alpha subcomplex subunit 2	1,01	0,94	0,67	1,83	1,48	1,29	0,033	0,87	1,53	1,75
Q02956	Protein kinase C zeta type	1,11		0,97		1,54	1,63	0,033	1,04	1,58	1,52
A2AWA9	Rab GTPase-activating protein 1	0,77	3,80	1,31	7,93	10,28		0,034	1,96	9,10	4,65
Q9Z2Y3	Homer protein homolog 1	0,81	0,81	0,78	0,76	0,72	0,77	0,034	0,80	0,75	0,93
Q8BL65	Actin-binding LIM protein 2	1,11	1,13	1,17	1,06	1,01	0,95	0,035	1,14	1,01	0,89
P03930	ATP synthase protein 8	0,75	0,78	0,58	1,05	0,92	0,89	0,035	0,70	0,95	1,35
Q9Z0H8	CAP-Gly domain-containing linker protein 2	0,86	0,91	1,01	0,75	0,64	0,80	0,035	0,93	0,73	0,79
P63216	Guanine nucleotide-binding protein G(I)/G(S)/G(O) sub gamma-3	0,86	1,02	0,74		0,56	0,48	0,035	0,87	0,52	0,60
Q3UPL0	Protein transport protein Sec31A	0,74	0,68	0,77	1,10	0,89	1,09	0,036	0,73	1,03	1,40
P32921	Tryptophan--tRNA ligase, cytoplasmic	0,91	0,80	0,85	1,11	1,04	0,95	0,036	0,85	1,03	1,21
B1AXV0	DOMON domain-containing protein FRRS1L	1,67	1,32	0,88		0,41	0,21	0,036	1,29	0,31	0,24
Q9Z0X1	Apoptosis-inducing factor 1, mitochondrial	1,03	0,95	1,09	1,75	2,17	1,59	0,036	1,02	1,83	1,80
Q64105	Sepiapterin reductase	0,71	0,76	0,80	0,90	0,86	0,99	0,037	0,76	0,92	1,21
O35127	Protein C10	0,79	0,83	0,82	0,31		0,39	0,037	0,81	0,35	0,43
Q922Q4	Pyroline-5-carboxylate reductase 2	0,86	0,88	0,73	1,03	1,13	0,95	0,037	0,82	1,04	1,26
Q3TPX4	Exocyst complex component 5	1,42	0,83	0,88	3,44	2,32	2,21	0,037	1,05	2,66	2,54
Q99N28	Cell adhesion molecule 3	1,27	1,27	1,10	0,93	1,00	1,04	0,037	1,21	0,99	0,81
P35288	Ras-related protein Rab-23	0,91	0,98	0,86		1,08	1,05	0,038	0,92	1,07	1,16
P62137	Serine/threonine-protein phosphatase PP1-alpha cat subunit	0,33	0,36	0,52	0,67	0,65	0,70	0,038	0,40	0,67	1,67
Q91VC3	Eukaryotic initiation factor 4A-III	0,99	1,19	0,96	0,68	0,75	0,78	0,038	1,04	0,73	0,70
Q8BFZ9	Erlin-2	0,92	1,19	0,99	2,03	1,83	1,42	0,039	1,03	1,76	1,71
A2AV25	Fibrinogen C domain-containing protein 1	1,31	1,13	1,65	0,77	0,96	0,54	0,039	1,36	0,76	0,56
Q8CIQ7	Dedicator of cytokinesis protein 3	1,70	2,30	1,39		0,76	0,57	0,040	1,80	0,66	0,37
Q99NE5	Regulating synaptic membrane exocytosis protein 1	0,85	0,96	0,99	0,60	0,80	0,73	0,043	0,93	0,71	0,76
Q6NZL0	Protein SOGA3	0,83	0,67	0,75	0,98	0,94	0,86	0,043	0,75	0,92	1,23
Q91VW3	SH3 domain-binding glutamic acid-rich-like protein 3	0,97	0,80	0,83	0,64	0,60	0,75	0,043	0,87	0,66	0,76
Q9WUD1	STIP1 homology and U box-containing protein 1	1,59	1,01	0,92	2,10	1,92		0,043	1,17	2,01	1,71
Q8BJU0	Small glutamine-rich tetratricopeptide repeat-cont protein alpha	0,86	0,92	0,99		0,76	0,75	0,044	0,92	0,76	0,82
Q8CJG0	Protein argonaute-2	0,90	0,36	0,90	1,54	1,46		0,044	0,72	1,50	2,09
O55126	Protein NipSnap homolog 2	0,68	0,89	0,77	0,54	0,50	0,62	0,044	0,78	0,55	0,70
Q62188	Dihydropyrimidinase-related protein 3	1,01	1,02	1,18	1,58	1,28	1,35	0,044	1,07	1,40	1,31

Q3UNH4	G protein-regulated inducer of neurite outgrowth 1	1,05	1,08	1,23	0,87	0,85	0,86	0,044	1,12	0,86	0,77
Q99NF2	NMDA r synaptonuclear signaling and neuronal migration factor	1,04	1,33	1,12	0,83	0,74	0,96	0,044	1,16	0,84	0,73
Q91ZA3	Propionyl-CoA carboxylase alpha chain, mitochondrial	1,06	1,04	1,02	1,01	0,99	0,97	0,044	1,04	0,99	0,95
O55131	Septin-7	0,58	0,65	0,86	1,01	1,09	0,89	0,047	0,70	1,00	1,43
P70362	Ubiquitin fusion degradation protein 1 homolog	0,84	0,57	0,90	1,03	1,53	1,32	0,048	0,77	1,29	1,68
P42208	Septin-2	0,88	1,05	0,89	1,15	1,42	1,17	0,049	0,94	1,24	1,32
P60469	Liprin-alpha-3	1,17	1,15	0,99	0,88	0,98	0,86	0,050	1,10	0,91	0,82
Q505F5	Leucine-rich repeat-containing protein 47	1,04	0,90	1,01	0,80	0,85	0,82	0,052	0,98	0,82	0,84
F65EU4	Ras/Rap GTPase-activating protein SynGAP	1,02	1,04	1,09	0,98	0,96	0,97	0,054	1,05	0,97	0,93
Q921F4	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein L-like	1,31	1,06	1,28	0,90	0,94	1,03	0,056	1,22	0,95	0,78
P47915	60S ribosomal protein L29	0,67	0,78		1,09		1,02	0,056	0,73	1,05	1,45
Q8C7M3	E3 ubiquitin-protein ligase TRIM9	1,57		1,29	0,84	0,56	0,88	0,057	1,43	0,76	0,53
G5E8K5	Ankyrin-3	1,19	1,05	1,13	0,99	0,84	0,70	0,057	1,12	0,84	0,75
Q9ERS2	NADH dehydrogenase [ubiquinone] 1 alpha sub subunit 13	0,99	1,06	1,08	1,54	1,32	1,24	0,057	1,04	1,37	1,31
Q58A65	C-Jun-amino-terminal kinase-interacting protein 4	1,01	1,29	1,20	0,88	0,73	0,99	0,058	1,17	0,87	0,74
P24547	Inosine-5'-monophosphate dehydrogenase 2	1,30	1,14	1,34	1,08	1,00	1,09	0,059	1,26	1,05	0,84
P58871	182 kDa tankyrase-1-binding protein	1,18	1,17	1,18	0,94	0,69	0,94	0,059	1,18	0,86	0,73
P10637	Microtubule-associated protein tau	0,81	0,48	0,60	1,10	0,92	0,85	0,060	0,63	0,96	1,52
Q80YD1	ATP-dependent RNA helicase SUPV3L1, mitochondrial	1,07		1,24	1,57		1,67	0,061	1,15	1,62	1,41
Q62108	Disks large homolog 4	0,78	0,85	0,82	0,69	0,67	0,50	0,063	0,82	0,62	0,76
Q9D7B6	Isobutyryl-CoA dehydrogenase, mitochondrial	1,09	0,88	0,88	1,89	1,46	2,41	0,064	0,95	1,92	2,02
Q99KK2	N-acylneuraminate cytidyltransferase	0,67	0,92	0,68	0,93	1,03	1,24	0,065	0,76	1,07	1,41
P70255	Nuclear factor 1 C-type		0,71	0,66	0,82	0,75	0,84	0,065	0,69	0,81	1,18
Q8BG39	Synaptic vesicle glycoprotein 2B	1,18	0,92	0,96	1,28	1,33	1,31	0,065	1,02	1,30	1,28
P09055	Integrin beta-1	0,89	0,82	0,87	0,94	1,09	1,14	0,066	0,86	1,05	1,23
Q5F285	Transmembrane protein 256	1,09	1,57	1,72	0,82	0,72	0,88	0,066	1,46	0,81	0,55
Q9CX30	Protein YIF1B	1,32	1,12	1,10	0,92	0,96		0,067	1,18	0,94	0,80
P83887	Tubulin gamma-1 chain		0,83	1,03	1,91	1,99	3,19	0,067	0,93	2,37	2,54
Q9ESW4	Acylglycerol kinase, mitochondrial	1,53	1,76	1,47	1,31	1,29	1,24	0,067	1,59	1,28	0,81
P50580	Proliferation-associated protein 2G4	0,87	0,86	0,77	1,31	0,97	1,18	0,073	0,84	1,15	1,38
Q9Z204	Heterogeneous nuclear ribonucleoproteins C1/C2	0,74	0,91	0,84	1,05	0,92	0,97	0,073	0,83	0,98	1,18
Q68ED7	CREB-regulated transcription coactivator 1	1,58	1,52	1,75	1,46	1,29	1,47	0,074	1,62	1,41	0,87
P23818	Glutamate receptor 1	1,08	0,98	1,00	0,86	0,94	0,95	0,074	1,02	0,92	0,90
Q8R3Q6	Coiled-coil domain-containing protein 58	0,92	0,94	0,94	0,81	0,87	0,89	0,075	0,93	0,85	0,92
P56564	Excitatory amino acid transporter 1	1,80	2,03	1,62	5,76	11,60	6,64	0,076	1,82	8,00	4,40
Q9CXZ1	NADH dehydrogenase [ubiquinone] iron-sulfur protein 4, mito	1,20	1,15	1,20	1,16	1,12	1,12	0,076	1,18	1,13	0,96
P53026	60S ribosomal protein L10a	0,87	0,69	0,63	1,07	0,88	0,90	0,077	0,73	0,95	1,31
P84096	Rho-related GTP-binding protein RhoG	0,77	0,65	0,63	1,44	1,69	0,98	0,077	0,68	1,37	2,01
Q04519	Sphingomyelin phosphodiesterase	1,15	0,96	1,10	0,92	0,87		0,077	1,07	0,90	0,84
P43274	Histone H1.4	0,41	0,39	0,45	0,34	0,34	0,39	0,077	0,41	0,36	0,86
Q9EPK7	Exportin-7	1,49	1,40	1,11	0,95	1,06	0,92	0,077	1,33	0,98	0,73
Q60931	Voltage-dependent anion-selective channel protein 3	0,66	0,76	0,90	1,25	1,07	0,90	0,078	0,77	1,07	1,39
Q9Z2Y8	Proline synthase co-transcribed bacterial homolog protein	1,03	1,04	1,17	1,00	0,93	0,85	0,078	1,08	0,93	0,86
Q8BZQ7	Anaphase-promoting complex subunit 2	7,20	8,30		12,38	10,71		0,078	7,75	11,55	1,49
Q9CQT1	Methylthioribose-1-phosphate isomerase	0,82	0,93			0,64	0,50	0,079	0,87	0,57	0,65
O89053	Coronin-1A	0,74	0,87	0,88	0,74	0,59	0,71	0,079	0,83	0,68	0,81
Q9Z1B3	1-phosphatidylinositol 4,5-bisphosphate phosphodiesterase b-1	1,04	0,81	0,86	1,15	1,11	1,09	0,080	0,90	1,12	1,24
P60487	Pyridoxal phosphate phosphatase	0,90	0,97	0,95	1,26	1,29	1,03	0,081	0,94	1,19	1,27
P54775	26S protease regulatory subunit 6B	1,01	0,78	1,01	0,82	0,43	0,49	0,081	0,93	0,58	0,62
Q5U458	DnaJ homolog subfamily C member 11	0,63	0,92	1,04	1,04	1,28	1,38	0,082	0,87	1,24	1,43
P17427	AP-2 complex subunit alpha-2	1,23	1,15	1,23	0,89	1,13	0,96	0,082	1,20	0,99	0,83
Q8R5H6	Wiskott-Aldrich syndrome protein family member 1	1,28	1,62	1,39	1,15	1,06	1,23	0,083	1,43	1,15	0,80
Q8K4Z5	Splicing factor 3A subunit 1	0,68	0,94	0,91	1,18	1,23	0,95	0,083	0,84	1,12	1,33
P62746	Rho-related GTP-binding protein RhoB	1,38		1,40	1,24	0,89	0,86	0,083	1,39	1,00	0,72
Q9D7X3	Dual specificity protein phosphatase 3	0,70	0,68	0,75	0,81	0,93	0,78	0,084	0,71	0,84	1,19
P63030	Mitochondrial pyruvate carrier 1	0,53	0,64	0,64	1,02	0,92	0,70	0,084	0,60	0,88	1,45
Q9R1V4	Disintegrin and metalloproteinase domain-containing protein 11	1,43	1,17	1,34	1,12	1,15	1,01	0,084	1,31	1,09	0,83
P21460	Cystatin-C	0,92	1,29	0,78	0,52		0,52	0,088	1,00	0,52	0,52
Q92511	ATPase family AAA domain-containing protein 3	0,75	0,79	0,97	0,96	1,19	1,01	0,089	0,84	1,05	1,26
O08788	Dynactin subunit 1	0,89	0,92	1,01	1,07	1,02	1,02	0,089	0,94	1,04	1,11
Q9D0S9	Histidine triad nucleotide-binding protein 2, mitochondrial	1,11	1,09	1,00	0,99	0,95	0,96	0,089	1,07	0,97	0,91
Q8JZP2	Synapsin-3	0,90	0,77	0,87	0,46	0,76	0,52	0,089	0,85	0,58	0,69
P19096	Fatty acid synthase	1,04	1,01	1,11	0,86	1,01	0,92	0,090	1,05	0,93	0,89
Q0VBF8	Protein stum homolog	0,96	0,99	0,95	0,94	0,88	0,85	0,090	0,97	0,89	0,92
Q8BJW6	Eukaryotic translation initiation factor 2A	1,05		0,92	0,39		0,62	0,091	0,99	0,51	0,51
Q922D8	C-1-tetrahydrofolate synthase, cytoplasmic	0,85	0,66	0,82	0,89	1,00	0,94	0,091	0,78	0,94	1,22
P47708	Rabphilin-3A	1,18	1,36	1,25	0,73	0,74	1,15	0,091	1,27	0,87	0,69
Q641K1	Cytosolic carboxypeptidase 1		0,56	0,53	0,90	0,65	0,75	0,092	0,54	0,77	1,41
Q8BIJ6	Isoleucine--tRNA ligase, mitochondrial	0,90	0,93	1,00	0,90	0,80	0,85	0,092	0,94	0,85	0,90
Q9JLR1	Protein transport protein Sec61 subunit alpha isoform 2	0,70	0,66	0,71	0,57		0,51	0,092	0,69	0,54	0,78
Q8VEK3	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein U	0,94	1,02	0,98	0,92	0,81	0,91	0,093	0,98	0,88	0,90
Q8R326	Paraspeckle component 1	1,12	1,29	1,04	1,31	1,29	1,51	0,093	1,15	1,37	1,19
P22723	Gamma-aminobutyric acid receptor subunit gamma-2	0,47	0,74	0,72	1,01	0,74	0,99	0,094	0,64	0,91	1,42
Q8CH09	SURP and G-patch domain-containing protein 2	0,28		1,13	2,85	2,16	1,68	0,094	0,71	2,23	3,15
Q64516	Glycerol kinase	0,76	1,27	0,54	3,48	1,39	2,90	0,095	0,85	2,59	3,03
Q6PE13	Proline-rich transmembrane protein 3	1,55	1,59	0,92	0,77	0,53	1,00	0,095	1,35	0,76	0,57
O35083	1-acyl-sn-glycerol-3-phosphate acyltransferase alpha	0,98	1,39	1,01	1,78	1,54	1,31	0,095	1,13	1,54	1,37
Q9WV85	Nucleoside diphosphate kinase 3	0,96	0,87	0,87	1,04	1,10	0,94	0,096	0,90	1,03	1,14
Q4ACU6	SH3 and multiple ankyrin repeat domains protein 3	1,09	1,17	1,02	1,21	1,22	1,41	0,096	1,10	1,28	1,17
O88544	COP9 signalosome complex subunit 4	0,87	0,85	0,92	0,81	0,62	0,75	0,096	0,88	0,73	0,83
O70133	ATP-dependent RNA helicase A	0,79	0,83	1,03	1,26	0,98	1,11	0,096	0,88	1,12	1,27
P27612	Phospholipase A-2-activating protein	1,23	1,01	1,16	0,91	1,05	0,90	0,097	1,13	0,95	0,84
Q3U1J4	DNA damage-binding protein 1	0,98	1,06	1,03	0,90	0,97	0,98	0,097	1,02	0,95	0,93
Q9R0P3	S-formylglutathione hydrolase	1,47	1,46	1,36	0,83	1,25	1,14	0,097	1,43	1,07	0,75

P42669	Transcriptional activator protein Pur-alpha	2,16	1,73	1,50	1,16	1,35	1,26	0,097	1,79	1,25	0,70
P47963	60S ribosomal protein L13	1,25	1,36	1,19	1,09	1,09	0,79	0,098	1,26	0,99	0,78
Q8R4H2	Rho guanine nucleotide exchange factor 12	0,73	0,82	0,73	0,81	0,99	0,92	0,098	0,76	0,90	1,19
Q5SVL6	Rap1 GTPase-activating protein 2	0,69	0,84	0,76	0,65	0,62	0,68	0,099	0,77	0,65	0,85
Q80UM7	Mannosyl-oligosaccharide glucosidase	0,97	0,71	0,81	0,33	0,67	0,63	0,099	0,83	0,54	0,65

**Supplementary Table 2.** Protein quantification in cortex at three months of age

Protein hits and signal ratio compared to standard (STD) for each individual mouse used for IPA analysis.											
ID	Protein	STD/ NLF1	STD/ NLF2	STD/ NLF3	STD/ WT1	STD/ WT2	STD/ WT3	P	STD/ NLF	STD/ WT	NLF/WT
Q9DCL8	Protein phosphatase inhibitor 2	2,66	2,65	2,52		0,36	0,40	0,000	2,61	0,38	0,15
Q3V038	Tetratricopeptide repeat protein 9A		0,81	0,79	1,12	1,07	1,13	0,001	0,80	1,11	1,39
Q8CHG7	Rap guanine nucleotide exchange factor 2	1,02	1,08	0,94	0,66	0,64	0,50	0,003	1,01	0,60	0,59
P46096	Synaptotagmin-1	1,82	2,01	1,70	0,93	1,26	1,11	0,005	1,84	1,10	0,60
O08759	Ubiquitin-protein ligase E3A	1,07	0,83	1,02	0,41	0,33	0,49	0,005	0,98	0,41	0,42
Q9JME5	AP-3 complex subunit beta-2	0,96	1,06	1,17	0,58	0,59	0,74	0,006	1,06	0,64	0,60
P27601	Guanine nucleotide-binding protein subunit alpha-13	1,88	2,10	1,68	0,78	1,01	1,19	0,006	1,89	0,99	0,53
Q8BLY2	Probable threonine--tRNA ligase 2, cytoplasmic	0,82	0,78		0,44	0,47		0,007	0,80	0,45	0,56
Q3UGY8	Brefeldin A-inhibited guanine nucleotide-exchange protein 3	0,78	0,73	0,74	0,86	0,89	0,88	0,007	0,75	0,88	1,17
O35691	Pinin	0,98		0,97	1,33	1,36		0,008	0,97	1,34	1,38
Q6P8I4	PEST proteolytic signal-containing nuclear protein	0,50	0,59	0,69	1,07	1,09	1,02	0,008	0,59	1,06	1,78
Q80YX1	Tenascin	0,75	0,84	0,70	0,39		0,38	0,010	0,76	0,38	0,50
O88712	C-terminal-binding protein 1	1,57		1,49	1,07	0,99	1,21	0,011	1,53	1,09	0,71
Q61327	Sodium-dependent dopamine transporter	1,98	1,65	1,68		0,90	0,86	0,011	1,77	0,88	0,50
Q8BGY2	Eukaryotic translation initiation factor 5A-2	0,71	0,62	0,70	0,97	1,06	0,89	0,012	0,68	0,97	1,44
Q3UMU9	Hepatoma-derived growth factor-related protein 2	0,02	0,12		1,07	1,20	0,74	0,014	0,07	1,00	13,51
Q9DC70	NADH dehydrogenase [ubiquinone] iron-sulfur protein 7, mit	1,79	2,00	1,59	1,24	1,11	0,80	0,014	1,80	1,05	0,59
A2APF3	Transcriptional repressor CTCFL	0,42		0,42	0,39	0,40	0,38	0,016	0,42	0,39	0,92
Q9DCJ5	NADH dehydrogenase [ubiquinone] 1 alpha subcomplex subunit 8	1,32		1,32	1,19	1,18	1,12	0,016	1,32	1,17	0,88
P00493	Hypoxanthine-guanine phosphoribosyltransferase	79,67		83,83	0,97	1,02		0,016	81,75	0,99	0,01
Q9DB05	Alpha-soluble NSF attachment protein	0,84	0,50	0,82	1,11	1,38	1,48	0,017	0,72	1,32	1,84
Q501J6	Probable ATP-dependent RNA helicase DDX17	0,82	0,73	0,87	0,97	1,11	1,02	0,018	0,80	1,03	1,28
Q99J08	SEC14-like protein 2	0,93	1,06	1,10	0,76	0,75	0,70	0,018	1,03	0,74	0,71
Q9EPL8	Importin-7	0,72	1,27	1,60	3,78	2,68	2,68	0,018	1,20	3,04	2,54
P35803	Neuronal membrane glycoprotein M6-b	0,86	0,87	0,75	1,06	0,97	1,11	0,020	0,83	1,04	1,26
Q9Z140	Copine-6	1,11	1,11	1,01	0,75	0,83		0,021	1,08	0,79	0,73
Q8BP47	Asparagine--tRNA ligase, cytoplasmic	1,46	1,60	1,44	1,21	1,29	1,23	0,021	1,50	1,24	0,83
Q99KR7	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase F, mitochondrial	0,70	0,74			1,27	1,35	0,021	0,72	1,31	1,82
Q9QXB9	Developmentally-regulated GTP-binding protein 2		0,94	0,91		0,75	0,77	0,022	0,93	0,76	0,82
Q9QWI6	SRC kinase signaling inhibitor 1	0,94	1,03	0,96	1,13	1,06	1,14	0,023	0,98	1,11	1,14
P62754	40S ribosomal protein S6	0,46	0,74	0,65	0,90	1,24	1,13	0,024	0,62	1,09	1,76
Q03137	Ephrin type-A receptor 4	0,73	0,82	0,84	1,06	0,92	1,07	0,024	0,80	1,02	1,28
Q8BK67	Protein RCC2	0,35		0,33		0,50	0,50	0,024	0,34	0,50	1,48
Q8BK64	Activator of 90 kDa heat shock protein ATPase homolog 1	0,86	0,73	0,82	1,06	0,94	0,95	0,025	0,80	0,98	1,23
Q61885	Myelin-oligodendrocyte glycoprotein	1,09	0,97	1,21	0,47	0,50	0,81	0,025	1,09	0,59	0,54
Q9R111	Guanine deaminase	0,81	0,75	0,62	0,89	1,02	1,04	0,025	0,73	0,98	1,35
Q8BKX6	Serine/threonine-protein kinase SMG1		0,69	0,70	2,18	2,05		0,026	0,70	2,11	3,04
Q6PIC6	Sodium/potassium-transporting ATPase subunit alpha-3	1,62	1,72	1,65	1,79	1,83	1,81	0,026	1,66	1,81	1,09
Q5SUF2	Luc7-like protein 3		0,46	0,44	1,15	1,17	0,86	0,026	0,45	1,06	2,34
P12960	Contactin-1	1,10	1,14	1,12	1,05	1,08	1,03	0,026	1,12	1,05	0,94
Q91XD6	Vacuolar protein-sorting-associated protein 36	0,63	0,59	0,65	0,70	0,70	0,73	0,028	0,62	0,71	1,14
Q61879	Myosin-10	1,23	1,16	1,25	1,04	1,13	1,05	0,028	1,21	1,07	0,89
Q925I1	ATPase family AAA domain-containing protein 3	1,26	1,47	1,68	0,88	0,79	0,92	0,029	1,47	0,86	0,59
P12787	Cytochrome c oxidase subunit 5A, mitochondrial	0,99	0,71	0,83	1,13	1,37	1,13	0,030	0,84	1,21	1,44
P97950	Ras-related protein Rab-33A		0,74	0,77	0,89	0,94	1,04	0,030	0,75	0,96	1,27
O35465	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase FKBP8	1,63	1,42	1,64	1,16		1,18	0,031	1,56	1,17	0,75
Q8K1Z0	Ubiquinone biosynthesis protein COQ9, mitochondrial	1,11	1,09		1,43	1,29	1,29	0,031	1,10	1,34	1,21
Q99KE1	NAD-dependent malic enzyme, mitochondrial	1,18	1,20	1,34		0,96	0,96	0,031	1,24	0,96	0,77
Q6P9R2	Serine/threonine-protein kinase OSR1	1,12	1,16	1,04	1,35	1,30	1,21	0,033	1,11	1,29	1,17
P83510	Traf2 and NCK-interacting protein kinase	1,76		1,88	1,13	0,98	1,45	0,033	1,82	1,19	0,65
Q8R001	Microtubule-associated protein RP/EB family member 2	1,11	1,05	1,02	1,23	1,23	1,39	0,035	1,06	1,28	1,21
Q9QYR9	Acyl-coenzyme A thioesterase 2, mitochondrial	0,83		0,93	0,46		0,52	0,035	0,88	0,49	0,56
Q91ZP9	N-terminal EF-hand calcium-binding protein 2	1,42	1,67	1,63	1,20	1,28	1,22	0,036	1,58	1,23	0,78
Q52KR3	Protein prune homolog 2	0,93	1,03	1,02	1,13	1,34	1,25	0,036	0,99	1,24	1,25
P16125	L-lactate dehydrogenase B chain	0,93	0,98	0,83	0,76	0,51	0,60	0,037	0,92	0,62	0,68
Q60714	Long-chain fatty acid transport protein 1	1,09	0,99		1,35	1,44		0,038	1,04	1,40	1,34
O89116	Vesicle transport through interaction with t-SNAREs homolog 1A	4,76		4,32	2,40		2,96	0,038	4,54	2,68	0,59
Q8VI75	Importin-4	3,37		3,59	1,15	0,60		0,039	3,48	0,88	0,25
Q9WUB3	Glycogen phosphorylase, muscle form	1,25	1,26	1,56	0,85	1,10	0,96	0,040	1,36	0,97	0,71
Q9R069	Basal cell adhesion molecule	0,53		0,57	0,70		0,66	0,042	0,55	0,68	1,24
Q8R574	Phosphoribosyl pyrophosphate synthase-associated protein 2	2,09	2,15	2,66	1,67	0,69	0,58	0,043	2,30	0,98	0,43
Q9CX34	Suppressor of G2 allele of SKP1 homolog	1,12	1,19	1,13	0,96	0,97	0,78	0,044	1,15	0,90	0,79
Q9CSN1	SNW domain-containing protein 1	0,59	0,51		1,89	2,18		0,045	0,55	2,03	3,70
Q8R1X6	Spartin		0,87	0,91	0,59	0,64	0,78	0,046	0,89	0,67	0,75
Q99JF8	PC4 and SFRS1-interacting protein	0,90	0,89	0,95	1,03	1,09	0,98	0,046	0,91	1,03	1,13
Q9Z2H2	Regulator of G-protein signaling 6	0,41	0,86		2,36	1,88		0,046	0,64	2,12	3,34
Q921H8	3-ketoacyl-CoA thiolase A, peroxisomal	0,49	0,59	0,94	1,31	1,10	1,09	0,047	0,67	1,17	1,74
Q91ZA3	Propionyl-CoA carboxylase alpha chain, mitochondrial	1,06	1,08	1,18	0,94	0,97	0,98	0,047	1,11	0,97	0,87
Q8R0J7	Vacuolar protein sorting-associated protein 37B	0,33	0,44		0,67	0,60	0,89	0,048	0,38	0,72	1,89
Q8BJY1	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 5	0,93	1,02	1,03	1,13		1,10	0,048	1,00	1,12	1,12
Q8K012	Formin-binding protein 1-like	0,95	0,92	0,97	1,58		1,47	0,049	0,95	1,52	1,61
Q9D1E6	Tubulin-folding cofactor B	0,12	0,32		0,65	0,87	0,80	0,050	0,22	0,77	3,52
Q8VDQ1	Prostaglandin reductase 2	1,15	1,26	1,16	1,04	1,03	1,12	0,051	1,19	1,06	0,89
Q9ESK9	RB1-inducible coiled-coil protein 1	0,67		0,84	1,05	1,31	1,19	0,052	0,76	1,18	1,57
Q810B6	Ankyrin repeat and FYVE domain-containing protein 1	3,48	3,98	2,42	1,26	1,38	2,37	0,053	3,29	1,67	0,51
O35136	Neural cell adhesion molecule 2	0,95	0,98	0,70	1,05	1,31	1,21	0,054	0,87	1,19	1,36
Q8COL0	Thioredoxin-related transmembrane protein 4	1,38	1,43	1,73	1,27	0,99	1,13	0,054	1,51	1,13	0,75
Q9CPT4	UPF0556 protein C19orf10 homolog	0,51	0,62	0,63		0,47	0,42	0,055	0,59	0,44	0,76
Q9JJZ4	Ubiquitin-conjugating enzyme E2 J1	0,74	0,73	0,70	0,85		0,90	0,055	0,72	0,88	1,21

Q921G7	Electron transfer flavoprotein-ubiquinone oxidoreductase, mit	0,88	0,97	0,61	0,56	0,50	0,32	0,056	0,82	0,46	0,56
Q99KK2	N-acylneuraminase cytidyltransferase	0,53	0,76	0,77	0,91	1,31	1,04	0,057	0,69	1,09	1,57
P62204	Calmodulin	7,14	7,95	7,34	6,69	4,93	5,29	0,058	7,48	5,64	0,75
Q9D5T0	ATPase family AAA domain-containing protein 1	1,68	1,86	1,57	1,54	1,15	1,24	0,058	1,71	1,31	0,77
Q8VHJ5	Serine/threonine-protein kinase MARK1	0,84	0,90	0,73	0,64	0,45	0,68	0,058	0,82	0,59	0,72
P39688	Tyrosine-protein kinase Fyn	0,58	0,87		1,20	1,35	1,89	0,059	0,73	1,48	2,03
Q7TPM6	Fibronectin type III and SPRY domain-containing protein 1	1,22	1,22		1,14		1,11	0,061	1,22	1,12	0,92
P60904	DnaJ homolog subfamily C member 5	2,09	2,01	1,92	1,89	1,86	1,74	0,061	2,00	1,83	0,91
Q8K386	Ras-related protein Rab-15	1,25	1,16	1,17	0,95	1,07	1,11	0,061	1,19	1,04	0,87
Q8R5H6	Wiskott-Aldrich syndrome protein family member 1	1,20	1,35	1,20	1,07	1,10	1,05	0,062	1,25	1,08	0,86
Q9QXY6	EH domain-containing protein 3	1,89	1,38	1,00	2,08	3,33	2,47	0,063	1,42	2,63	1,85
Q99PG2	Opioid growth factor receptor		0,84	0,72	1,16	1,04		0,064	0,78	1,10	1,41
Q80UG2	Plexin-A4	1,09		1,03	1,16	1,35	1,21	0,065	1,06	1,24	1,17
Q06335	Amyloid-like protein 2	1,04	1,33			0,51	0,34	0,070	1,19	0,43	0,36
Q62093	Serine/arginine-rich splicing factor 2	0,88	0,91	0,73	1,01	0,96	1,14	0,070	0,84	1,04	1,23
Q64516	Glycerol kinase	1,11	1,30	1,23	0,92	0,91	1,13	0,071	1,21	0,99	0,81
Q9Z1L5	Voltage-dependent calcium channel subunit alpha-2/delta-3	1,25	1,29	1,30	1,02	0,71	1,03	0,071	1,28	0,92	0,72
Q8BMJ2	Leucine--tRNA ligase, cytoplasmic	0,97	0,69	0,81	1,14	1,64	1,93	0,072	0,83	1,57	1,90
P16460	Argininosuccinate synthase	1,23	1,20	1,15	0,88	0,71	1,04	0,072	1,19	0,88	0,73
P25976	Nucleolar transcription factor 1	0,86	0,62	0,78	0,47	0,57		0,073	0,75	0,52	0,69
Q9JLV5	Cullin-3	1,06	1,00	1,58	0,65	0,60	0,53	0,073	1,21	0,59	0,49
Q8CJG0	Protein argonaute-2	1,18	1,22	1,13	1,03	1,14	1,05	0,074	1,18	1,07	0,91
P59325	Eukaryotic translation initiation factor 5	1,92		2,51	0,34	1,65	0,69	0,074	2,21	0,89	0,40
P50153	Guanine nucleotide-binding protein G(I)/G(S)/G(O) sub gamma-4	1,24	1,22	1,16	1,45	1,50	1,28	0,076	1,21	1,41	1,17
Q99JB2	Stomatin-like protein 2	1,12	1,05	0,95	0,87	0,86	0,91	0,076	1,04	0,88	0,85
Q8K0T0	Reticulon-1	1,24	1,21	1,30	1,21	1,13	1,16	0,077	1,25	1,17	0,93
P11103	Poly [ADP-ribose] polymerase 1	0,80	0,70			1,02	0,96	0,078	0,75	0,99	1,32
P19096	Fatty acid synthase	1,02	0,97	1,03	1,15	1,23	1,07	0,079	1,01	1,15	1,14
Q62465	Synaptic vesicle membrane protein VAT-1 homolog	0,89	0,70	0,75	0,63	0,56	0,63	0,079	0,78	0,61	0,78
P62962	Profilin-1	1,33	1,57	1,41	0,88	1,31	0,95	0,080	1,44	1,04	0,73
Q9CPQ8	ATP synthase subunit g, mitochondrial	1,46	1,42	1,34	1,34	1,33	1,25	0,080	1,41	1,31	0,93
Q8QZS1	3-hydroxyisobutyryl-CoA hydrolase, mitochondrial	0,89	0,87	0,89	0,67	0,79	0,79	0,081	0,88	0,75	0,85
P38647	Stress-70 protein, mitochondrial	0,81	0,61	0,62	0,76	0,98	0,93	0,081	0,68	0,89	1,31
Q8BXA5	Cleft lip and palate transmembrane protein 1-like protein		0,31	0,56		0,94	1,24	0,081	0,44	1,09	2,49
P14211	Calreticulin	0,80	0,84	1,00	1,21	1,41	1,90	0,082	0,88	1,51	1,71
Q6ZPE2	Myotubularin-related protein 5	1,06	1,44	1,14	0,75	0,79	1,05	0,083	1,21	0,86	0,71
Q91V61	Sideroflexin-3	1,35	1,27	1,30	1,47	1,45	1,34	0,083	1,31	1,42	1,09
Q9CQ19	Myosin regulatory light polypeptide 9	1,53	1,22	2,05	1,04	1,02	0,66	0,083	1,60	0,91	0,57
Q61753	D-3-phosphoglycerate dehydrogenase	0,55	0,65	0,49	0,64	0,70	0,78	0,084	0,56	0,71	1,25
Q3TKT4	Transcription activator BRG1	0,74	0,77	0,80	1,13	1,27		0,085	0,77	1,20	1,56
Q9QXS1	Plectin	1,01	0,99	1,05	0,94	0,97	0,85	0,085	1,02	0,92	0,90
P63073	Eukaryotic translation initiation factor 4E	3,03		2,21	0,54	1,03		0,086	2,62	0,79	0,30
O55023	Inositol monophosphatase 1	1,25	0,97	1,40	1,58	1,47	1,66	0,087	1,21	1,57	1,30
P40237	CD82 antigen		0,91	0,81	0,68	0,60	0,72	0,087	0,86	0,67	0,78
Q8BP40	Lysophosphatidic acid phosphatase type 6	1,14	1,13	1,17	1,10	1,00	1,08	0,087	1,15	1,06	0,93
Q62421	Endophilin-A3	0,95	0,97	1,11	0,79	0,79	0,95	0,087	1,01	0,84	0,83
Q8K353	Cysteine-rich and transmembrane domain-containing protein 1	1,16	1,36	1,46	1,60	1,62	1,58	0,087	1,33	1,60	1,20
Q6P1F6	Serine/threonine-protein phosphatase 2A 55 kDa reg subunit B alpha isofc	0,96	0,97	1,02	0,90	0,69	0,81	0,088	0,98	0,80	0,81
Q9WV18	Gamma-aminobutyric acid type B receptor subunit 1	0,75	1,36	0,93	1,61	1,49		0,089	1,01	1,55	1,53
Q80U40	RIMS-binding protein 2	1,05	1,20	1,09	1,03	0,86	0,99	0,089	1,11	0,96	0,86
Q9R0M6	Ras-related protein Rab-9A	1,32	1,22			0,52	0,77	0,089	1,27	0,64	0,51
O35127	Protein C10	1,03	0,92		0,74	0,83	0,50	0,089	0,98	0,69	0,70
Q8JZM5	Acyl-CoA dehydrogenase family member 9, mitochondrial	0,83	0,79	0,57	1,03	0,92		0,090	0,73	0,97	1,34
Q11011	Puromycin-sensitive aminopeptidase	1,02	1,02	0,97	0,93	0,90	0,98	0,090	1,00	0,94	0,93
Q99KI0	Aconitate hydratase, mitochondrial	1,08	1,10	1,18	1,07	1,03	0,96	0,091	1,12	1,02	0,91
Q6PDL0	Cytoplasmic dynein 1 light intermediate chain 2	0,74	0,91	0,69	1,19	0,86	1,15	0,092	0,78	1,07	1,37
Q9DC07	LIM zinc-binding domain-containing Nebulette	1,06	1,05	0,76	0,69	0,71	0,62	0,092	0,96	0,67	0,70
Q9EPW0	Type I inositol 3,4-bisphosphate 4-phosphatase	0,94	1,10	0,69	0,60	0,56	0,53	0,092	0,91	0,56	0,62
P70302	Stromal interaction molecule 1	0,74		0,42	1,44	0,85	1,16	0,095	0,58	1,15	1,99
Q80TE7	Leucine-rich repeat-containing protein 7	0,97	0,70	0,90	0,97	1,41	1,24	0,095	0,86	1,21	1,41
Q9JMF3	Guanine nucleotide-binding protein G(I)/G(S)/G(O) sub gamma-13	2,14	1,54	0,85	2,32	2,95	2,29	0,095	1,51	2,52	1,67
Q91V12	Cytosolic acyl coenzyme A thioester hydrolase	1,07	1,07	1,41	0,88	0,83	0,83	0,096	1,18	0,85	0,72
Q3UHL1	CaM kinase-like vesicle-associated protein	1,47	1,47	1,67	0,98	1,43	0,96	0,097	1,54	1,12	0,73
Q9CWJ9	Bifunctional purine biosynthesis protein PURH	1,20	0,91	1,01	1,29	1,32	1,20	0,098	1,04	1,27	1,22
Q8K4Z5	Splicing factor 3A subunit 1	1,03	1,01	0,93	1,23	1,26	1,04	0,098	0,99	1,17	1,19
Q99MR8	Methylcrotonoyl-CoA carboxylase subunit alpha, mitochondrial	1,24	1,32	1,21		1,17	1,16	0,098	1,26	1,17	0,93
Q80TV8	CLIP-associating protein 1	0,51	0,61	0,52	0,66	1,08	1,08	0,098	0,55	0,94	1,72
Q93092	Transaldolase	1,69	1,56	1,21	1,18	0,90	1,21	0,099	1,49	1,10	0,74
P06837	Neuromodulin	1,71	1,65	1,54	1,12	1,54	1,22	0,100	1,63	1,29	0,79
Q8BNU0	Armadillo repeat-containing protein 6	1,14	1,06	0,79	0,89	0,48	0,56	0,100	1,00	0,64	0,64
P14869	60S acidic ribosomal protein P0	1,89	1,78	1,83	1,25	0,98	1,63	0,100	1,83	1,29	0,70
Q9EQ06	Estradiol 17-beta-dehydrogenase 11	1,35	1,34	0,99	0,92	1,04	0,74	0,100	1,22	0,90	0,73

**Supplementary Table 3.** Protein quantification in hippocampus at six months of age.

Protein hits and signal ratio compared to standard (STD) for each individual mouse used for IPA analysis.											
ID	Protein	STD/ NLF1	STD/ NLF2	STD/ NLF3	STD/ WT1	STD/ WT2	STD/ WT3	P	Average STD/NLF	Average STD/WT	Ratio NLF/WT
Q9QXS1	Plectin	1,062	1,043	1,027	0,937	0,903	0,925	0,001	1,044	0,921	0,88
Q569Z5	Probable ATP-dependent RNA helicase DDX46	0,391	0,421	0,280	0,889	0,917	0,771	0,001	0,364	0,859	2,36
O88848	ADP-ribosylation factor-like protein 6	1,214	1,207		1,004	1,006	1,037	0,001	1,211	1,016	0,84
Q923D5	WW domain-binding protein 11	0,476	0,557	0,592	0,919	0,971		0,003	0,542	0,945	1,74
Q64700	Retinoblastoma-like protein 2	0,504	0,526		1,382		1,426	0,004	0,515	1,404	2,73
P43276	Histone H1.5	1,966	2,001	1,776	1,165		1,257	0,004	1,914	1,211	0,63
Q9D415	Disks large-associated protein 1	1,239	1,221	1,140	0,945	1,000	0,914	0,004	1,200	0,953	0,79
Q05D44	Eukaryotic translation initiation factor 5B	8,172	7,534		3,826	2,447	3,884	0,004	7,853	3,385	0,43
Q99K10	Neuroigin-1	0,611	0,617	0,577	0,456		0,431	0,004	0,601	0,443	0,74
Q6PB66	Leucine-rich PPR motif-containing protein, mitochondrial	1,032	1,039	0,982	1,501	1,413	1,353	0,005	1,018	1,422	1,40
Q3UEB3	Poly(U)-binding-splicing factor PUF60	1,072	1,254	1,283	1,654	1,590	1,777	0,006	1,203	1,673	1,39
Q6GYP7	Ral GTPase-activating protein subunit alpha-1	0,986	0,931	1,057	1,209	1,286	1,257	0,007	0,991	1,251	1,26
O54916	RalBP1-associated Eps domain-containing protein 1	0,771		0,760	0,831	0,815	0,815	0,007	0,765	0,820	1,07
Q8BWG8	Beta-arrestin-1	1,601	1,641	1,404	0,976	1,154	1,067	0,008	1,549	1,066	0,69
Q9QYS2	Metabotropic glutamate receptor 3	1,167	0,889	0,933	1,552	1,967	1,785	0,008	0,996	1,768	1,77
O35381	Acidic leucine-rich nuclear phosphoprotein 32 family member A	0,681		0,697	1,116	1,013	0,998	0,009	0,689	1,043	1,51
Q9QZE5	Coatomer subunit gamma-1	1,041	0,962	1,026	1,188		1,228	0,009	1,009	1,208	1,20
Q920P5	Adenylate kinase isoenzyme 5	0,983	1,119	1,095	1,322	1,343	1,396	0,009	1,066	1,354	1,27
O35691	Pinin		0,543	0,436	0,972	1,132	1,047	0,009	0,489	1,050	2,15
Q9Z1Z2	Serine-threonine kinase receptor-associated protein	1,230	1,232	1,214	1,132	1,081	1,085	0,010	1,226	1,099	0,90
Q6PGN3	Serine/threonine-protein kinase DCLK2	1,250	1,306	1,416	0,971	1,024	1,089	0,010	1,324	1,028	0,78
Q80VL1	Tudor and KH domain-containing protein	1,247		1,088	2,663		2,461	0,010	1,168	2,562	2,19
P60469	Liprin-alpha-3	0,984	1,095	1,014	0,803	0,877	0,759	0,010	1,031	0,813	0,79
Q91ZU6	Dystonin	1,122	1,257	1,270	0,958	0,933	0,873	0,011	1,216	0,921	0,76
P60904	DnaJ homolog subfamily C member 5	1,110	0,753	1,023	1,665	1,825	1,445	0,011	0,962	1,645	1,71
Q6P5F6	Zinc transporter ZIP10	1,331	1,432	1,089	0,678	0,539	0,836	0,011	1,284	0,684	0,53
Q7TT50	Serine/threonine-protein kinase MRCK beta	1,023	1,020	1,026	0,945	0,903	0,934	0,015	1,023	0,927	0,91
Q99K51	Plastin-3	5,434	5,389	7,433	2,037	1,875	1,281	0,015	6,085	1,731	0,28
Q9ERY9	Probable ergosterol biosynthetic protein 28	1,193	1,147		0,905		0,850	0,016	1,170	0,877	0,75
P62627	Dynein light chain roadblock-type 1	0,798	0,920	0,981	1,163	1,262	1,123	0,016	0,899	1,183	1,32
A2AHC3	Calmodulin-regulated spectrin-associated protein 1		1,585	1,041	5,599	4,881		0,016	1,313	5,240	3,99
Q60803	TNF receptor-associated factor 3	2,025	1,784		0,270	1,037	0,563	0,017	1,905	0,623	0,33
Q99KC8	von Willebrand factor A domain-containing protein 5A	1,250	1,351	1,536	1,040	0,754	0,945	0,017	1,379	0,913	0,66
Q60790	Ras GTPase-activating protein 3	0,766	0,729	0,740	0,815	0,795	0,799	0,017	0,745	0,803	1,08
Q6P4T2	U5 small nuclear ribonucleoprotein 200 kDa helicase	1,222	1,178	1,303	1,071	1,008	0,913	0,017	1,234	0,997	0,81
Q61035	Histidine--tRNA ligase, cytoplasmic	0,969	0,807	0,736	1,270	1,199	1,100	0,017	0,837	1,190	1,42
P20152	Vimentin	0,979	1,043	1,050	0,881	0,922	0,914	0,018	1,024	0,906	0,88
Q3U1J4	DNA damage-binding protein 1	1,092	1,070	0,971	0,774	0,849	0,904	0,019	1,044	0,842	0,81
P51174	Long-chain specific acyl-CoA dehydrogenase, mitochondrial	0,759	0,784	0,931	1,160	1,110	1,165	0,019	0,825	1,145	1,39
Q9DC28	Casein kinase I isoform delta	0,788	0,490	0,742		1,298	1,150	0,019	0,673	1,224	1,82
Q8BWY3	Eukaryotic peptide chain release factor subunit 1	0,985	0,815	0,941	1,144	1,363	1,391	0,020	0,914	1,300	1,42
Q99K10	Aconitate hydratase, mitochondrial	0,935	1,007	0,975	1,105	1,147	1,056	0,020	0,972	1,103	1,13
P99026	Proteasome subunit beta type-4	0,854	0,780	0,871	0,977		1,022	0,020	0,835	1,000	1,20
P28028	Serine/threonine-protein kinase B-raf	1,239	1,100	1,183	0,963	0,942	0,918	0,021	1,174	0,941	0,80
Q8BGF9	Solute carrier family 25 member 44	1,264	1,135	1,130	1,398		1,433	0,022	1,176	1,416	1,20
Q3UJD6	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 19		1,451	1,560	0,966		1,056	0,022	1,505	1,011	0,67
O88910	MAGUK p55 subfamily member 3	1,263	1,153		1,577	1,689	1,528	0,022	1,208	1,598	1,32
P47757	F-actin-capping protein subunit beta	0,952	0,910	0,924	0,867	0,792	0,804	0,025	0,929	0,821	0,88
Q9CZU6	Citrate synthase, mitochondrial	0,841	0,808	1,032	1,175	1,138	1,339	0,026	0,894	1,217	1,36
Q8BX70	Vacuolar protein sorting-associated protein 13C	0,921	0,892	0,872	1,003	0,947	1,016	0,027	0,895	0,988	1,10
Q8C8R3	Ankyrin-2	1,138	1,077	1,109	0,980	0,942	1,037	0,027	1,108	0,986	0,89
Q9ROX4	Acyl-coenzyme A thioesterase 9, mitochondrial	0,960	1,059	0,923	0,803	0,852	0,731	0,027	0,981	0,795	0,81
P49722	Proteasome subunit alpha type-2	1,316	1,178	0,789	1,786	2,117	1,602	0,028	1,095	1,835	1,68
Q8VDD5	Myosin-9	1,009	1,039	1,144	1,265	1,330	1,187	0,028	1,064	1,261	1,18
O70493	Sorting nexin-12	0,823	0,750	0,866	0,669	0,627	0,696	0,028	0,813	0,664	0,82
Q61879	Myosin-10	1,057	1,065	1,200	0,905	0,850	0,910	0,028	1,107	0,888	0,80
Q6DFW4	Nucleolar protein 58	1,127	1,030	1,014	0,921	0,851	0,938	0,028	1,057	0,904	0,85
Q99LC3	NADH DH [ubiquinone] 1 alpha subcomplex subunit 10, mitochondrial	1,029	1,055	1,054	0,823	0,834	0,933	0,029	1,046	0,863	0,83
Q8C3Q5	Protein shisa-7	0,959	1,059	1,019	0,887	0,855	0,864	0,029	1,012	0,869	0,86
Q8K0V4	CCR4-NOT transcription complex subunit 3	0,831	0,809		1,111	1,027	0,967	0,029	0,820	1,035	1,26
Q9CR16	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase D	0,934	0,982	1,327	0,334	0,727	0,511	0,030	1,081	0,524	0,48
O54829	Regulator of G-protein signaling 7	0,818		0,809	1,048	1,012	0,934	0,030	0,814	0,998	1,23
P54775	26S protease regulatory subunit 6B	1,113	1,251	1,003	0,925	0,688	0,762	0,030	1,122	0,792	0,71
Q8CCJ4	APC membrane recruitment protein 2	1,313	1,383		1,178	1,044	0,964	0,030	1,348	1,062	0,79
Q921G7	Electron transfer flavoprotein-ubiquinone oxidoreductase, mito	0,769	0,808	0,726	0,952	0,863	0,866	0,030	0,768	0,893	1,16
Q9RON7	Synaptotagmin-7	0,916	0,857	0,885	0,995	0,959	0,937	0,032	0,886	0,964	1,09
Q08460	Calcium-activated potassium channel subunit alpha-1	0,915		0,949	0,808	0,823	0,867	0,032	0,932	0,832	0,89
P99029	Peroxisome protein 5, mitochondrial	0,604	0,466	0,576	0,880	0,711	0,728	0,033	0,549	0,773	1,41
Q9CQF4	Uncharacterized protein C6orf203 homolog	0,908	0,880		0,987	1,016		0,033	0,894	1,001	1,12
O35643	AP-1 complex subunit beta-1	1,760	1,334	1,459	0,827	1,051	1,122	0,034	1,517	1,000	0,66
P0C7L0	WAS/WASL-interacting protein family member 3	1,128	1,204	1,144	1,079	0,963	0,962	0,035	1,158	1,001	0,86
P27659	60S ribosomal protein L3	1,689	1,277	1,619	0,978	1,067	0,892	0,036	1,528	0,979	0,64
P14733	Lamin-B1	1,344	1,130	1,091	0,778	0,800	0,797	0,036	1,189	0,792	0,67
Q99PJ0	Neurotrimin	1,131	0,970	1,082	0,930	0,879	0,809	0,037	1,061	0,873	0,82
Q9CR26	Vacuolar protein sorting-associated protein VTA1 homolog	0,376	0,613	0,339	0,790	0,875	0,779	0,037	0,443	0,815	1,84
P35290	Ras-related protein Rab-24	0,689	0,694		1,965	1,349	1,514	0,038	0,691	1,610	2,33
Q8BG67	Protein EFR3 homolog A	0,585	0,492	0,687	0,859	0,820	0,763	0,038	0,588	0,814	1,38
Q8BYN5	FSD1-like protein	0,871	1,005	0,795	1,180	1,262	1,547	0,038	0,890	1,330	1,49
O08795	Glucosidase 2 subunit beta	1,615	2,007	1,514	1,213	0,949	1,205	0,039	1,712	1,122	0,66



Q6Y7W8	PERQ amino acid-rich with GYF domain-containing protein 2	0,808	0,776	1,152	1,476	1,343	0,039	0,912	1,410	1,55	
Q70FJ1	A-kinase anchor protein 9	2,347	2,678	0,822	0,826	1,011	0,039	2,512	0,886	0,35	
Q80T41	Gamma-aminobutyric acid type B receptor subunit 2	0,985	0,745	0,807	1,061	1,297	1,104	0,039	0,846	1,154	1,36
Q9Z2X1	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein F	1,079	0,927	1,105	0,823	0,781	0,039	1,037	0,802	0,77	
Q8R3V5	Endophilin-B2	1,042	0,930	0,959	1,144	1,113	1,064	0,040	0,977	1,107	1,13
Q640R3	Hepatocyte cell adhesion molecule	1,305	1,125	1,133	0,914	0,974	0,923	0,040	1,188	0,937	0,79
P11499	Heat shock protein HSP 90-beta	0,845	0,742	0,961	1,097	1,184	1,005	0,041	0,849	1,095	1,29
G3X9K3	Brefeldin A-inhibited guanine nucleotide-exchange protein 1	0,894	0,794	0,639	1,063	0,971	1,137	0,042	0,775	1,057	1,36
Q8BYM5	Neuroigin-3	0,592	0,349	1,013	1,353	2,583	2,284	0,042	0,651	2,073	3,18
Q8R2V5	Arf-GAP with dual PH domain-containing protein 2	0,731	0,740	0,774	0,824	0,826	0,042	0,735	0,808	1,10	
Q99020	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein A/B	0,446	0,446	0,406	0,920	0,835	0,042	0,432	0,877	2,03	
P62500	TSC22 domain family protein 1	0,473	0,524	0,751	0,776	0,605	0,042	0,498	0,711	1,43	
Q8BH04	Phosphoenolpyruvate carboxykinase [GTP], mitochondrial	0,582	0,764	0,859	0,952	1,106	1,068	0,042	0,735	1,042	1,42
Q9JMA1	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 14	0,924	0,855	0,798	0,991	1,014	1,030	0,042	0,859	1,012	1,18
Q8R0A7	Uncharacterized protein KIAA0513	0,434	0,523	0,692	0,846	0,731	0,985	0,045	0,550	0,854	1,55
F6ZDS4	Nucleoprotein TPR	1,580	1,544	1,422	1,319	1,008	1,205	0,046	1,516	1,177	0,78
Q80U49	Centrosomal protein of 170 kDa protein B	1,160	0,854	1,202	0,661	0,595	0,576	0,046	1,072	0,611	0,57
O88735	Ensconsin	0,793	1,493	0,957	1,772	1,944	2,031	0,046	1,081	1,915	1,77
P61161	Actin-related protein 2	1,078	0,980	1,000	0,884	0,953	0,888	0,046	1,019	0,908	0,89
O55125	Protein NipSnap homolog 1	0,887	0,893	0,973	1,077	1,021	0,046	0,890	1,024	1,15	
P63038	60 kDa heat shock protein, mitochondrial	1,136	1,289	1,399	0,989	1,048	0,925	0,046	1,275	0,987	0,77
Q03157	Amyloid-like protein 1	0,843	1,119	1,173	0,594	0,634	0,781	0,046	1,045	0,670	0,64
Q8BU31	Ras-related protein Rap-2c	0,443	0,414	0,483	0,492	0,527	0,046	0,428	0,501	1,17	
P50114	Protein S100-B	1,094	1,056	0,958	1,200	1,202	1,224	0,047	1,036	1,209	1,17
Q9CR00	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 9	1,067	0,874	0,964	0,814	0,797	0,686	0,047	0,968	0,765	0,79
Q8BFQ4	WD repeat-containing protein 82	1,115	1,042	1,382	1,351	0,048	1,079	1,367	1,27		
O08599	Syntaxin-binding protein 1	1,202	1,134	1,306	0,953	1,076	1,064	0,048	1,214	1,031	0,85
Q8BLR2	Copine-4	1,162	1,040	0,860	0,648	0,720	0,048	1,021	0,684	0,67	
P60761	Neurogranin	2,965	2,960	3,112	3,204	3,337	3,531	0,048	3,012	3,357	1,11
P70663	SPARC-like protein 1	0,659	0,620	0,703	0,849	0,740	0,757	0,049	0,661	0,782	1,18
Q8BG40	Katanin p80 WD40 repeat-containing subunit B1	1,043	1,290	1,090	0,833	0,739	0,981	0,049	1,141	0,851	0,75
Q8R307	Vacuolar protein sorting-associated protein 18 homolog	2,896	2,393	2,230	1,624	1,902	0,949	0,049	2,507	1,492	0,60
Q8BGQ7	Alanine--tRNA ligase, cytoplasmic	1,148	1,087	1,097	1,019	0,990	1,069	0,049	1,111	1,026	0,92
P62715	Serine/threonine-prot phosphatase 2A catalytic subunit beta isoform	0,841	0,793	0,649	0,622	0,550	0,499	0,050	0,761	0,557	0,73
Q60823	RAC-beta serine/threonine-protein kinase	1,206	1,044	0,668	0,570	0,050	1,125	0,619	0,55		
Q80VP0	Tectonin beta-propeller repeat-containing protein 1	1,785	1,482	1,773	1,012	0,711	1,350	0,051	1,680	1,025	0,61
Q91YPO	L-2-hydroxyglutarate dehydrogenase, mitochondrial	0,907	1,017	0,926	0,814	0,881	0,776	0,051	0,950	0,824	0,87
Q6NZJ6	Eukaryotic translation initiation factor 4 gamma 1	0,824	0,866	0,783	0,920	0,957	0,875	0,051	0,824	0,917	1,11
Q9QZ49	UBX domain-containing protein 8	18,757	15,873	10,325	7,734	0,052	17,315	9,029	0,52		
P19246	Neurofilament heavy polypeptide	1,056	0,983	1,111	0,788	0,696	0,934	0,052	1,050	0,806	0,77
Q8K215	LYR motif-containing protein 4	0,841	0,805	0,836	1,050	0,943	0,929	0,052	0,827	0,974	1,18
Q8BH58	TIP41-like protein	1,615	1,517	1,934	1,264	1,105	1,381	0,052	1,689	1,250	0,74
Q8CG76	Aflatoxin B1 aldehyde reductase member 2	0,986	1,095	1,346	1,384	1,263	0,052	1,040	1,331	1,28	
Q8BHE3	Caytaxin	1,227	1,315	1,674	2,134	1,785	2,528	0,053	1,405	2,149	1,53
Q99JY0	Trifunctional enzyme subunit beta, mitochondrial	0,905	0,995	0,958	1,037	1,196	1,104	0,053	0,953	1,112	1,17
Q9EPU5	Tumor necrosis factor receptor superfamily member 21	0,119	0,552	0,344	0,836	0,862	0,053	0,338	0,849	2,51	
Q8BU14	Translocation protein SEC62	0,630	0,598	0,654	0,715	0,719	0,054	0,614	0,696	1,13	
Q9R1P0	Proteasome subunit alpha type-4	0,989	1,252	1,116	0,967	0,740	0,829	0,054	1,119	0,845	0,76
Q9D8S9	BolA-like protein 1	0,942	1,422	0,644	2,031	2,585	0,055	1,003	2,308	2,30	
P24527	Leukotriene A-4 hydrolase	0,836	0,855	0,827	1,019	0,935	1,091	0,055	0,839	1,015	1,21
Q91ZP9	N-terminal EF-hand calcium-binding protein 2	1,072	0,979	1,021	1,226	1,085	1,200	0,056	1,024	1,170	1,14
Q8QZY9	Splicing factor 3B subunit 4	2,499	2,032	1,175	0,836	0,057	2,265	1,006	0,44		
Q03958	Prefoldin subunit 6	6,877	3,349	7,261	1,576	0,870	0,057	5,829	1,223	0,21	
Q8R2R9	AP-3 complex subunit mu-2	0,803	0,652	0,973	1,093	1,361	0,057	0,728	1,142	1,57	
Q6PGC1	ATP-dependent RNA helicase Dhx29	0,923	0,965	0,800	0,820	0,058	0,944	0,810	0,86		
Q91XM9	Disks large homolog 2	1,192	1,333	1,125	0,962	1,001	0,987	0,058	1,217	0,983	0,81
Q9WV92	Band 4.1-like protein 3	1,015	1,042	0,966	0,934	0,915	0,938	0,059	1,008	0,929	0,92
Q9DC53	Copine-8	0,457	0,740	1,671	1,358	0,967	0,060	0,599	1,332	2,23	
Q9JMG1	Endothelial differentiation-related factor 1	1,286	0,569	1,661	2,220	2,508	2,210	0,060	1,172	2,313	1,97
P35550	rRNA 2'-O-methyltransferase fibrillar	1,442	1,368	1,213	1,121	0,061	1,405	1,167	0,83		
Q9CX00	IST1 homolog	1,203	1,143	0,917	0,933	0,725	0,725	0,061	1,088	0,794	0,73
Q9WV32	Actin-related protein 2/3 complex subunit 1B	0,903	0,812	1,024	1,331	1,391	0,061	0,857	1,249	1,46	
Q91W90	Thioredoxin domain-containing protein 5	0,811	0,665	0,593	0,409	0,437	0,575	0,062	0,690	0,474	0,69
Q61239	Prot farnesyltransferase/geranylgeranyltransf type-1 subunit alpha	1,026	1,033	0,541	0,590	0,851	0,062	1,029	0,660	0,64	
P19096	Fatty acid synthase	1,055	1,064	0,960	0,895	0,899	0,904	0,062	1,026	0,899	0,88
Q9Z1Q9	Valine--tRNA ligase	1,108	1,346	1,321	1,086	0,916	1,035	0,062	1,259	1,012	0,80
Q91WD5	NADH dehydrogenase [ubiquinone] iron-sulfur protein 2, mito	0,959	0,948	1,015	1,329	1,214	1,585	0,062	0,974	1,376	1,41
Q8VCE6	5'(3')-deoxyribonucleotidase, mitochondrial	0,838	0,597	3,137	1,634	3,419	0,062	0,718	2,730	3,80	
Q9D0S9	Histidine triad nucleotide-binding protein 2, mitochondrial	1,512	1,712	1,443	1,866	1,826	0,063	1,556	1,846	1,19	
Q61768	Kinesin-1 heavy chain	0,900	0,898	1,110	0,540	0,655	0,839	0,063	0,969	0,678	0,70
Q9CQD1	Ras-related protein Rab-5A	3,691	3,822	1,698	1,217	0,392	0,577	0,063	3,070	0,729	0,24
Q91WK2	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit H	0,625	0,668	0,424	0,918	1,334	0,881	0,063	0,572	1,044	1,83
B9EJA2	Cortactin-binding protein 2	1,084	1,025	1,295	0,971	0,621	0,802	0,063	1,134	0,798	0,70
P62334	26S protease regulatory subunit 10B	1,075	1,090	1,239	0,956	0,921	1,017	0,064	1,134	0,965	0,85
O88737	Protein bassoon	1,026	1,012	0,961	0,916	0,897	0,967	0,064	1,000	0,927	0,93
Q9Z1Z0	General vesicular transport factor p115	1,009	1,039	0,929	1,106	1,087	1,122	0,065	0,992	1,105	1,11
P63321	Ras-related protein Ral-A	0,930	0,878	0,914	4,403	4,257	2,160	0,065	0,907	3,607	3,97
P60710	Actin, cytoplasmic 1	1,317	1,282	1,270	1,227	1,251	1,255	0,065	1,289	1,244	0,97
Q99K48	Non-POU domain-containing octamer-binding protein	0,850	0,954	0,852	0,819	0,750	0,759	0,066	0,886	0,776	0,88
Q9EPW0	Type I inositol 3,4-bisphosphate 4-phosphatase	1,060	1,275	1,260	0,954	1,072	0,817	0,069	1,199	0,948	0,79
Q8C419	Probable G-protein coupled receptor 158	0,942	0,887	1,078	1,209	1,218	1,056	0,069	0,969	1,161	1,20
Q6ZQ58	La-related protein 1	0,949	1,557	1,364	0,803	0,728	0,583	0,069	1,290	0,705	0,55
Q8BXA5	Cleft lip and palate transmembrane protein 1-like protein	0,877	0,948	0,619	0,633	0,069	0,912	0,626	0,69		
Q60605	Myosin light polypeptide 6	1,633	0,828	1,469	0,621	0,406	0,069	1,310	0,513	0,39	

Q8CAA7	Glucose 1,6-bisphosphate synthase	1,480	1,317	1,398	0,799	0,777	1,218	0,071	1,398	0,931	0,67
Q9CQE8	UPF0568 protein C14orf166 homolog		0,781	0,468	2,005	1,020	1,596	0,071	0,625	1,540	2,47
Q9CZX8	40S ribosomal protein S19	0,328	0,276	0,852	1,387	1,661	0,794	0,071	0,486	1,281	2,64
Q61036	Serine/threonine-protein kinase PAK 3		1,349	1,386	1,880	1,529	1,846	0,072	1,367	1,751	1,28
Q91VC3	Eukaryotic initiation factor 4A-III	0,619	0,756	0,705	1,145	1,233	0,842	0,072	0,693	1,074	1,55
P35436	Glutamate receptor ionotropic, NMDA 2A	1,144	1,311	1,118	1,057	0,901	1,042	0,073	1,191	1,000	0,84
O88746	Target of Myb protein 1	0,893	0,818	0,796	0,759	0,750	0,639	0,074	0,836	0,716	0,86
P54728	UV excision repair protein RAD23 homolog B	1,047	1,075	1,117	1,046	0,968	0,944	0,074	1,080	0,986	0,91
Q9CR95	Adaptin ear-binding coat-associated protein 1	0,814	0,854	0,823	1,058	1,031	0,896	0,074	0,830	0,995	1,20
Q9DAS9	Guanine nucleotide-binding prot G(I)/G(S)/G(O) subunit gamma-12	0,737	0,844	0,958	0,575	0,651	0,730	0,075	0,847	0,652	0,77
Q9D1K2	V-type proton ATPase subunit F	1,231	1,213	1,192	1,062	1,158	1,140	0,075	1,212	1,120	0,92
P43274	Histone H1.4	0,429	0,413	0,361	0,539	0,506	0,691	0,075	0,401	0,578	1,44
Q921H8	3-ketoacyl-CoA thiolase A, peroxisomal	1,273	2,470	1,587	0,463	1,240	0,065	0,075	1,777	0,589	0,33
P16125	L-lactate dehydrogenase B chain	0,845	0,796	0,787	0,934	0,889	0,843	0,076	0,809	0,889	1,10
P80317	T-complex protein 1 subunit zeta	0,942	1,043	0,954	0,871	0,885	0,724	0,077	0,980	0,827	0,84
O08532	Voltage-dependent calcium channel subunit alpha-2/delta-1	1,005	1,090	1,044	0,903	0,958	1,004	0,077	1,046	0,955	0,91
Q8BMJ2	Leucine--tRNA ligase, cytoplasmic	0,393	0,733	0,294	0,743	0,857	1,002	0,078	0,473	0,867	1,83
Q9R0Q3	Transmembrane emp24 domain-containing protein 2	0,934	1,108	1,199	1,333	1,315	1,357	0,078	1,080	1,335	1,24
O08989	Ras-related protein M-Ras	1,061	0,881	1,111	1,136	1,268	1,268	0,078	1,018	1,224	1,20
P62073	Mitochondrial import inner membrane translocase subunit Tim10	3,045	3,101	2,971	1,074	2,460	1,302	0,079	3,039	1,612	0,53
Q5PR69	Uncharacterized protein KIAA1211	1,453	1,320	1,566	1,203		1,223	0,079	1,446	1,213	0,84
Q3THK7	GMP synthase [glutamine-hydrolyzing]	1,392	0,985	1,067	0,798	0,893	0,658	0,080	1,148	0,783	0,68
Q2M3X8	Phosphatase and actin regulator 1	0,776		0,709	0,922	1,286	1,022	0,081	0,742	1,077	1,45
Q9Z0U1	Tight junction protein ZO-2	1,030	1,044	0,841	0,871	0,765	0,687	0,082	0,972	0,774	0,80
P97492	Regulator of G-protein signaling 14	1,410	1,288	0,947	0,733	0,964	0,749	0,083	1,215	0,815	0,67
Q8VDK1	Nitrilase homolog 1	0,665	1,146	0,645	1,079	1,387	1,408	0,083	0,818	1,291	1,58
P23818	Glutamate receptor 1	1,051	0,995	0,961	0,888	0,865	0,969	0,084	1,002	0,907	0,91
P13595	Neural cell adhesion molecule 1	0,941	0,993	1,060	1,147	1,048	1,111	0,085	0,998	1,102	1,10
Q80TK0	Uncharacterized protein KIAA1107	0,887	1,108	0,839	0,517	0,658	0,825	0,085	0,945	0,667	0,71
Q8K382	DENN domain-containing protein 1A	0,837	0,658	1,173	1,797	1,314	1,197	0,085	0,889	1,436	1,61
Q6Y685	Transforming acidic coiled-coil-containing protein 1	1,173	0,912	1,071	0,827	0,805		0,087	1,052	0,816	0,78
Q7TMY8	E3 ubiquitin-protein ligase HUWE1	0,652	0,783	0,904	1,113	0,908	1,315	0,087	0,780	1,112	1,43
P47802	Metaxin-1	1,129	0,737	0,558	0,520	0,358	0,075	0,087	0,808	0,318	0,39
Q80UG2	Plexin-A4	1,438	1,043	1,323	0,854	0,972	0,933	0,087	1,268	0,920	0,73
Q9WV60	Glycogen synthase kinase-3 beta	1,280	1,397	1,880	2,035		2,118	0,087	1,519	2,077	1,37
Q9WTP7	GTP:AMP phosphotransferase AK3, mitochondrial	0,635	0,621	0,929	0,981	1,073	1,028	0,088	0,728	1,027	1,41
P57722	Poly(rC)-binding protein 3	0,896	0,731		1,213	1,276		0,088	0,813	1,245	1,53
Q8BK64	Activator of 90 kDa heat shock protein ATPase homolog 1	0,838	1,037	0,916	0,793	0,799	0,711	0,089	0,930	0,768	0,83
O35344	Importin subunit alpha-3	0,619		0,697	2,091	5,080	3,044	0,089	0,658	3,405	5,17
Q9Z351	Potassium voltage-gated channel subfamily KQT member 2	1,998	2,064		1,565	1,763	1,162	0,090	2,031	1,496	0,74
P56959	RNA-binding protein FUS	0,891	0,991	1,122	0,855	0,813	0,766	0,090	1,002	0,811	0,81
O88291	DBIRD complex subunit ZNF326	0,960	0,889	0,975	1,081	1,075	0,971	0,090	0,941	1,043	1,11
P50153	Guanine nucleotide-binding prot G(I)/G(S)/G(O) subunit gamma-4	1,272	1,015	1,095	0,831	0,785	1,040	0,090	1,128	0,885	0,79
P41216	Long-chain-fatty-acid--CoA ligase 1	0,977	0,890	0,931	0,586	0,844	0,544	0,091	0,932	0,658	0,71
P97807	Fumarate hydratase, mitochondrial	1,382	1,303	1,160	1,064	1,037	1,194	0,091	1,282	1,098	0,86
P70704	Phospholipid-transporting ATPase 1A	0,978	0,958	0,856	1,123	1,213	0,989	0,094	0,931	1,108	1,19
Q3UU96	Serine/threonine-protein kinase MRCK alpha	2,058	1,182	2,147	1,044	1,172	0,649	0,094	1,796	0,955	0,53
Q61699	Heat shock protein 105 kDa	1,060	1,048	0,883	0,879	0,801	0,835	0,094	0,997	0,838	0,84
Q9JL26	Formin-like protein 1	0,414	0,533	0,665	1,335	0,759	0,931	0,094	0,538	1,008	1,88
Q0GNC1	Inverted formin-2	0,314	0,781	0,877	0,943	1,170	1,276	0,094	0,657	1,130	1,72
Q14CHO	Protein FAM171B	1,001	1,110		0,745	0,721		0,094	1,056	0,733	0,69
P31648	Sodium- and chloride-dependent GABA transporter 1	1,222	1,293	1,334	1,113	1,174	1,240	0,094	1,283	1,176	0,92
P61089	Ubiquitin-conjugating enzyme E2 N	1,509	1,251	2,503	0,818	0,292	1,048	0,095	1,754	0,719	0,41
Q9R0Y5	Adenylate kinase isoenzyme 1	0,663	0,785	0,818	0,634	0,649	0,590	0,095	0,755	0,625	0,83
Q99JP6	Homer protein homolog 3	0,569	0,783	0,801	0,961	0,875	0,941	0,096	0,717	0,925	1,29
P62900	60S ribosomal protein L31	1,133	1,214	1,038	0,904	1,002		0,096	1,129	0,953	0,84
Q9D023	Mitochondrial pyruvate carrier 2	3,664	5,192	4,809	6,013	6,531	5,130	0,096	4,555	5,891	1,29
Q9D557	Leucine-rich repeat and guanylate kinase domain-containing prot	8,357	8,475	7,861	8,455	9,443	9,233	0,096	8,231	9,044	1,10
Q9R1P3	Proteasome subunit beta type-2	1,515	1,584	1,443	5,426	3,030	3,091	0,097	1,514	3,849	2,54
Q5SRX1	TOM1-like protein 2	2,846	2,391	4,459	1,386	1,708	1,246	0,098	3,232	1,447	0,45
Q8K2B3	Succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit, mito	0,832	0,832	0,937	1,077	1,186	0,931	0,099	0,867	1,065	1,23
Q6ZQ82	Rho GTPase-activating protein 26		1,245	1,359	1,069	1,003	1,014	0,099	1,302	1,029	0,79
P62855	40S ribosomal protein S26	0,998	0,883	0,711	1,061	1,052	1,157	0,099	0,864	1,090	1,26
Q8BP67	60S ribosomal protein L24	0,891	0,690	0,876	0,661	0,600	0,664	0,100	0,819	0,642	0,78

**Supplementary Table 4.** Protein quantification in cortex at six months of age.

Protein hits and signal ratio compared to standard (STD) for each individual mouse used for IPA analysis.

ID	Protein	STD/ NLF1	STD/ NLF2	STD/ NLF3	STD/ WT1	STD/ WT2	STD/ WT3	P	Average STD/NLF	Average STD/WT	Ratio NLF/WT
Q5XJV6	Serine/threonine-protein kinase LMTK3	1,08	0,94	1,45		5,05	5,21	0,000	1,16	5,13	4,43
Q791T5	Mitochondrial carrier homolog 1	0,66	0,64	0,68	0,81	0,80	0,83	0,001	0,66	0,82	1,23
Q69ZR2	E3 ubiquitin-protein ligase HECTD1	0,89	0,80	0,85	0,58	0,52	0,61	0,002	0,85	0,57	0,67
P97447	Four and a half LIM domains protein 1	2,92	3,15	3,07	2,41	2,16	2,22	0,002	3,05	2,27	0,74
F8VPU2	FERM, RhoGEF and pleckstrin domain-containing protein 1	0,92		0,94	1,11	1,17	1,17	0,002	0,93	1,15	1,23
Q8BGD9	Eukaryotic translation initiation factor 4B	0,74	0,65	0,59	1,10	1,01	1,05	0,003	0,66	1,06	1,60
Q9CXW4	60S ribosomal protein L11	1,01	1,00	0,99	1,03	1,05	1,04	0,003	1,00	1,04	1,04
Q9D8N0	Elongation factor 1-gamma	1,04	1,15	1,09	0,84	0,78	0,85	0,004	1,09	0,82	0,75
Q810U3	Neurofascin	0,93	0,97	0,98	1,06	1,12	1,08	0,005	0,96	1,09	1,13
Q8R3Q6	Coiled-coil domain-containing protein 58		1,77	1,79	1,36	1,46	1,34	0,006	1,78	1,39	0,78
P62073	Mitochondrial import inner membrane translocase subunit Tim10	2,17	1,99	2,45	1,13	0,99		0,006	2,20	1,06	0,48
O88735	Enscosin	1,14	0,80	0,79	3,26	2,55	2,55	0,006	0,91	2,79	3,07
Q91ZZ3	Beta-synuclein	1,44	1,39	1,41	0,90	1,00	0,82	0,007	1,41	0,91	0,64
Q99LI7	Cleavage stimulation factor subunit 3	1,23	1,02	1,11		1,71	1,67	0,008	1,12	1,69	1,51
Q3TDK6	Protein rogdi homolog	0,97	0,68	0,74	1,39	1,51	1,33	0,008	0,80	1,41	1,77
O55042	Alpha-synuclein	0,45	0,42	0,48	0,54	0,60	0,61	0,008	0,45	0,58	1,30
Q922Q8	Leucine-rich repeat-containing protein 59	1,11	1,05	0,93	1,32	1,43	1,53	0,009	1,03	1,43	1,38
P17742	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase A	0,93	0,89	0,94	1,04	1,02	1,04	0,010	0,92	1,04	1,13
Q9CQ92	Mitochondrial fission 1 protein		0,75	0,58	1,38	1,50	1,80	0,010	0,67	1,56	2,33
Q501J6	Probable ATP-dependent RNA helicase DDX17	0,82	0,83	0,77	0,93	0,91	0,98	0,011	0,81	0,94	1,17
P34022	Ran-specific GTPase-activating protein	0,91	0,90	0,85	0,76	0,65	0,69	0,011	0,89	0,70	0,79
Q9ES28	Rho guanine nucleotide exchange factor 7	1,39	1,34	1,12	0,57	0,89	0,72	0,012	1,28	0,73	0,57
P57780	Alpha-actinin-4	1,12	1,08	1,18	0,84	0,82	0,96	0,012	1,13	0,87	0,77
O88487	Cytoplasmic dynein 1 intermediate chain 2	1,95	2,11	2,03	0,77	0,97	1,26	0,012	2,03	1,00	0,49
Q8VDK1	Nitrilase homolog 1	0,52	0,53	0,54	0,58	0,61	0,61	0,013	0,53	0,60	1,14
Q922J6	Tetraspanin-2	1,44	1,27	1,80	0,80	0,48	0,56	0,013	1,50	0,62	0,41
Q9JL62	Glycolipid transfer protein	2,00	1,25	1,45	2,62	2,77	3,34	0,013	1,57	2,91	1,85
Q8C3Q5	Protein shisa-7	1,43	1,44	1,76	0,76	1,12	0,86	0,014	1,54	0,91	0,59
P03995	Glial fibrillary acidic protein	1,21	1,20	1,44	0,74	0,98	0,71	0,015	1,28	0,81	0,63
Q9CQF4	Uncharacterized protein C6orf203 homolog	0,74	0,94	0,87	1,31	1,21		0,015	0,85	1,26	1,49
P62717	60S ribosomal protein L18a	0,67	0,75	0,45	2,37		2,08	0,017	0,62	2,23	3,57
Q9D024	Coiled-coil domain-containing protein 47		1,48	1,25	3,92	3,16	2,87	0,017	1,36	3,32	2,43
Q7TQF7	Amphiphysin	1,32	1,23	1,25	1,10	1,16	1,09	0,017	1,27	1,12	0,88
Q9WV55	Vesicle-associated membrane protein-associated protein A	0,40	0,76	0,45	1,23	1,05	0,97	0,019	0,54	1,09	2,02
P23242	Gap junction alpha-1 protein	2,01	2,05	1,49	1,25	0,76	0,85	0,020	1,85	0,96	0,52
Q8CGF1	Rho GTPase-activating protein 29	0,62	0,82	0,74		1,11	1,09	0,020	0,73	1,10	1,51
P62075	Mito import inner membrane translocase subunit Tim13	2,44	2,60	1,89	0,77	1,56	1,14	0,021	2,31	1,16	0,50
Q3UTQ8	Cyclin-dependent kinase-like 5	1,03	0,99	0,93	0,85	0,73	0,69	0,021	0,98	0,76	0,77
O88544	COP9 signalosome complex subunit 4	1,17	1,25	1,15	1,05	0,90	0,98	0,021	1,19	0,98	0,82
Q61753	D-3-phosphoglycerate dehydrogenase	0,83	0,72	0,96	1,31	1,16	1,08	0,022	0,84	1,19	1,42
Q9DBL7	Bifunctional coenzyme A synthase	0,74	0,91	0,81	1,15	1,16	0,98	0,023	0,82	1,10	1,34
Q9JJC6	RILP-like protein 1	1,21	1,17	1,14	1,27	1,26	1,29	0,023	1,17	1,27	1,09
Q31125	Zinc transporter SLC39A7		0,39	0,33	0,68		0,71	0,023	0,36	0,69	1,92
Q9JLZ3	Methylglutaconyl-CoA hydratase, mitochondrial	0,99	1,15	1,31	0,71	0,68	0,60	0,023	1,15	0,66	0,57
Q8R1B4	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit C	0,76	1,01	0,72	1,49	1,14	1,33	0,024	0,83	1,32	1,58
Q7TPB0	Lipid phosphate phosphatase-related protein type 3	1,21	1,12		0,56	0,65	0,87	0,024	1,17	0,69	0,59
Q9QUI0	Transforming protein RhoA	1,59	1,69	1,90	1,44	1,12	1,17	0,024	1,73	1,24	0,72
Q8CFI0	E3 ubiquitin-protein ligase NEDD4-like	0,73	0,90	0,82	1,10	1,31	1,07	0,024	0,82	1,16	1,42
P97493	Thioredoxin, mitochondrial	2,21	2,91	3,40	0,83	0,74	0,68	0,025	2,84	0,75	0,26
Q91W39	Nuclear receptor coactivator 5	0,42	0,41	0,82	1,29	1,18		0,026	0,55	1,24	2,24
P18572	Basigin	1,15	1,11	1,15	0,98	0,95	1,05	0,026	1,14	0,99	0,87
P39688	Tyrosine-protein kinase Fyn	1,07	1,32	1,23	2,23	1,70	1,87	0,027	1,20	1,93	1,61
Q9D0M1	Phosphoribosyl pyrophosphate synthase-associated protein 1	0,33	0,50	0,61	0,78	0,92	0,80	0,029	0,48	0,83	1,75
Q9QUJ7	Long-chain-fatty-acid--CoA ligase 4	0,65	0,60		0,85		0,81	0,029	0,62	0,83	1,33
Q9R1K9	Centrin-2	30,50	16,24	25,35	1,33	3,74	1,10	0,030	24,03	2,05	0,09
Q6A068	Cell division cycle 5-like protein	1,30	1,16	1,19	1,40	1,45	1,41	0,030	1,22	1,42	1,17
Q9WUM5	Succinyl-CoA ligase [ADP/GDP-forming] subunit alpha, mito	1,03	1,03	1,01	0,96	0,90	0,90	0,031	1,03	0,92	0,90
Q3UMR5	Calcium uniporter protein, mitochondrial		1,04	0,99	0,86	0,80	0,68	0,031	1,01	0,78	0,77
Q3V3V9	Leucine-rich repeat-containing protein 16C	1,32	1,14	1,18	1,66	1,90	1,52	0,032	1,21	1,69	1,39
Q5DQR4	Syntaxin-binding protein 5-like	1,35	1,54	1,46	1,22	0,98	0,88	0,032	1,45	1,02	0,71
Q6QWF9	Calcium/calmodulin-dependent protein kinase II inhibitor 1	0,53	0,50	0,95	16,25		18,13	0,032	0,66	17,19	26,10
Q8VBW6	NEDD8-activating enzyme E1 regulatory subunit	1,14	0,98	0,97	0,82	0,74	0,79	0,033	1,03	0,78	0,76
Q3TDD9	Protein phosphatase 1 regulatory subunit 21	0,83	0,97	1,09	1,20	1,38	1,26	0,033	0,96	1,28	1,33
Q8BZ98	Dynamin-3	1,20	1,16	1,14	1,07	1,01	1,09	0,034	1,17	1,06	0,91
P54823	Probable ATP-dependent RNA helicase DDX6	0,97	1,01	1,18	0,77		0,72	0,034	1,05	0,75	0,71
Q60864	Stress-induced-phosphoprotein 1	1,01	1,08	1,12	0,90	0,91	0,98	0,034	1,07	0,93	0,88
Q9CYR6	Phosphoacetylglucosamine mutase	0,22	0,59	0,57	0,90	1,02		0,035	0,46	0,96	2,10
Q80X85	28S ribosomal protein S7, mitochondrial	1,55	0,89	1,20	1,92	2,63	3,04	0,036	1,21	2,53	2,09
Q99LB7	Sarcosine dehydrogenase, mitochondrial	0,90	0,94		1,08	1,13	1,01	0,036	0,92	1,07	1,17
Q9D0E3	LysM and putative peptidoglycan-binding domain-containing prot 1	1,07	0,62	1,49		2,05	2,25	0,036	1,06	2,15	2,04
P41105	60S ribosomal protein L28	0,97	1,18	0,92	0,63	0,61		0,037	1,02	0,62	0,61
Q8CAQ8	Mitochondrial inner membrane protein	1,01	1,01	0,99	1,04	1,05	1,02	0,037	1,00	1,04	1,03
P56812	Programmed cell death protein 5	0,56	0,69	0,82	0,32	0,36	0,32	0,038	0,69	0,33	0,48
Q8CGK3	Lon protease homolog, mitochondrial	1,11	1,12	1,15	0,97	0,83	0,97	0,039	1,13	0,92	0,82
B1AY13	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 24	1,11	1,09		1,01		0,98	0,040	1,10	0,99	0,90
Q80X50	Ubiquitin-associated protein 2-like	0,85	0,80	0,68	0,94	1,00	1,00	0,040	0,77	0,98	1,27
B2RQC6	CAD protein	0,86	1,11	1,06		1,33	1,37	0,041	1,01	1,35	1,33
Q9CPU0	Lactoylglutathione lyase	2,00	1,87	1,60	1,45	0,80	0,95	0,041	1,82	1,07	0,59
Q3UHB8	Coiled-coil domain-containing protein 177	1,19	1,06	0,78	1,38	1,73	2,02	0,042	1,01	1,71	1,70

Q62446	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase FKBP3		0,86	0,87		0,74	0,71	0,042	0,86	0,72	0,84
Q8BY87	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 47	1,22		1,20		1,15	1,12	0,042	1,21	1,13	0,94
Q8C522	Endonuclease domain-containing 1 protein	0,94	1,09	1,08	0,88	0,86	0,80	0,042	1,04	0,85	0,82
Q7TPV4	Myb-binding protein 1A	0,54	0,46	0,91	1,27	1,12		0,043	0,63	1,20	1,88
Q9D854	Oligoribonuclease, mitochondrial	0,82	0,81	1,03	1,22	1,13	1,11	0,043	0,89	1,15	1,30
Q9DB34	Charged multivesicular body protein 2a	0,63	0,68	0,56	0,74	0,78	0,76	0,043	0,62	0,76	1,22
Q7TMF3	NADH DH [ubiquinone] 1 alpha subcomplex subunit 12	1,03	1,02	1,01	1,00	0,98	0,97	0,044	1,02	0,99	0,97
Q9QYB5	Gamma-adducin	1,49	1,43	1,61	1,11	1,37	1,12	0,044	1,51	1,20	0,79
Q9R0Q7	Prostaglandin E synthase 3	2,31	2,19	2,25	2,15	2,09	2,10	0,046	2,25	2,11	0,94
P50580	Proliferation-associated protein 2G4	0,96	0,93	0,86	1,06	1,04	1,05	0,047	0,92	1,05	1,14
Q64337	Sequestosome-1	1,76		1,75		0,33	0,53	0,047	1,76	0,43	0,24
O70325	Phospholipid hydroperoxide glutathione peroxidase, mito	0,81	0,84		0,73	0,73	0,63	0,048	0,83	0,69	0,84
Q91W92	Cdc42 effector protein 1	4,13	3,68	2,27	0,93		1,52	0,048	3,36	1,23	0,37
Q920R0	Alsin	0,93	1,12	0,90	1,16	1,22	1,33	0,048	0,98	1,24	1,26
P63024	Vesicle-associated membrane protein 3		1,03	1,12	0,94	0,73	0,80	0,049	1,08	0,82	0,77
P58871	182 kDa tankyrase-1-binding protein	1,02	0,98	0,95	0,94	0,88	0,87	0,051	0,98	0,90	0,91
Q9D2R6	Cytochrome c oxidase assembly protein 3 homolog, mito	0,97	0,94	0,99	0,93	0,92	0,89	0,054	0,96	0,91	0,95
P55144	Tyrosine-protein kinase receptor TYRO3	0,82	0,88		0,63	0,76	0,57	0,054	0,85	0,65	0,77
Q9Z0Y7	Insulin receptor substrate 4	0,48	0,74	0,72	0,90	0,98		0,055	0,65	0,94	1,46
O08579	Emerin	1,41	2,15	2,21	1,16	0,73	1,23	0,055	1,93	1,04	0,54
O54991	Contactin-associated protein 1	0,91	0,86	0,70	0,96	1,16	1,06	0,056	0,83	1,06	1,28
Q08460	Calcium-activated potassium channel subunit alpha-1	0,67		0,75	0,94	0,97	0,82	0,056	0,71	0,91	1,27
Q8BVA5	UPF0554 protein C2orf43 homolog	1,18	0,82	0,99	1,41	1,34		0,057	1,00	1,37	1,37
Q6P9R2	Serine/threonine-protein kinase OSR1	0,57	0,93	0,85	1,09	1,24	1,64	0,059	0,78	1,32	1,69
Q9JIX8	Apoptotic chromatin condensation inducer in the nucleus	1,22	1,03	1,49	0,72	0,77		0,059	1,25	0,75	0,60
Q9JHU4	Cytoplasmic dynein 1 heavy chain 1	1,18	1,06	1,16	1,04	0,98	1,01	0,059	1,13	1,01	0,89
Q8BUY5	Translocase of inner mito membrane domain-containing protein 1	1,47	1,23	1,25	1,14	1,04	1,01	0,060	1,32	1,07	0,81
Q9CQC9	GTP-binding protein SAR1b	1,67	1,97	2,53	1,31	1,07		0,060	2,06	1,19	0,58
P43276	Histone H1.5	1,54	1,55	2,07	0,81	0,96	1,42	0,060	1,72	1,06	0,62
P27612	Phospholipase A-2-activating protein	0,78	0,73	1,02	1,25	1,22	1,00	0,060	0,84	1,16	1,37
P15508	Spectrin beta chain, erythrocytic	1,57	1,31	1,21	0,80	1,08	1,09	0,061	1,36	0,99	0,73
P80315	T-complex protein 1 subunit delta	1,04	0,94	0,96	0,85	0,89	0,91	0,061	0,98	0,88	0,90
Q8R311	Cutaneous T-cell lymphoma-associated antigen 5 homolog	1,66	1,48	1,74	1,29	0,87	1,31	0,061	1,63	1,16	0,71
Q9QWY8	Arf-GAP with SH3 domain, ANK repeat and PH domain-cont prot 1	1,72	1,74	1,72	0,77	0,76	1,36	0,062	1,73	0,96	0,56
Q8JZQ9	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit B	1,11	1,17	1,09	0,78	0,88	1,02	0,063	1,12	0,89	0,80
Q9Z1X4	Interleukin enhancer-binding factor 3	0,80	0,62	1,04	0,24	0,27	0,63	0,063	0,82	0,38	0,46
Q8BTX9	Inactive hydroxysteroid dehydrogenase-like protein 1	0,92	0,96	0,96	1,05	1,16	1,04	0,063	0,95	1,08	1,15
A2AR50	Ras-specific guanine nucleotide-releasing factor RalGSP1	0,98	0,98	0,85	1,10		1,09	0,063	0,93	1,09	1,17
O08532	Voltage-dependent calcium channel subunit alpha-2/delta-1	0,87	0,93	0,87	1,02	1,04	0,93	0,063	0,89	1,00	1,12
O35643	AP-1 complex subunit beta-1	1,39	1,17	1,45	1,18	1,02	0,88	0,063	1,34	1,03	0,77
P60761	Neurogranin	2,57	2,79	2,49	2,97	2,95	2,95	0,064	2,61	2,96	1,13
Q6ZWW3	60S ribosomal protein L10	0,92	1,06	0,90	0,77	0,76	0,85	0,064	0,96	0,79	0,83
P47791	Glutathione reductase, mitochondrial	2,29	1,82	2,75	2,76	3,30	3,73	0,065	2,29	3,26	1,43
Q64331	Unconventional myosin-VI	1,28	0,95	1,35	0,79	0,89	0,71	0,067	1,20	0,80	0,67
P32848	Parvalbumin alpha	1,67	2,42	1,61	3,94	3,05	2,55	0,067	1,90	3,18	1,67
A2A935	PR domain zinc finger protein 16	1,57	1,64	1,65	1,70	1,70	1,71	0,068	1,62	1,70	1,05
Q80YV4	Pantothenate kinase 4	1,58	1,23	1,57	1,14		1,03	0,068	1,46	1,09	0,75
Q3UPL0	Protein transport protein Sec31A	0,62	0,91	0,82	1,19	1,18	0,91	0,068	0,78	1,09	1,40
Q8BJZ4	28S ribosomal protein S35, mitochondrial		2,60	2,36	0,71	0,57	1,90	0,069	2,48	1,06	0,43
Q3U0M1	Trafficking protein particle complex subunit 9	0,53	0,72	0,73	0,96	0,86	1,25	0,069	0,66	1,02	1,55
Q9EQ80	NIF3-like protein 1	1,16	1,24		0,55	0,74		0,070	1,20	0,64	0,54
P17751	Triosephosphate isomerase	0,91	0,65	0,89	0,50	0,61	0,53	0,070	0,82	0,55	0,67
Q8K1M6	Dynamin-1-like protein	1,20	1,37	1,33	1,19	1,12	1,12	0,070	1,30	1,15	0,88
Q8K0S0	Phytanoyl-CoA hydroxylase-interacting protein	1,01	1,31	1,21	0,86	1,03	0,76	0,070	1,18	0,89	0,75
Q9QUM9	Proteasome subunit alpha type-6	0,93	0,84	0,53	1,05	1,40	1,06	0,071	0,77	1,17	1,53
O35143	ATPase inhibitor, mitochondrial	2,47	2,24	2,22	2,70	2,59	2,45	0,072	2,31	2,58	1,12
Q8CFI7	DNA-directed RNA polymerase II subunit RPB2	0,63		0,64	2,51	2,13		0,072	0,63	2,32	3,66
Q99L43	Phosphatidate cytidyltransferase 2	1,06	1,06	1,04	0,95	0,90	0,79	0,072	1,05	0,88	0,84
P14824	Annexin A6	1,15	0,98	1,00	0,85	0,96	0,76	0,073	1,04	0,86	0,82
O08919	Numb-like protein	0,99	0,62	1,18	1,31	1,49	1,52	0,073	0,93	1,44	1,55
Q8C5L3	CCR4-NOT transcription complex subunit 2	0,67		0,49	1,17		0,96	0,073	0,58	1,06	1,83
P23492	Purine nucleoside phosphorylase	0,75	0,62		1,20	0,97	0,86	0,073	0,68	1,01	1,48
Q8CJG0	Protein argonaute-2	1,11	1,16	1,16	1,08	1,10	1,11	0,074	1,14	1,10	0,96
Q91V76	Ester hydrolase C11orf54 homolog	0,51	0,72	1,31	2,32	1,33	1,65	0,074	0,85	1,76	2,09
Q60692	Proteasome subunit beta type-6	0,68	1,09	0,94	1,59	1,13	1,82	0,074	0,90	1,51	1,68
P63242	Eukaryotic translation initiation factor 5A-1	0,36	0,36	0,67	0,82	0,81		0,074	0,47	0,82	1,76
P28663	Beta-soluble NSF attachment protein	0,64	0,65	0,59	0,66	0,77	0,76	0,075	0,63	0,73	1,17
Q8QZS1	3-hydroxyisobutyryl-CoA hydrolase, mitochondrial	0,84	0,67	0,82	1,04	1,13	0,86	0,075	0,78	1,01	1,31
O88448	Kinesin light chain 2	0,76	0,77	0,76	1,13	0,88	1,09	0,075	0,77	1,03	1,35
O55126	Protein NipSnap homolog 2	0,55	0,74	0,73	0,88	0,94	0,77	0,075	0,67	0,86	1,28
Q61481	Ca/calmodulin-dep 3',5'-cyclic nucleotide phosphodiesterase 1A	0,68	0,81	0,64	0,88	0,96	1,22	0,075	0,71	1,02	1,44
Q99J95	Cyclin-dependent kinase 9		1,56	1,73		1,01	0,69	0,076	1,64	0,85	0,52
Q9WTT4	V-type proton ATPase subunit G 2	0,90	1,06	0,91	0,57	0,82	0,79	0,076	0,96	0,73	0,76
Q62433	Protein NDRG1	1,07	1,40	1,06	1,58	1,60	1,35	0,077	1,18	1,51	1,28
P10852	4F2 cell-surface antigen heavy chain	1,60	1,25	1,93	1,02	0,87	1,02	0,077	1,59	0,97	0,61
Q8BJY1	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 5	1,41	1,51		1,26	1,20		0,078	1,46	1,23	0,85
P50114	Protein S100-B	0,87	0,91	1,02	1,18	1,01	1,07	0,079	0,93	1,09	1,16
Q9QXB9	Developmentally-regulated GTP-binding protein 2	0,83	0,87	0,92	1,27	0,97	1,21	0,079	0,87	1,15	1,32
Q4ACU6	SH3 and multiple ankyrin repeat domains protein 3	0,99	0,92	1,01	1,01	1,09	1,12	0,079	0,98	1,07	1,10
Q9Z1Z2	Serine-threonine kinase receptor-associated protein	1,21	1,17	0,96	0,87	0,99	0,78	0,079	1,11	0,88	0,79
Q9RON0	Galactokinase	1,00	0,91	0,83	1,12	1,00	1,07	0,079	0,91	1,06	1,16
P23116	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit A	1,02	1,61	1,13	2,13	1,49	2,00	0,079	1,25	1,87	1,50
Q9R111	Guanine deaminase	0,79	0,61	0,95	0,98	1,17	1,07	0,079	0,78	1,07	1,37
P84096	Rho-related GTP-binding protein RhoG	0,92	1,04	1,14	1,49	1,26	1,18	0,080	1,03	1,31	1,27

Q61696	Heat shock 70 kDa protein 1A	1,05	1,11	1,53	0,70	0,75	0,85	0,080	1,23	0,76	0,62
F6W8I0	YjeF N-terminal domain-containing protein 3	0,49	1,06	0,78		1,33	1,32	0,080	0,78	1,33	1,71
Q9CZ16	Transmembrane protein 178A	0,87	0,83	0,53	1,11	1,05		0,080	0,74	1,08	1,45
Q9Z0G0	PDZ domain-containing protein GIPC1	1,03	0,76	0,94	1,05	1,40	1,19	0,080	0,91	1,21	1,33
Q7TMM9	Tubulin beta-2A chain	1,03	1,02	1,02	1,00	1,01	1,02	0,081	1,02	1,01	0,98
Q9D0B6	Protein PBDC1	8,90	6,31		0,78	0,82	5,37	0,081	7,61	2,32	0,31
Q9Z127	Large neutral amino acids transporter small subunit 1	0,68	0,60	0,69	0,55	0,50	0,61	0,081	0,66	0,55	0,84
P17710	Hexokinase-1	0,92	0,99	0,96	1,05	1,04	0,99	0,082	0,96	1,02	1,07
P31750	RAC-alpha serine/threonine-protein kinase	0,69		0,60	1,08		1,30	0,082	0,64	1,19	1,85
Q3V1L4	Cytosolic purine 5'-nucleotidase	0,75		0,87		1,20	1,23	0,082	0,81	1,22	1,50
Q9DAK9	14 kDa phosphohistidine phosphatase	0,98	1,08		1,60	1,40		0,083	1,03	1,50	1,46
Q8R0Y6	Cytosolic 10-formyltetrahydrofolate dehydrogenase	1,04	1,16	1,25	1,44	1,24	1,33	0,083	1,15	1,34	1,16
Q9EQ20	Methylmalonate-semialdehyde DH [acylating], mitochondrial	1,13	0,92	0,90	1,22	1,24	1,11	0,084	0,98	1,19	1,21
Q3UJU9	Regulator of microtubule dynamics protein 3	0,88	0,90	0,89	0,80	0,79	0,87	0,084	0,89	0,82	0,92
P62821	Ras-related protein Rab-1A	1,47	0,97	1,34	0,77	0,82	0,75	0,084	1,26	0,78	0,62
P13595	Neural cell adhesion molecule 1	1,14	1,00	1,12	0,92	1,00	0,95	0,085	1,08	0,96	0,88
Q9Z212	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase FKBP1B	0,59	0,75	0,73	0,82	0,78	0,90	0,086	0,69	0,83	1,20
Q9CXW3	Calcyclin-binding protein	1,11	1,15	1,27	0,99	1,02	0,72	0,087	1,17	0,91	0,77
Q8CIE6	Coatomer subunit alpha	0,76	0,95	1,10	1,76	1,39	1,15	0,087	0,94	1,43	1,53
P14733	Lamin-B1	1,18	1,10	1,07	1,05	1,00	1,04	0,087	1,12	1,03	0,92
O88737	Protein bassoon	0,96	1,08	0,92	1,13	1,10	1,15	0,087	0,99	1,13	1,14
Q8BJH1	Zinc finger C2HC domain-containing protein 1A	0,81	0,78	0,81	0,84	0,93	0,86	0,087	0,80	0,88	1,10
P54285	Voltage-dependent L-type calcium channel subunit beta-3	0,55	0,56	0,60	0,89	0,66	0,92	0,087	0,57	0,82	1,45
Q505F5	Leucine-rich repeat-containing protein 47	0,60	0,81	0,78	0,54	0,61	0,35	0,088	0,73	0,50	0,68
Q91VT4	Carbonyl reductase family member 4	1,12	0,48	0,92	0,23		0,27	0,088	0,84	0,25	0,30
P51830	Adenylate cyclase type 9	1,03	1,07	0,96	0,85	0,79	0,97	0,088	1,02	0,87	0,85
P32037	Solute carrier family 2, facilitated glucose transporter member 3	0,94	0,97	0,84	0,73	0,85	0,62	0,089	0,92	0,73	0,80
Q8BTM8	Filamin-A	1,14	1,10	1,51	1,06	0,64	0,86	0,089	1,25	0,85	0,68
P40237	CD82 antigen	1,82	2,07	1,90	1,56	1,75	1,79	0,091	1,93	1,70	0,88
P26041	Moesin	1,50	1,35	1,42	1,01	1,33	0,97	0,091	1,42	1,10	0,77
P52483	Ubiquitin-conjugating enzyme E2 E3	5,52	5,88	6,12	4,56	4,98	5,57	0,092	5,84	5,04	0,86
Q8BZA9	Fructose-2,6-bisphosphatase TIGAR	1,00	1,00	0,90	1,29	1,20	1,04	0,093	0,97	1,18	1,21
Q9Z1J3	Cysteine desulfurase, mitochondrial	0,83	0,59	0,60	0,76	0,97	1,04	0,093	0,67	0,92	1,38
Q8VHI6	Wiskott-Aldrich syndrome protein family member 3	1,00	1,04	0,98	0,96	0,95	0,97	0,093	1,01	0,96	0,95
P84099	60S ribosomal protein L19	0,79	0,76	0,84	0,92	0,84	1,00	0,093	0,80	0,92	1,15
Q5SSL4	Active breakpoint cluster region-related protein	1,55	1,40	1,66	1,37	1,27	1,35	0,094	1,53	1,33	0,87
P16125	L-lactate dehydrogenase B chain	0,36	0,29	0,37	0,72	0,44	0,57	0,094	0,34	0,58	1,69
P49442	Inositol polyphosphate 1-phosphatase	0,90	0,96	0,81	0,82	0,73	0,75	0,094	0,89	0,77	0,86
Q91YP2	Neurolysin, mitochondrial	1,06		1,19	1,70	1,46	1,27	0,094	1,12	1,48	1,31
Q61990	Poly(rC)-binding protein 2	2,83	2,59	1,73	1,49	1,50	1,27	0,094	2,38	1,42	0,60
Q6ZQ38	Cullin-associated NEDD8-dissociated protein 1	1,04	1,00	1,08	1,11	1,09	1,21	0,095	1,04	1,14	1,09
P09055	Integrin beta-1	0,52	0,67		0,83		0,97	0,095	0,60	0,90	1,51
Q9ET30	Transmembrane 9 superfamily member 3	1,43	1,60	2,57	0,74	0,89	0,85	0,097	1,87	0,83	0,44
Q80VP1	Epsin-1	1,06	1,29	1,31	1,02	0,96	1,01	0,097	1,22	1,00	0,82
P34884	Macrophage migration inhibitory factor	1,10	1,06		0,66	0,93	0,90	0,097	1,08	0,83	0,77
Q01065	Ca/calmodulin-dep 3',5'-cyclic nucleotide phosphodiesterase 1B	0,82	0,98	0,85	1,22	1,01	1,01	0,097	0,89	1,08	1,22
Q9DBL1	Short/branched chain specific acyl-CoA DH, mitochondrial	0,73	0,94	0,54	1,10	1,13	0,91	0,098	0,74	1,05	1,42
Q8VBZ3	Cleft lip and palate transmembrane protein 1 homolog	0,88	0,75	0,42	1,08	1,13	0,94	0,098	0,68	1,05	1,54
O35678	Monoglyceride lipase	0,56	0,48	0,63	0,85	1,73	1,29	0,098	0,56	1,29	2,32
Q3TY60	Protein FAM131B	1,59	2,06	1,67	1,32	1,55	1,28	0,098	1,77	1,38	0,78
P21278	Guanine nucleotide-binding protein subunit alpha-11	0,92	0,71	0,95	1,08	0,98	1,29	0,099	0,86	1,12	1,29
Q9WV18	Gamma-aminobutyric acid type B receptor subunit 1	1,08	1,10	0,91	1,17	1,26	1,15	0,099	1,03	1,19	1,15
Q9DB20	ATP synthase subunit O, mitochondrial	0,91	0,74	0,61	0,56	0,48	0,50	0,099	0,75	0,51	0,68
Q9D1E6	Tubulin-folding cofactor B		1,00	1,18	0,89	0,62	0,83	0,099	1,09	0,78	0,71
Q8C5L6	Inositol polyphosphate 5-phosphatase K	1,00	0,95		1,14		1,07	0,099	0,97	1,10	1,14
Q6PGB6	N-alpha-acetyltransferase 50	1,17	1,07	1,29	1,50	1,24	1,47	0,099	1,18	1,40	1,19

**Supplementary Table 5.** Protein quantification in hippocampus at nine months of age.

Protein hits and signal ratio compared to standard (STD) for each individual mouse used for IPA analysis.

ID	Protein	STD/	STD/	STD/	STD/	STD/	P	Average	Average	NLF/WT	
		NLF1	NLF2	NLF3	WT1	WT2		WT3	STD/NLF	STD/NLF	Ratio
Q69ZS6	Synaptic vesicle glycoprotein 2C	1,56	1,55	1,59		1,09	1,06	0,001	1,57	1,07	0,68
D3Z7P3	Glutaminase kidney isoform, mitochondrial	1,03	1,04	1,07	1,16	1,18	1,18	0,001	1,05	1,17	1,12
Q9QZH6	Evolutionarily conserved signaling IM in Toll pathway, mito	0,80	0,84		1,28	1,24	1,17	0,002	0,82	1,23	1,50
P70205	Pituitary adenylate cyclase-activating polypeptide type I receptor	0,96	0,94	0,84	0,34		0,40	0,002	0,91	0,37	0,40
Q61749	Translation initiation factor eIF-2B subunit delta	0,65	0,75	0,73	1,09	1,05		0,002	0,71	1,07	1,51
P62827	GTP-binding nuclear protein Ran	0,86	0,88	0,90	1,02	1,03	1,08	0,003	0,88	1,04	1,19
Q9WUA2	Phenylalanine--tRNA ligase beta subunit	0,87	0,88	0,88	0,91	0,92	0,91	0,003	0,87	0,92	1,05
Q99JX7	Nuclear RNA export factor 1	0,45	0,42	0,40	0,64	0,67	0,73	0,004	0,42	0,68	1,60
Q9JI46	Diphosphoinositol polyphosphate phosphohydrolase 1	1,55	1,51	1,71	1,04	1,21	1,14	0,004	1,59	1,13	0,71
Q8K1M6	Dynamin-1-like protein	1,07	1,04	1,05	1,11	1,14	1,13	0,005	1,06	1,13	1,07
P02088	Hemoglobin subunit beta-1	13,06	12,19	9,34	2,11	0,61	1,97	0,006	11,53	1,56	0,14
Q80X80	C2 domain-containing protein 2-like	1,13	1,03	1,01	0,71	0,76	0,58	0,006	1,06	0,68	0,64
Q9CZU6	Citrate synthase, mitochondrial	1,24	1,21	1,25	1,11	1,08	1,03	0,007	1,23	1,08	0,87
Q3UHJ0	AP2-associated protein kinase 1	1,12	1,12	1,22	1,34	1,40	1,37	0,007	1,15	1,37	1,19
Q921C1	Gap junction gamma-3 protein	2,99	2,51	3,12	0,88	0,94	0,86	0,008	2,88	0,89	0,31
O88737	Protein bassoon	1,08	1,16	1,11	1,24	1,33	1,30	0,009	1,12	1,29	1,15
P68510	14-3-3 protein eta	0,91	0,99	0,97	1,11	1,16	1,07	0,012	0,96	1,11	1,17
Q6ZQ18	Protein EFR3 homolog B	0,82	0,86	0,87	0,72	0,75	0,78	0,013	0,85	0,75	0,88
Q920P5	Adenylate kinase isoenzyme 5	0,95	0,93	0,95	1,23	1,15	1,13	0,013	0,94	1,17	1,24
Q8BVE3	V-type proton ATPase subunit H	1,00	1,02	0,97	0,91	0,92	0,93	0,013	1,00	0,92	0,92
Q3UH60	Disco-interacting protein 2 homolog B	1,10	0,77	0,97	1,67	1,39	1,44	0,013	0,95	1,50	1,59
P97333	Neuropilin-1	1,04	0,89	0,83	0,63	0,37	0,52	0,014	0,92	0,51	0,55
Q9ES56	Trafficking protein particle complex subunit 4	0,45	0,52		1,04	0,99	1,05	0,014	0,48	1,03	2,12
P12960	Contactin-1	1,06	1,02	1,05	1,12	1,11	1,13	0,015	1,04	1,12	1,07
Q9DC51	Guanine nucleotide-binding protein G(k) subunit alpha	0,79	0,85	0,90	0,98	1,00	1,05	0,015	0,84	1,01	1,20
Q8CDG3	Deubiquitinating protein VCIP135	1,08	1,03	1,12	0,94	0,96	0,91	0,015	1,08	0,94	0,87
Q9DCH4	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit F	0,76	0,89	0,84	1,11	1,10	1,10	0,017	0,83	1,10	1,33
Q7TSC1	Protein PRRC2A	0,98		1,08	1,53	1,31	1,45	0,017	1,03	1,43	1,38
Q5XJV6	Serine/threonine-protein kinase LMTK3		0,75	0,56	1,67	1,43	1,21	0,018	0,65	1,44	2,20
Q921Q7	Ras and Rab interactor 1	0,48	0,54	0,49	0,61	0,62	0,56	0,019	0,50	0,60	1,19
Q3U7R1	Extended synaptotagmin-1	0,43	0,47		0,67	0,58	0,60	0,020	0,45	0,62	1,37
P18572	Basigin	1,04	1,10	1,06	0,97	0,94	1,00	0,020	1,07	0,97	0,91
O70493	Sorting nexin-12	0,70	0,78	0,64	0,91	0,90	1,06	0,020	0,71	0,96	1,35
Q9Z0L0	Trophoblast glycoprotein	1,55	2,64	2,30		4,38	4,33	0,021	2,16	4,35	2,01
Q91WS0	CDGSH iron-sulfur domain-containing protein 1	1,11	1,14	1,23	0,94	0,99	1,02	0,021	1,16	0,98	0,85
Q68FL4	Putative adenosylhomocysteinase 3	1,12	0,97	1,24	1,61	1,57	1,58	0,023	1,11	1,59	1,43
Q9DCD0	6-phosphogluconate dehydrogenase, decarboxylating	1,21	1,16	1,22	1,31	1,34	1,26	0,023	1,19	1,30	1,09
Q99K85	Phosphoserine aminotransferase	0,81	0,79	0,76	0,73	0,69	0,73	0,023	0,79	0,72	0,91
P48722	Heat shock 70 kDa protein 4L	1,34	1,35	1,13	0,85	0,81	0,83	0,023	1,27	0,83	0,65
P16388	Potassium voltage-gated channel subfamily A member 1	1,06	1,15	1,56		0,34	0,41	0,024	1,26	0,38	0,30
P27612	Phospholipase A-2-activating protein	0,99	0,99	1,17	0,73	0,74	0,84	0,024	1,05	0,77	0,73
Q8BG67	Protein EFR3 homolog A	1,10	1,19	1,05		0,88	0,92	0,025	1,11	0,90	0,81
Q8BQP9	Regulator of G-protein signaling 7-binding protein	1,10	1,15	1,24	0,98	1,02	0,88	0,026	1,16	0,96	0,82
P10126	Elongation factor 1-alpha 1	1,62	1,73	1,70	1,20	1,07	1,39	0,027	1,68	1,22	0,72
Q8R326	Paraspeckle component 1	1,10	0,87	0,95	1,17	1,42	1,36	0,027	0,97	1,32	1,36
P45376	Aldose reductase	0,99	1,02	1,06	0,91	0,94	0,94	0,027	1,02	0,93	0,91
Q8VI75	Importin-4	0,96	0,93	0,76	0,46	0,69	0,57	0,027	0,88	0,57	0,65
P26041	Moesin	0,85	0,79	0,88	1,25	1,28	1,05	0,028	0,84	1,19	1,42
P08228	Superoxide dismutase [Cu-Zn]	3,02	2,87	3,23	2,26	2,19	2,68	0,028	3,04	2,38	0,78
P30275	Creatine kinase U-type, mitochondrial	1,44	1,35	1,29	2,01	2,06	2,53	0,031	1,36	2,20	1,62
Q8BH95	Enoyl-CoA hydratase, mitochondrial	0,53	0,54	0,57	0,60	0,61	0,62	0,031	0,55	0,61	1,11
P43406	Integrin alpha-V	0,84	0,83	0,58	1,20	0,97	1,23	0,032	0,75	1,13	1,51
Q8BGH2	Sorting and assembly machinery component 50 homolog	0,66	0,70	0,67	0,81	0,86	0,95	0,032	0,68	0,87	1,29
P12970	60S ribosomal protein L7a	1,26	1,34	1,16	1,08	0,98	1,07	0,033	1,25	1,04	0,83
O70305	Ataxin-2	1,34	1,32	1,19	1,04	1,06	1,13	0,034	1,28	1,08	0,84
Q810B7	SLIT and NTRK-like protein 5	0,97	0,80	0,83		0,61	0,66	0,034	0,87	0,64	0,74
Q9D2V7	Coronin-7	0,92	0,95	0,90	1,46	1,69	1,31	0,034	0,92	1,49	1,61
Q8R307	Vacuolar protein sorting-associated protein 18 homolog	1,14	1,35	1,13	0,94	0,87	0,85	0,035	1,21	0,89	0,73
Q8BVG4	Dipeptidyl peptidase 9	0,64		0,73	1,15		1,18	0,035	0,68	1,16	1,70
P27546	Microtubule-associated protein 4	1,10	1,12	1,07	1,18	1,15	1,14	0,035	1,10	1,16	1,05
O88342	WD repeat-containing protein 1	1,08	1,11	0,98	1,15	1,29	1,27	0,036	1,06	1,24	1,17
Q8R570	Synaptosomal-associated protein 47	1,07	1,11	1,17	1,22	1,38	1,39	0,036	1,11	1,33	1,19
Q9CRA7	ATP synthase subunit s, mitochondrial	0,99	0,87	0,76	1,21	1,08	1,14	0,037	0,87	1,14	1,31
Q9WV18	Gamma-aminobutyric acid type B receptor subunit 1	1,10	1,14	1,21	2,11	2,07	1,60	0,037	1,15	1,93	1,68
Q8CGK3	Lon protease homolog, mitochondrial	1,08	1,18	1,13	1,01	0,99	0,99	0,038	1,13	0,99	0,88
P15116	Cadherin-2	1,04	1,03	1,02	1,09	1,11	1,06	0,038	1,03	1,09	1,06
O54901	OX-2 membrane glycoprotein	1,00	0,93	0,93	0,86	0,83	0,87	0,038	0,95	0,85	0,90
Q8R2R9	AP-3 complex subunit mu-2	0,95		0,86	1,46	1,23	1,67	0,038	0,90	1,45	1,61
P07310	Creatine kinase M-type		5,19	4,18	1,45	0,49	1,13	0,038	4,68	1,02	0,22
Q8CAA7	Glucose 1,6-bisphosphate synthase	0,86	0,94	0,80	1,08	1,02	0,97	0,038	0,87	1,03	1,19
Q61553	Fascin	1,03	0,94	0,94	0,90	0,83	0,81	0,039	0,97	0,85	0,88
Q8K1Z0	Ubiquinone biosynthesis protein COQ9, mitochondrial	0,91	0,99	0,99	1,17	1,04	1,12	0,039	0,96	1,11	1,15
Q8BH44	Coronin-2B	0,94	0,91	0,94	0,89	0,85	0,83	0,040	0,93	0,86	0,92
Q8BRV5	Uncharacterized protein KIAA1671	1,26	1,35		0,82		0,94	0,040	1,30	0,88	0,68
Q9D1L9	Ragulator complex protein LAMTOR5	0,92	0,85	1,01	1,04	1,14	1,10	0,042	0,93	1,09	1,18
Q80WQ2	Protein VAC14 homolog	1,23	1,23	1,34	0,84	0,48	0,88	0,042	1,26	0,73	0,58
P56399	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 5	1,17	1,19	1,16	1,10	1,09	1,14	0,042	1,17	1,11	0,95
Q8R311	Cutaneous T-cell lymphoma-associated antigen 5 homolog	0,90	0,90	0,61	0,47	0,34		0,043	0,80	0,40	0,50
P55066	Neurocan core protein	0,93	0,89	0,89	0,98	1,10	1,04	0,043	0,90	1,04	1,15

Q9Z2Y3	Homer protein homolog 1	0,81	0,88	0,83	0,94	0,98	0,89	0,043	0,84	0,94	1,12
Q8CHG7	Rap guanine nucleotide exchange factor 2	0,98	1,15	1,12	1,33	1,29	1,22	0,044	1,08	1,28	1,18
Q3UHD6	Sorting nexin-27	0,83	0,72	0,53	1,16	1,13	0,87	0,044	0,69	1,05	1,52
Q9CZ04	COP9 signalosome complex subunit 7a	0,60	0,63	0,57	0,96	0,80	1,08	0,045	0,60	0,95	1,57
Q9CWJ9	Bifunctional purine biosynthesis protein PURH	1,07	1,13	1,08	1,00	1,06	0,99	0,046	1,09	1,02	0,93
P00405	Cytochrome c oxidase subunit 2	1,01	1,00	0,89	1,09	1,34	1,26	0,047	0,97	1,23	1,27
Q9CPY7	Cytosol aminopeptidase	1,26	1,15	1,17	1,02	1,09	1,11	0,047	1,19	1,07	0,90
Q9JIS5	Synaptic vesicle glycoprotein 2A	0,90	0,93	0,89	0,97	1,00	0,94	0,048	0,91	0,97	1,07
Q6PGE7	Sodium-dependent proline transporter	1,16	0,89	0,97	3,43	1,98	2,91	0,049	1,01	2,77	2,75
P21279	Guanine nucleotide-binding protein G(q) subunit alpha	1,25	1,27	1,25	1,30	1,36	1,38	0,049	1,25	1,35	1,07
Q8BHZ0	Protein FAM49A	0,82	1,07	0,89	1,25	1,11	1,22	0,049	0,92	1,19	1,29
Q9JMH6	Thioredoxin reductase 1, cytoplasmic	3,56	2,48	4,16	1,95	1,28	1,49	0,050	3,40	1,57	0,46
Q62108	Disks large homolog 4	0,96	0,99	0,95	1,09	1,04	1,01	0,050	0,96	1,05	1,09
P61226	Ras-related protein Rap-2b	0,77	0,81	0,74	0,85	0,82	0,89	0,050	0,77	0,85	1,10
Q6PHQ8	N-alpha-acetyltransferase 35, NatC auxiliary subunit	0,88	0,82	0,80	0,75	0,73		0,050	0,83	0,74	0,89
Q8R0A7	Uncharacterized protein KIAA0513	1,00	1,01	1,14	0,86	0,87	0,87	0,051	1,05	0,87	0,82
Q8R2U4	N-terminal Xaa-Pro-Lys N-methyltransferase 1		0,54	0,57	0,41	0,46	0,50	0,051	0,56	0,46	0,82
P70232	Neural cell adhesion molecule L1-like protein	1,58	1,57	1,32	1,21	1,09	1,26	0,051	1,49	1,19	0,80
Q9D0J8	Parathyrosin	0,37	0,49	0,58	1,18	0,73	0,92	0,051	0,48	0,94	1,95
Q80U19	Disheveled-associated activator of morphogenesis 2	1,31	1,05	1,33	0,75	0,91	1,03	0,052	1,23	0,89	0,73
O70433	Four and a half LIM domains protein 2	0,87	0,94		1,19	1,20	1,15	0,053	0,90	1,18	1,31
Q62421	Endophilin-A3	0,86	0,94	0,89	1,17	1,26	1,02	0,054	0,90	1,15	1,28
Q8BXR1	Probable cationic amino acid transporter	1,07	0,85	0,82	1,26	1,23	1,25	0,054	0,91	1,24	1,36
Q5U3K5	Rab-like protein 6	1,02	1,30	0,88	0,81	0,50	0,59	0,054	1,07	0,63	0,60
Q810B6	Ankyrin repeat and FYVE domain-containing protein 1	0,85	0,97	1,11	0,74	0,64	0,72	0,054	0,98	0,70	0,72
P97352	Protein S100-A13	0,65	0,64	0,55	0,77	0,68	0,74	0,055	0,61	0,73	1,18
O88322	Nidogen-2	0,77	0,70	0,96	0,64	0,50	0,33	0,055	0,81	0,49	0,60
F6SEU4	Ras GTPase-activating protein SynGAP	0,98	0,89	0,92	1,02	1,03	0,99	0,056	0,93	1,01	1,09
A2A5R2	Brefeldin A-inhibited guanine nucleotide-exchange protein 2	1,10		1,01	0,64		0,77	0,056	1,06	0,71	0,67
Q8C8T8	Pre-rRNA-processing protein TSR2 homolog		0,52	0,40		0,74	0,84	0,056	0,46	0,79	1,71
Q9WV54	Acid ceramidase	1,17	1,03	1,01	1,28	1,29	1,16	0,056	1,07	1,25	1,16
Q9CWM4	Prefoldin subunit 1		0,86	0,84	1,92	1,73		0,057	0,85	1,82	2,14
P28650	Adenylosuccinate synthetase isozyme 1	1,50	1,23	1,37	1,04	1,10	1,07	0,057	1,36	1,07	0,78
Q63739	Protein tyrosine phosphatase type IVA 1	1,02	1,38	1,16	0,70	0,85	0,95	0,057	1,19	0,83	0,70
Q3TPE9	Ankyrin repeat and MYND domain-containing protein 2	0,73	1,10	1,22	1,62	1,59		0,057	1,02	1,61	1,58
Q8R0S2	IQ motif and SEC7 domain-containing protein 1	0,79	0,90	0,79	0,98	0,95	0,95	0,058	0,83	0,96	1,16
Q8BWY3	Eukaryotic peptide chain release factor subunit 1	1,45	1,40	1,27	1,21	1,25	1,08	0,058	1,37	1,18	0,86
P56480	ATP synthase subunit beta, mitochondrial	0,97	0,99	1,01	1,05	1,01	1,03	0,058	0,99	1,03	1,04
Q99PJ0	Neurotrimin	1,03	1,02	1,01	0,87	0,97	0,89	0,058	1,02	0,91	0,89
O88444	Adenylate cyclase type 1	1,09	1,38	1,30	0,90	0,99	0,94	0,058	1,26	0,94	0,75
Q3UMR5	Calcium uniporter protein, mitochondrial	0,91	0,87	0,95	0,97	1,01	0,99	0,059	0,91	0,99	1,09
Q9ESZ8	General transcription factor II-I		0,90	1,00	1,36	1,23	1,09	0,060	0,95	1,23	1,29
Q99KC8	von Willebrand factor A domain-containing protein 5A	0,78	0,89	0,77	0,96	0,92		0,060	0,81	0,94	1,15
P28652	Ca/calmodulin-dependent protein kinase type II subunit beta	0,98	0,81	0,79	1,17	1,77	1,44	0,061	0,86	1,46	1,70
Q8BH04	Phosphoenolpyruvate carboxykinase [GTP], mitochondrial	0,80	0,95	0,91	0,96	1,10	1,10	0,061	0,89	1,05	1,19
Q02053	Ubiquitin-like modifier-activating enzyme 1	1,23	1,14	1,18	1,11	1,06	1,11	0,061	1,18	1,09	0,93
Q62443	Neuronal pentraxin-1	1,04	1,20	1,22	1,25	1,39	1,40	0,062	1,15	1,35	1,17
Q8BHC1	Ras-related protein Rab-39B	0,86		0,72	1,00	1,14	1,18	0,063	0,79	1,11	1,40
A2RT62	F-box/LRR-repeat protein 16	0,94	0,99	0,88	0,82	0,81	0,82	0,064	0,94	0,82	0,87
P08553	Neurofilament medium polypeptide	1,08	1,15	1,19	1,04	1,02	1,03	0,064	1,14	1,03	0,90
P49446	Receptor-type tyrosine-protein phosphatase epsilon	0,99	0,87	0,94	1,35	1,19	1,07	0,064	0,94	1,20	1,28
Q9D967	Magnesium-dependent phosphatase 1		0,89	0,91	0,98	1,08	0,98	0,065	0,90	1,01	1,13
P05784	Keratin, type I cytoskeletal 18	0,81	0,80		1,10	0,92	1,15	0,065	0,80	1,06	1,32
Q9CS84	Neurexin-1	1,10	1,14	1,18	1,03	1,09	0,97	0,065	1,14	1,03	0,91
Q3TCJ1	BRISC complex subunit Abro1	0,54	0,49	0,65	0,87	0,65	0,77	0,065	0,56	0,76	1,37
Q8VE88	Protein FAM114A2	0,96	0,96	0,87	1,20		1,10	0,065	0,93	1,15	1,24
P30416	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase FKBP4	1,31	1,45	1,11	0,93	0,91	0,95	0,066	1,29	0,93	0,72
Q92111	Serotransferrin	2,44	2,98	1,93	1,20	0,99	1,97	0,066	2,45	1,39	0,57
Q8VHC3	Selenoprotein M	0,89	0,84	0,74	0,52	0,63		0,067	0,82	0,58	0,70
P48453	Serine/threonine-protein phosphatase 2B catalytic subunit beta isoform	1,00	0,91	1,00	1,06	1,09	1,04	0,067	0,97	1,06	1,09
Q9CQZ1	Heat shock factor-binding protein 1	5,48	6,38	4,07	2,78	2,94	3,61	0,068	5,31	3,11	0,59
Q6PDI5	Proteasome-associated protein ECM29 homolog	0,82	0,89	0,89	1,03	0,92	1,06	0,068	0,87	1,00	1,16
P32037	Solute carrier family 2, facilitated glucose transporter member 3	0,92	1,04	0,83	0,69	0,71	0,82	0,069	0,93	0,74	0,80
Q8K1N4	Spermatogenesis-associated serine-rich protein 2	1,01	1,14	1,08	1,20		1,27	0,070	1,08	1,23	1,14
Q9D273	Cob(II)yrinic acid a,c-diamide adenosyltransferase, mitochondrial	0,93	1,03	0,93	1,33	1,06	1,30	0,070	0,96	1,23	1,28
Q8K010	5-oxoprolinase	0,51	0,46	0,89	1,12		1,07	0,070	0,62	1,09	1,76
P62301	40S ribosomal protein S13	0,94	0,91	0,95	0,99	0,96	0,96	0,071	0,93	0,97	1,04
A2AJI0	MAP7 domain-containing protein 1	0,99	1,33	1,40	0,74	1,01	0,79	0,071	1,24	0,85	0,68
Q9DBE0	Cysteine sulfinic acid decarboxylase	1,02	0,88	0,86		0,72	0,79	0,071	0,92	0,75	0,82
Q61937	Nucleophosmin	1,00	1,07	0,97	0,96	0,90	0,84	0,072	1,02	0,90	0,89
Q9CY64	Biliverdin reductase A	0,93	0,95	0,74	1,12	1,10	1,07	0,072	0,88	1,10	1,25
P62830	60S ribosomal protein L23	0,86	0,61	0,67	1,13	1,04	0,83	0,072	0,71	1,00	1,40
P29595	NEDD8	1,27	0,92	1,55	0,60		0,61	0,073	1,25	0,61	0,49
O35855	Branched-chain-amino-acid aminotransferase, mitochondrial	0,58	0,53		0,94	0,90	0,66	0,073	0,56	0,83	1,49
Q9Z268	RasGAP-activating-like protein 1	0,89	0,84	0,91	1,11	0,95	1,02	0,074	0,88	1,03	1,17
Q91VM5	RNA binding motif protein, X-linked-like-1	0,47	0,46	0,54	0,63		0,57	0,074	0,49	0,60	1,22
Q6PB44	Tyrosine-protein phosphatase non-receptor type 23	0,98	1,11	1,12	1,21	1,25	1,16	0,075	1,07	1,21	1,13
Q8BJI1	Sodium-dependent neutral amino acid transporter SLC6A17	0,93	1,03	0,95	0,87	0,85	0,92	0,075	0,97	0,88	0,91
Q60899	ELAV-like protein 2	0,94	0,99	1,02	1,22	1,33	1,08	0,075	0,98	1,21	1,23
Q9JIX8	Apoptotic chromatin condensation inducer in the nucleus	0,95	0,92	1,04	1,28	1,13	1,07	0,076	0,97	1,16	1,20
Q9CQX8	28S ribosomal protein S36, mitochondrial	1,16	1,00	1,07	0,86	0,78	1,00	0,076	1,07	0,88	0,82
P21126	Ubiquitin-like protein 4A	1,35	1,54	1,41	1,81	1,73	1,53	0,076	1,44	1,69	1,18
P40630	Transcription factor A, mitochondrial	0,74	0,69	0,48	0,36	0,47	0,37	0,076	0,64	0,40	0,63
Q61316	Heat shock 70 kDa protein 4	1,19	1,23	1,19	1,27	1,24	1,24	0,077	1,20	1,25	1,04

Q9DB27	Malignant T-cell-amplified sequence 1	1,22	1,02	0,89	0,67	0,82	0,79	0,077	1,04	0,76	0,73
Q62283	Tetraspanin-7	0,42	0,34	0,24		0,66	0,53	0,078	0,33	0,59	1,78
Q01097	Glutamate receptor ionotropic, NMDA 2B	0,97	0,87	0,91	1,16	1,00	1,03	0,078	0,92	1,06	1,16
Q99KI0	Aconitate hydratase, mitochondrial	1,03	1,06	1,03	0,99	1,00	1,03	0,079	1,04	1,01	0,97
Q60854	Serpin B6	0,65	0,50	0,57	0,77	0,80	1,10	0,080	0,57	0,89	1,55
Q8C522	Endonuclease domain-containing 1 protein	1,04	0,93	1,06	0,85	0,94	0,87	0,080	1,01	0,89	0,88
P47941	Crk-like protein	0,99	0,91	1,05	1,13	1,11	1,08	0,081	0,98	1,11	1,13
Q64487	Receptor-type tyrosine-protein phosphatase delta	1,08	0,95	0,90	0,53	0,79	0,82	0,081	0,98	0,71	0,73
Q9WV92	Band 4.1-like protein 3	1,11	1,11	1,09	1,00	1,08	0,99	0,081	1,10	1,02	0,93
O70133	ATP-dependent RNA helicase A	0,84	0,86	0,90	0,99	0,91	0,92	0,082	0,87	0,94	1,09
Q9JKF1	Ras GTPase-activating-like protein IQGAP1	0,83	0,99	1,05	0,73	0,57		0,082	0,96	0,65	0,68
P61264	Syntaxin-1B	1,03	1,17	0,92	0,80	0,87	0,80	0,083	1,04	0,82	0,79
Q61166	Microtubule-associated protein RP/EB family member 1	1,03	0,92	0,80	0,78	0,68	0,73	0,083	0,92	0,73	0,79
Q99KK2	N-acylneuraminase cytidyltransferase	1,09	1,08	1,08	0,99	0,79	0,73	0,083	1,08	0,84	0,77
Q8BVG8	N-acetyltransferase 14	1,40	1,32	1,86	1,10	0,83	1,19	0,084	1,52	1,04	0,68
Q8K212	Phosphofurin acidic cluster sorting protein 1	1,12	0,89	1,15	1,38	1,28	1,23	0,084	1,05	1,30	1,23
Q9CQC7	NADH dehydrogenase [ubiquinone] 1 beta subcomplex subunit 4	1,82	1,99	1,67	1,30	1,71	1,28	0,084	1,83	1,43	0,78
O35682	Myeloid-associated differentiation marker	0,83	1,00	0,67	1,48	1,01	1,19	0,085	0,83	1,23	1,48
Q6PB66	Leucine-rich PPR motif-containing protein, mitochondrial	0,88	0,92	0,84	0,91	1,02	0,98	0,087	0,88	0,97	1,11
Q8BHH2	Ras-related protein Rab-9B	0,91	0,83	0,67	1,41	0,96	1,49	0,087	0,81	1,29	1,59
Q8K3H0	DCC-interacting protein 13-alpha	0,65	0,59	0,63	0,96	0,89	0,71	0,087	0,62	0,85	1,37
P63094	Guanine nucleotide-binding prot G(s) subunit alpha isoforms short	2,80	2,29	1,02	0,97	0,25	0,35	0,087	2,04	0,52	0,26
O35449	Proline-rich transmembrane protein 1	1,05	1,10		0,66	0,42	0,89	0,088	1,07	0,66	0,61
Q9JHI5	Isovaleryl-CoA dehydrogenase, mitochondrial	0,80	1,16	0,98	0,48	0,43	0,86	0,088	0,98	0,59	0,60
P50153	Guanine nucleotide-binding prot G(I)/G(S)/G(O) subunit gamma-4		1,36	1,47	1,31	1,04	1,18	0,088	1,41	1,18	0,83
Q8BW96	Calcium/calmodulin-dependent protein kinase type 1D	1,00	1,02	1,04	1,17	1,06	1,19	0,089	1,02	1,14	1,12
Q6A0D4	Raftlin		1,00	0,87		1,31	1,17	0,089	0,94	1,24	1,33
Q8VD33	Small glutamine-rich tetratricopeptide repeat-containing prot beta	0,65	0,64	0,56	0,86	0,98		0,089	0,62	0,92	1,49
Q80TI0	GRAM domain-containing protein 1B	0,63	0,63		0,89	0,97		0,090	0,63	0,93	1,48
Q9QZ23	NFU1 iron-sulfur cluster scaffold homolog, mitochondrial	0,92	0,93	1,08	1,43	2,10	1,41	0,091	0,98	1,65	1,69
Q9JKN6	RNA-binding protein Nova-1	0,97	1,02	1,01	0,78	0,92	0,68	0,092	1,00	0,80	0,79
Q9ESN9	C-Jun-amino-terminal kinase-interacting protein 3	1,32	1,59	1,29	1,08	1,01	1,28	0,092	1,40	1,12	0,80
Q3TY60	Protein FAM131B	1,15	1,24	1,25	0,94	0,94	1,16	0,093	1,21	1,01	0,83
Q9D6F9	Tubulin beta-4A chain	1,34	1,29	1,32	1,21	0,96	1,12	0,094	1,31	1,10	0,83
Q9R0Q9	Mannose-P-dolichol utilization defect 1 protein	4,38	3,73	4,79	3,09	3,67	3,61	0,094	4,30	3,45	0,80
B1AZP2	Disks large-associated protein 4	0,82	0,91	0,85	0,97	0,90	1,05	0,094	0,86	0,98	1,14
P40142	Transketolase	0,97	0,87	0,94	0,89	0,83	0,84	0,095	0,93	0,85	0,92
Q9JK42	[Pyruvate dehydrogenase [lipoamide]] kinase isozyme 2, mito	1,06	1,06	0,96	1,07	1,24	1,20	0,095	1,03	1,17	1,14
Q924M7	Mannose-6-phosphate isomerase	0,79	0,82	0,83	0,89	0,93	1,07	0,095	0,81	0,96	1,19
Q6GQS1	Calcium-binding mitochondrial carrier protein SCaMC-3	0,87	0,54	0,63	1,01	0,80	1,04	0,095	0,68	0,95	1,41
Q3UNZ8	Quinone oxidoreductase-like protein 2	0,76	0,75		0,28	0,10		0,097	0,76	0,19	0,25
P47934	Carnitine O-acetyltransferase	0,78	1,07	1,26	0,67	0,57	0,70	0,097	1,04	0,65	0,62
Q3V3R1	Monofunctional C1-tetrahydrofolate synthase, mitochondrial	0,86	0,79	0,97	1,13	1,00	0,97	0,097	0,87	1,03	1,18
Q9QZD8	Mitochondrial dicarboxylate carrier	1,21	1,07	0,88	0,84		0,70	0,097	1,05	0,77	0,73
Q5HZI9	Solute carrier family 25 member 51	0,88	0,97	0,93	0,86	0,76	0,63	0,097	0,93	0,75	0,81
Q920I9	WD repeat-containing protein 7	0,92	0,98	0,94	0,96	1,03	1,04	0,098	0,95	1,01	1,07
Q9WV55	Vesicle-associated membrane protein-associated protein A	0,57	0,85	0,54	1,22	1,00	0,79	0,098	0,66	1,00	1,53



**Supplementary Table 6.** Protein quantification in cortex at nine months of age.

Protein hits and signal ratio compared to standard (STD) for each individual mouse used for IPA analysis.		STD/ NLF1	STD/ NLF2	STD/ NLF3	STD/ WT1	STD/ WT2	STD/ WT3	P	Average STD/NLF	Average STD/WT	Ratio NLF/WT
Q9JK81	UPF0160 protein MYG1, mitochondrial	0,81	0,79		1,00	1,00	0,98	0,001	0,80	0,99	1,25
Q61490	CD166 antigen	1,21	1,14	1,20	0,96	0,92	0,97	0,002	1,18	0,95	0,80
Q8C6G8	WD repeat-containing protein 26	1,01	1,25	0,63	3,26	3,61		0,003	0,97	3,44	3,56
Q8C0M9	Isoaspartyl peptidase/L-asparaginase	2,67	1,31	3,70	8,51	8,93	9,75	0,004	2,56	9,06	3,54
P47738	Aldehyde dehydrogenase, mitochondrial	0,96	0,97	0,96	1,03	1,02	1,01	0,004	0,96	1,02	1,06
O35900	U6 snRNA-associated Sm-like protein LSM2	0,36	0,46	0,23	1,28	1,41	1,03	0,005	0,35	1,24	3,54
B0F2B4	Neurologin 4-like	1,12	1,28	1,01	0,69	0,44	0,51	0,005	1,14	0,55	0,48
Q9CWG8	NADH DH [ubiquinone] complex I, assembly factor 7	0,93	0,97			1,40	1,46	0,006	0,95	1,43	1,51
O88544	COP9 signalosome complex subunit 4	1,17	1,07	1,19	0,94	0,85	0,87	0,007	1,14	0,89	0,78
Q9Z2W9	Glutamate receptor 3	1,02	0,99	0,97	0,89	0,88	0,87	0,008	0,99	0,88	0,89
Q80WM4	Hyaluronan and proteoglycan link protein 4	1,05	1,11	1,08	0,94	0,99	0,96	0,008	1,08	0,97	0,89
Q8K2Q0	COMM domain-containing protein 9		0,91	0,77	1,86	2,00		0,008	0,84	1,93	2,30
Q9QYJ0	Dnal homolog subfamily A member 2		1,35	1,47	0,91	0,61	0,65	0,008	1,41	0,72	0,51
P05480	Neuronal proto-oncogene tyrosine-protein kinase Src	0,90	1,02	0,91	1,30	1,16	1,32	0,008	0,94	1,26	1,33
Q3UHL1	CaM kinase-like vesicle-associated protein	1,07	0,94	1,07	1,51	1,30	1,43	0,009	1,03	1,41	1,37
Q8BNN1	Spermatogenesis-associated protein 2-like protein	1,24	1,20	1,12	1,54	1,55		0,009	1,18	1,54	1,30
O35969	Guanidinoacetate N-methyltransferase	0,42	0,43	0,64	0,95	1,04	0,92	0,009	0,50	0,97	1,96
Q5SXY1	Cytospin-B	0,92	1,04	0,97	0,71	0,77	0,75	0,011	0,98	0,74	0,76
Q99LB6	Methionine adenosyltransferase 2 subunit beta	1,22	1,17	1,17	1,04	0,95	0,92	0,014	1,18	0,97	0,82
Q8BMF4	Dihydrolipoyllys-res acetylTF comp of pyruvate DH complex, mito	0,98	0,99	1,01	1,04	1,04	1,08	0,015	0,99	1,05	1,06
P47746	Cannabinoid receptor 1	0,78	0,72	0,72	0,87	0,89	0,82	0,015	0,74	0,86	1,16
Q8VD33	Small glutamine-rich tetratricopeptide repeat-containing prot beta	1,38	1,35		0,98	1,09	0,90	0,015	1,36	0,99	0,73
Q8R071	Inositol-trisphosphate 3-kinase A	1,17	1,02	1,08	0,78	0,79	0,81	0,017	1,09	0,80	0,73
Q8K0T4	Katanin p60 ATPase-containing subunit A-like 1	0,69	0,97	0,92	1,51	1,19	1,40	0,017	0,86	1,37	1,59
Q62167	ATP-dependent RNA helicase DDX3X		1,04	1,01	0,56	0,76	0,63	0,017	1,03	0,65	0,64
Q03517	Secretogranin-2	0,92	0,85	0,88	1,05	1,18	1,19	0,018	0,88	1,14	1,29
Q9D898	Actin-related protein 2/3 complex subunit 5-like protein	1,17	1,11	1,07	0,95	0,92		0,018	1,12	0,94	0,84
Q9D7N9	Adipocyte plasma membrane-associated protein	1,02	0,97	0,76	1,37	1,38	1,26	0,018	0,92	1,34	1,46
Q9D273	Cob(I)yrinic acid a,c-diamide adenosyltransferase, mitochondrial	0,76	1,05	0,83	1,26	1,24	1,49	0,019	0,88	1,33	1,51
P21107	Tropomyosin alpha-3 chain	0,97	1,19	1,02	0,60	0,81	0,73	0,019	1,06	0,71	0,67
A2AG50	MAP7 domain-containing protein 2	1,18	1,18	1,30	1,00	1,02	0,96	0,019	1,22	1,00	0,82
Q9CXI0	2-methoxy-6-polyprenyl-1,4-benzoquinol methylase, mito	1,90	2,17		0,72	0,87	1,06	0,019	2,03	0,88	0,43
Q62178	Semaphorin-4A	0,95	0,85	0,88	1,15	1,09	1,01	0,020	0,89	1,09	1,22
P10711	Transcription elongation factor A protein 1	1,11	1,43	1,27	0,82	0,81	0,70	0,020	1,27	0,78	0,61
P61222	ATP-binding cassette sub-family E member 1		1,21	1,19	0,94	0,74	0,84	0,023	1,20	0,84	0,70
P15209	BDNF/NT-3 growth factors receptor	1,66	0,94	1,34	3,43	4,83	5,49	0,023	1,31	4,58	3,49
Q80YN3	Breast carcinoma-amplified sequence 1 homolog	0,70	0,79	0,70	0,96	0,93	0,84	0,023	0,73	0,91	1,24
Q9CQ69	Cytochrome b-c1 complex subunit 8	0,49	0,56	0,52	0,73	0,67	0,62	0,024	0,53	0,67	1,27
Q9R0N8	Synaptotagmin-6	0,97	0,78	0,89	0,65	0,69	0,56	0,024	0,88	0,63	0,72
P63082	V-type proton ATPase 16 kDa proteolipid subunit	0,63	0,67	0,87	1,57	1,19	1,73	0,025	0,72	1,50	2,07
Q9ERI6	Retinol dehydrogenase 14	0,94	1,07	0,74	0,59	0,36	0,17	0,026	0,92	0,37	0,41
Q99K70	Ras-related GTP-binding protein C	0,83	0,79	0,82	0,85	0,89	0,86	0,027	0,81	0,87	1,07
Q9QXS6	Drebrin	1,24	1,17	1,14	1,10	0,99	1,00	0,028	1,18	1,03	0,87
P50171	Estradiol 17-beta-dehydrogenase 8	1,23	1,28	1,30	1,01	1,05	1,15	0,029	1,27	1,07	0,84
O88485	Cytoplasmic dynein 1 intermediate chain 1	1,55	1,64	1,59	0,98	1,29	1,00	0,029	1,59	1,09	0,68
Q8BYL4	Tyrosine--tRNA ligase, mitochondrial	0,80		0,82	0,73	0,71		0,034	0,81	0,72	0,89
P54869	Hydroxymethylglutaryl-CoA synthase, mitochondrial		0,87	0,99	1,43	1,31		0,035	0,93	1,37	1,47
Q64669	NAD(P)H dehydrogenase [quinone] 1	1,51	1,13	1,62	0,65	0,64		0,036	1,42	0,65	0,45
Q62421	Endophilin-A3	1,16	0,98	1,19	0,72	0,88	0,89	0,036	1,11	0,83	0,75
Q9WV34	MAGUK p55 subfamily member 2	1,11	1,12	1,12	1,06	0,99	1,03	0,037	1,12	1,03	0,92
Q8CIN4	Serine/threonine-protein kinase PAK 2		1,25	1,40	0,83	1,05	0,88	0,037	1,33	0,92	0,69
P70122	Ribosome maturation protein SBDS	1,39	1,52	1,36	0,86	1,15	1,13	0,037	1,42	1,05	0,74
Q02257	Junction plakoglobin	0,59		0,47	1,19	0,86	1,35	0,038	0,53	1,13	2,15
P70296	Phosphatidylethanolamine-binding protein 1	0,92	0,91	1,00	0,88	0,81	0,77	0,038	0,95	0,82	0,87
P70399	Tumor suppressor p53-binding protein 1	0,73	1,10	1,00	1,38	1,46		0,038	0,94	1,42	1,50
Q62048	Astrocytic phosphoprotein PEA-15	0,99	0,93	1,01	1,09	1,07	1,09	0,039	0,98	1,08	1,11
Q8CC21	Tetratricopeptide repeat protein 19, mitochondrial	1,18	1,30	1,00	1,79	2,03		0,039	1,16	1,91	1,64
P61211	ADP-ribosylation factor-like protein 1	0,65	0,77	0,72	1,04	0,83	0,95	0,041	0,71	0,94	1,32
O54781	SRSF protein kinase 2	0,99	0,86	0,83	0,61	0,50	0,75	0,041	0,90	0,62	0,69
Q8BX10	Serine/threonine-protein phosphatase PGAM5, mitochondrial	0,79	0,85	1,05	1,12	1,34	1,16	0,041	0,89	1,21	1,35
Q9CQN7	39S ribosomal protein L41, mitochondrial		1,75	1,64	1,34		1,21	0,041	1,70	1,28	0,75
Q9WV92	Band 4.1-like protein 3	1,06	1,05	1,04	1,01	0,97	1,01	0,042	1,05	0,99	0,95
Q924M7	Mannose-6-phosphate isomerase	0,68	0,69	0,91	0,98	1,34	1,16	0,042	0,76	1,16	1,52
Q63850	Nuclear pore glycoprotein p62	2,12	1,72		0,50	0,80		0,043	1,92	0,65	0,34
Q9QZ88	Vacuolar protein sorting-associated protein 29	0,96	1,06	1,03	1,17	1,09	1,11	0,043	1,01	1,13	1,11
Q9DBB8	Trans-1,2-dihydrobenzene-1,2-diol dehydrogenase	0,96		1,00		1,46	1,57	0,043	0,98	1,51	1,54
Q8K411	Presequence protease, mitochondrial	1,00	1,09	1,19	0,86	0,87	0,82	0,044	1,09	0,85	0,78
Q64288	Olfactory marker protein	0,92	0,93	0,89	0,68	0,82	0,71	0,045	0,91	0,73	0,81
Q8BGD9	Eukaryotic translation initiation factor 4B	0,71	0,77	0,48	0,86	1,22	1,21	0,046	0,65	1,10	1,68
Q9WTX5	S-phase kinase-associated protein 1	1,04	1,38	1,42	1,64	1,92	1,63	0,046	1,28	1,73	1,35
Q8CDN6	Thioredoxin-like protein 1	0,69	0,73	0,55	1,12	1,15	1,63	0,047	0,65	1,30	1,99
Q99LC3	NADH DH [ubiquinone] 1 alpha subcomplex subunit 10, mito	0,85	0,97	0,86	0,99	1,04	1,07	0,047	0,89	1,03	1,16
P45376	Aldose reductase	1,08	0,99	1,05	0,94	0,89	0,79	0,047	1,04	0,88	0,84
Q9D4C9	Clavesin-1	0,83	1,18	1,24	2,06	1,48	1,60	0,050	1,08	1,72	1,59
A2BDX3	Adenylyltransferase and sulfurtransferase MOCS3	0,82	0,90		0,63	0,66	0,41	0,050	0,86	0,56	0,66
Q9Z1P6	NADH dehydrogenase [ubiquinone] 1 alpha subcomplex subunit 7	0,98	0,91	0,81	1,02	1,06	1,18	0,051	0,90	1,09	1,20
Q8C854	Myelin expression factor 2	0,66	0,61	0,84	1,11	1,03	1,49	0,051	0,71	1,21	1,71
Q8BKCS	Importin-5	1,09	1,25	1,07	1,90	1,98	1,44	0,051	1,14	1,77	1,56
P70362	Ubiquitin fusion degradation protein 1 homolog	1,59	1,41	0,99	0,96	0,58	0,59	0,053	1,33	0,71	0,53

Q9Z110	Delta-1-pyrroline-5-carboxylate synthase	1,20	1,03	1,11	0,90	0,91	0,91	0,054	1,11	0,91	0,82
P29595	NEDD8	1,41	1,83	2,20	0,48	1,34	0,91	0,055	1,81	0,91	0,50
Q8CC88	von Willebrand factor A domain-containing protein 8	1,06	0,70	0,94	1,32	1,16	1,32	0,055	0,90	1,27	1,41
Q64010	Adapter molecule crk	1,21	1,12	1,11	1,01	1,06	1,06	0,055	1,15	1,05	0,91
P50580	Proliferation-associated protein 2G4	0,99	0,94	1,01	0,85	0,88	0,73	0,055	0,98	0,82	0,83
P70280	Vesicle-associated membrane protein 7	1,16	1,13	1,01	1,30	1,20	1,26	0,056	1,10	1,25	1,14
Q8R1Q8	Cytoplasmic dynein 1 light intermediate chain 1	1,04	1,02	1,11	0,82	0,98	0,90	0,056	1,06	0,90	0,85
Q924D0	Reticulon-4-interacting protein 1, mitochondrial	0,56	0,80	0,60	0,88	1,20	1,40	0,058	0,65	1,16	1,78
Q8CHG7	Rap guanine nucleotide exchange factor 2	0,93	0,92	1,05	1,08	1,30	1,15	0,058	0,97	1,18	1,22
Q60829	Protein phosphatase 1 regulatory subunit 1B	0,91	0,97	1,01	1,06	1,04	1,14	0,059	0,96	1,08	1,12
Q91YE6	Importin-9	1,17	1,15	1,17	1,29	1,21	1,29	0,059	1,16	1,26	1,08
A2AGT5	Cytoskeleton-associated protein 5	0,82	0,87	0,85	0,98	0,96	1,11	0,059	0,84	1,02	1,20
P97370	Sodium/potassium-transporting ATPase subunit beta-3	1,51	1,48	2,12	1,23	0,86	0,95	0,060	1,70	1,01	0,60
P17809	Solute carrier family 2, facilitated glucose transporter member 1	0,58	0,73	0,74	0,45	0,53	0,56	0,060	0,69	0,52	0,75
Q8VE19	WD repeat-containing protein mio		0,85	0,96	0,54	0,57	0,78	0,061	0,91	0,63	0,70
P63141	Potassium voltage-gated channel subfamily A member 2	0,85	0,92		0,71	0,35	0,41	0,061	0,89	0,49	0,56
Q9DC69	NADH DH [ubiquinone] 1 alpha subcomplex subunit 9, mito	0,84	0,82	0,92	0,74	0,61	0,77	0,062	0,86	0,70	0,82
Q8K1Z0	Ubiquinone biosynthesis protein COQ9, mitochondrial	1,32	1,11	1,08	0,95	0,87	0,88	0,062	1,17	0,90	0,77
Q9Z1Q9	Valine--tRNA ligase	1,61	1,23	1,43	1,09	1,07	0,96	0,062	1,42	1,04	0,73
Q9DCT1	1,5-anhydro-D-fructose reductase	0,86	0,93	0,96	1,03	1,01		0,062	0,91	1,02	1,12
Q99PU8	Putative ATP-dependent RNA helicase DHX30	1,56	1,41		1,14		0,97	0,063	1,49	1,05	0,71
Q3U0M1	Trafficking protein particle complex subunit 9	0,99	0,97	1,05	1,06	1,10	1,16	0,063	1,01	1,11	1,10
P62812	Gamma-aminobutyric acid receptor subunit alpha-1	0,62	0,50	0,93	0,95	1,19	1,17	0,064	0,68	1,10	1,61
Q6P4S6	Serine/threonine-protein kinase SIK3	1,33	1,49	1,37	1,25	0,96	1,16	0,064	1,40	1,12	0,80
O55026	Ectonucleoside triphosphate diphosphohydrolase 2	1,08	1,13	1,09	0,99	1,07	0,98	0,064	1,10	1,01	0,92
P61294	Ras-related protein Rab-6B	0,52	0,46	0,69	1,11	1,15	0,72	0,065	0,56	0,99	1,79
Q8K2F8	ATP-binding cassette sub-family F member 3	1,09	1,11		1,01	1,01		0,065	1,10	1,01	0,91
Q8CIG8	Protein arginine N-methyltransferase 5	0,76	0,96	1,01	1,56	1,33		0,065	0,91	1,44	1,58
P23927	Alpha-crystallin B chain	0,96	1,05	1,04	0,95	0,95	0,88	0,065	1,02	0,93	0,91
Q9DBR1	5'-3' exoribonuclease 2	0,78	0,67	0,68	0,80	0,89	0,80	0,065	0,71	0,83	1,17
Q8BTG3	T-complex protein 11-like protein 1	2,51	1,01	0,98	3,17	4,19		0,067	1,50	3,68	2,45
Q3TLH4	Protein PRRC2C	1,23	1,29	1,45	0,90	1,19	1,05	0,067	1,32	1,05	0,79
Q8VDP6	CDP-diacylglycerol--inositol 3-phosphatidyltransferase	7,39	8,53	7,49	4,37	5,57	6,80	0,067	7,81	5,58	0,72
O70250	Phosphoglycerate mutase 2		0,82	0,75	1,03	0,99	1,02	0,067	0,78	1,01	1,29
Q9WUL7	ADP-ribosylation factor-like protein 3		0,96	0,95	0,88	0,93	0,91	0,068	0,96	0,91	0,95
P14211	Calreticulin	0,78	0,97	0,87	0,96	1,15	1,13	0,068	0,88	1,08	1,23
Q3UGS4	Protein FAM195B	1,01	1,08	0,98	0,83	0,93	0,95	0,068	1,03	0,90	0,88
O35345	Importin subunit alpha-7	1,32	4,07		8,38	10,37		0,069	2,70	9,37	3,48
P97492	Regulator of G-protein signaling 14	1,03	0,72	0,36	1,87	1,10	1,36	0,069	0,70	1,44	2,05
O35129	Prohibitin-2	0,99	0,94	0,89	1,08	1,09	1,28	0,070	0,94	1,15	1,22
O70591	Prefoldin subunit 2	0,80	0,88	0,87	0,95	0,97	0,89	0,071	0,85	0,94	1,10
P47757	F-actin-capping protein subunit beta	0,92	0,86	0,93	1,12	0,96	1,06	0,071	0,91	1,05	1,16
Q8BK08	Transmembrane protein 11, mitochondrial	1,20	1,21	1,16	1,13	1,13	1,15	0,071	1,19	1,13	0,95
P61329	Fibroblast growth factor 12	1,67	1,99	1,43	2,68		2,30	0,071	1,70	2,49	1,46
Q02357	Ankyrin-1	0,86	1,03	0,87	1,00	1,17	1,22	0,072	0,92	1,13	1,23
Q6NVF0	Inositol polyphosphate 5-phosphatase OCRL-1	0,95	0,60	0,65	1,14	0,91	1,16	0,073	0,73	1,07	1,46
Q9D020	Cytosolic 5'-nucleotidase 3A	0,59	0,70		0,94	0,86		0,073	0,65	0,90	1,39
Q9Z2A5	Arginyl-tRNA--protein transferase 1	1,36	1,45		1,20		1,16	0,073	1,40	1,18	0,84
O54833	Casein kinase II subunit alpha'	0,95	0,75	0,99	1,12	1,18	1,15	0,073	0,90	1,15	1,28
Q99PJ0	Neurotrimin	1,21	1,11	0,98	0,94	0,69	0,92	0,074	1,10	0,85	0,77
P23818	Glutamate receptor 1	1,09	1,01	1,11	0,98	0,88	0,76	0,074	1,07	0,87	0,82
Q9EQQ9	Protein O-GlcNAcase	1,24	1,20	1,23	1,11	0,99	0,87	0,075	1,22	0,99	0,81
Q8BH95	Enoyl-CoA hydratase, mitochondrial	0,77	0,73	0,74	1,08	1,34	0,96	0,075	0,75	1,13	1,51
G5E829	Plasma membrane calcium-transporting ATPase 1	1,20	1,19	1,19	1,10	1,14	1,16	0,075	1,19	1,13	0,95
P61089	Ubiquitin-conjugating enzyme E2 N	1,36	1,39	1,18	1,03	0,82	1,17	0,076	1,31	1,01	0,77
Q9QZQ8	Core histone macro-H2A.1	0,60	0,87	0,72	1,00	0,89	1,01	0,076	0,73	0,97	1,33
Q91VR2	ATP synthase subunit gamma, mitochondrial	0,78	0,92	0,76	1,01	0,99	0,99	0,076	0,82	0,99	1,22
Q9CY18	Sorting nexin-7	0,94	0,92	0,99		0,88	0,88	0,077	0,95	0,88	0,92
Q60972	Histone-binding protein RBBP4	2,40	1,49	2,98	1,42	0,85	0,73	0,077	2,29	1,00	0,44
Q99J83	Autophagy protein 5	0,66	0,69	0,72	0,97	1,53	1,61	0,078	0,69	1,37	1,97
P97822	Acidic leucine-rich nuclear phosphoprotein 32 family member E	1,65		2,17		0,52	0,84	0,078	1,91	0,68	0,36
Q9JHQ5	Leucine zipper transcription factor-like protein 1	1,21	1,62	1,06	0,80	0,74	0,71	0,079	1,30	0,75	0,58
Q3TVA9	Coiled-coil domain-containing protein 136	1,29	0,61	1,06	1,51	1,69		0,079	0,99	1,60	1,62
Q9WVL0	Maleylacetoacetate isomerase	0,80	0,83	0,93	1,21	1,08		0,079	0,85	1,15	1,34
A2ALS5	Rap1 GTPase-activating protein 1	1,13	1,12	1,23	1,04	1,06	1,04	0,080	1,16	1,05	0,90
Q8BGQ7	Alanine--tRNA ligase, cytoplasmic	1,01	0,98	0,97	1,02	1,09	1,11	0,080	0,99	1,07	1,09
Q60790	Ras GTPase-activating protein 3	0,86	0,80	0,83	0,88	0,90	0,98	0,080	0,83	0,92	1,10
Q9DCC4	Pyrroline-5-carboxylate reductase 3	1,10	0,96	1,07		1,19	1,17	0,081	1,05	1,18	1,13
Q80W21	Glutathione S-transferase Mu 7	0,77	0,95	0,87	1,05		1,00	0,081	0,86	1,02	1,18
Q9D1G1	Ras-related protein Rab-1B	0,74	0,86	1,02	1,07	1,07	1,18	0,081	0,87	1,11	1,27
P58281	Dynamin-like 120 kDa protein, mitochondrial	0,99	1,04	1,02	0,97	0,93	0,85	0,082	1,02	0,92	0,90
Q8BL97	Serine/arginine-rich splicing factor 7	0,95	0,85	0,88	1,00	0,93	1,05	0,082	0,89	0,99	1,11
P13595	Neural cell adhesion molecule 1	0,93	1,05	0,98	1,05	1,10	1,19	0,083	0,99	1,11	1,13
Q9QUI0	Transforming protein RhoA	0,39	0,31	0,55	0,72	1,53	1,63	0,084	0,41	1,29	3,13
P10637	Microtubule-associated protein tau	1,03	1,18	1,20	1,05	0,99	0,90	0,085	1,14	0,98	0,86
P48428	Tubulin-specific chaperone A	5,91	4,04	6,00	3,70	2,57		0,087	5,32	3,13	0,59
Q08331	Calretinin	0,96	0,93	0,89	0,98	1,14	1,14	0,087	0,93	1,09	1,17
P34914	Bifunctional epoxide hydrolase 2	0,87	0,77	0,62	0,84	1,12	1,08	0,088	0,75	1,01	1,35
Q6ZPJ0	Testis-expressed sequence 2 protein		0,44	0,26	0,72	0,79	1,39	0,088	0,35	0,97	2,77
P32883	GTPase KRas	0,80	0,90	0,89	0,77	0,82	0,71	0,090	0,86	0,76	0,89
O35295	Transcriptional activator protein Pur-beta	0,91	1,04	1,07	1,11	1,35	1,48	0,090	1,01	1,31	1,30
Q8BKX6	Serine/threonine-protein kinase SMG1	0,59	0,56	0,60	0,71	0,66	0,61	0,092	0,58	0,66	1,14
P23492	Purine nucleoside phosphorylase	0,73	1,13	1,03	0,59	0,53	0,78	0,092	0,96	0,63	0,66
P09405	Nucleolin	1,19	1,11	1,16	1,08	1,09	0,97	0,092	1,15	1,05	0,91

Q6PE13	Proline-rich transmembrane protein 3	1,34	0,85	1,18	0,76	0,74	0,62	0,093	1,12	0,71	0,63
P10639	Thioredoxin	1,17	1,28	1,22	1,30	1,32	1,33	0,093	1,22	1,32	1,08
Q60631	Growth factor receptor-bound protein 2	0,77	0,79	0,69	0,91	0,79	0,86	0,094	0,75	0,85	1,14
Q9EQF6	Dihydropyrimidinase-related protein 5	0,96	1,07	1,08	0,94	0,96	0,89	0,094	1,04	0,93	0,90
Q9CQP2	Trafficking protein particle complex subunit 2	0,83	0,89	0,84		1,63	1,42	0,094	0,85	1,53	1,79
O88998	Noelin	1,08	1,21	1,18	1,02	1,08	1,04	0,095	1,16	1,05	0,91
Q9DAK9	14 kDa phosphohistidine phosphatase	0,40	0,41	0,53	0,64	0,51	0,76	0,097	0,45	0,64	1,42
Q63912	Oligodendrocyte-myelin glycoprotein	1,61	0,92	2,18	2,15	4,70	4,08	0,097	1,57	3,64	2,32
P62843	40S ribosomal protein S15	1,63	1,40	1,38	1,18	1,38	1,08	0,099	1,47	1,21	0,82
Q91ZP9	N-terminal EF-hand calcium-binding protein 2	0,96	1,91	1,71	0,88	0,87	0,50	0,099	1,53	0,75	0,49
Q9QZ06	Toll-interacting protein	1,09	1,08	1,05	0,94	1,04	1,01	0,099	1,07	0,99	0,93
Q6PHZ8	Kv channel-interacting protein 4	1,05	0,95			0,73	0,83	0,099	1,00	0,78	0,78
Q05A62	Dynein light chain 1, axonemal	0,89		0,87	0,96	0,97	1,10	0,099	0,88	1,01	1,15
Q04735	Cyclin-dependent kinase 16		1,13	0,94		0,43	0,45	0,099	1,04	0,44	0,42
Q61037	Tuberin	0,94	1,34	1,38	3,01	1,84	3,95	0,099	1,22	2,93	2,41

**Supplementary Table 7. Protein quantification in hippocampus at 18 months of age.**

Protein hits and signal ratio compared to standard (STD) for each individual mouse used for IPA analysis.											
ID	Protein	STD/ NLF1	STD/ NLF2	STD/ NLF3	STD/ WT1	STD/ WT2	STD/ WT3	P	Average STD/NLF	Mean STD/WT	Ratio NLF/WT
Q8C1B1	Calmodulin-regulated spectrin-associated protein 2	1,13	1,19	1,08	0,52	0,55		0,001	1,13	0,53	0,47
Q6PDI6	Protein FAM63B	1,22	1,30	1,11	1,84	1,69	1,84	0,001	1,21	1,79	1,48
Q62167	ATP-dependent RNA helicase DDX3X	0,55	0,50		0,88	0,95	0,87	0,003	0,53	0,90	1,70
Q9QUN9	Dickkopf-related protein 3	1,00		0,98		0,61	0,62	0,003	0,99	0,61	0,62
Q8VE62	Polyadenylate-binding protein-interacting protein 1	9,59	9,19	9,44	6,47	6,11		0,007	9,41	6,29	0,67
P48320	Glutamate decarboxylase 2	0,88	0,92	0,78		1,24	1,33	0,010	0,86	1,29	1,50
Q9DBS2	Tumor protein p63-regulated gene 1-like protein	0,88	1,03	1,11	0,56	0,68	0,41	0,011	1,01	0,55	0,55
P48722	Heat shock 70 kDa protein 4L	1,38	1,43	1,65	0,75	0,74	0,76	0,012	1,49	0,75	0,50
Q9CZ44	NSFL1 cofactor p47	1,12	1,11	0,92	1,45	1,49	1,31	0,013	1,05	1,42	1,35
Q61696	Heat shock 70 kDa protein 1A	0,92	0,86	0,91	0,79	0,72	0,78	0,013	0,90	0,76	0,85
Q7TMB8	Cytoplasmic FMR1-interacting protein 1	1,66	1,47	1,35	0,80	0,96	1,11	0,014	1,49	0,96	0,64
A6H5Z3	Exocyst complex component 6B	1,12	1,37	1,45	0,63	0,93	0,74	0,014	1,32	0,76	0,58
Q6DFW4	Nucleolar protein 58	0,86	1,09	1,09	0,57		0,51	0,015	1,01	0,54	0,53
Q3UTJ2	Sorbin and SH3 domain-containing protein 2	2,10	1,63	2,27	1,29	0,74	0,87	0,016	2,00	0,97	0,48
P35564	Calnexin	1,19	1,10	1,11	1,25	1,28	1,31	0,017	1,13	1,28	1,13
D3YXK2	Scaffold attachment factor B1	1,19		1,26	3,37		3,17	0,017	1,23	3,27	2,67
Q9Z1F9	SUMO-activating enzyme subunit 2	1,17	1,19	1,08	1,02	0,92	0,96	0,018	1,15	0,97	0,84
Q8VDP4	DBIRD complex subunit KIAA1967 homolog	1,28	1,24		1,03	1,07		0,018	1,26	1,05	0,84
Q9CPU0	Lactoylglutathione lyase	2,21	2,07	2,06	1,48	1,37	1,73	0,018	2,11	1,53	0,72
Q8JZU2	Tricarboxylate transport protein, mitochondrial	1,19	1,24			0,40	0,40	0,019	1,21	0,40	0,33
Q9CRB6	Tubulin polymerization-promoting protein family member 3	0,45	0,99	0,93	1,44	1,61	1,83	0,020	0,79	1,63	2,06
E9Q401	Ryanodine receptor 2	0,98	0,83	1,01	1,37	1,15	1,25	0,022	0,94	1,26	1,34
Q8BHE3	Caytaxin	1,73	1,40	1,43	0,74	0,91	1,16	0,024	1,52	0,94	0,62
Q9D855	Cytochrome b-c1 complex subunit 7	0,48	0,65	0,50	0,98	1,14	0,82	0,024	0,54	0,98	1,80
Q8VE47	Ubiquitin-like modifier-activating enzyme 5		1,09	1,08	1,02	0,98	0,95	0,024	1,08	0,98	0,91
Q91XM9	Disks large homolog 2	0,86	1,05	0,97	1,28	1,17	1,19	0,025	0,96	1,21	1,26
Q9CR00	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 9	1,11	1,15	1,06	0,70	0,92	0,80	0,025	1,11	0,81	0,73
Q8R1X6	Spartin		1,23	1,40	0,31	0,81	0,28	0,026	1,31	0,47	0,36
P14824	Annexin A6	1,00	0,92	0,85	0,72	0,80	0,67	0,028	0,92	0,73	0,79
P58021	Transmembrane 9 superfamily member 2	0,82	0,83	0,91	0,96	0,99		0,029	0,85	0,98	1,15
Q99PL6	UBX domain-containing protein 6	1,31	0,92	0,91	1,55	1,65	1,76	0,029	1,05	1,65	1,57
O54991	Contactin-associated protein 1	0,83	0,98	0,97	1,12	1,19	1,15	0,030	0,93	1,16	1,24
Q9WVA4	Transgelin-2	3,52		4,24	1,11	1,57	2,07	0,031	3,88	1,58	0,41
P17710	Hexokinase-1	0,96	0,97	0,99	1,06	1,16	1,14	0,032	0,97	1,12	1,15
Q3UM45	Protein phosphatase 1 regulatory subunit 7	0,87	1,00	1,00	1,14	1,07	1,17	0,032	0,95	1,13	1,18
Q6QWF9	Calcium/calmodulin-dependent protein kinase II inhibitor 1	0,53	0,53	0,51	0,70	0,73	0,62	0,036	0,52	0,68	1,31
Q8CJ40	Rootletin	1,23		1,28	0,92		0,91	0,038	1,25	0,92	0,73
Q8BIJ6	Isoleucine--tRNA ligase, mitochondrial	0,91	0,87	0,83	0,76	0,77	0,77	0,039	0,87	0,77	0,88
Q9WVR4	Fragile X mental retardation syndrome-related protein 2	1,24	1,30		0,92		0,93	0,040	1,27	0,93	0,73
Q9CPU4	Microsomal glutathione S-transferase 3	8,41	4,96	6,93		2,79	2,12	0,040	6,77	2,45	0,36
Q8BMF4	Dihydropolyllysine-residue acetyltransf comp pyruvate DH complex, mitr	1,05	0,99	0,98	0,92	0,91	0,95	0,041	1,01	0,92	0,92
P61804	Dolichyl-diphosphooligosaccharide-prot glycosyltransferase subunit DAD	0,60	0,75	0,73	1,08	0,85	0,92	0,041	0,69	0,95	1,38
P55012	Solute carrier family 12 member 2	1,21	1,10	1,07	0,73	0,98	0,73	0,042	1,13	0,81	0,72
P28667	MARCKS-related protein	0,68		0,78		1,30	1,15	0,043	0,73	1,22	1,67
Q9QXS1	Plectin	1,03	1,01	1,04	0,98	1,00	1,00	0,043	1,03	0,99	0,97
P48318	Glutamate decarboxylase 1	1,05	1,00	0,98	1,10	1,10	1,09	0,044	1,01	1,10	1,09
P46660	Alpha-internexin	0,89	0,70	0,67	1,09	1,07	0,89	0,044	0,75	1,02	1,36
Q9D7B6	Isobutyryl-CoA dehydrogenase, mitochondrial	1,21	1,50	1,71	0,67	1,17	0,68	0,045	1,47	0,84	0,57
Q8VCW8	Acyl-CoA synthetase family member 2, mitochondrial	0,29	0,61	0,68	1,12	1,21	0,79	0,045	0,53	1,04	1,96
Q9CYT6	Adenylyl cyclase-associated protein 2	1,49	2,20	1,89	0,79	1,37	1,17	0,049	1,86	1,11	0,60
O54734	Dolichyl-diphosphooligosaccharide--protein glycosyltransferase 48 kDa su	0,78		0,94	1,45	1,09	1,34	0,050	0,86	1,29	1,50
Q9QYG0	Protein NDRG2	0,80	0,96	0,99	1,06	1,17	1,13	0,050	0,92	1,12	1,22
O54988	STE20-like serine/threonine-protein kinase	1,07	1,20	1,04	1,31	1,44	1,23	0,050	1,10	1,33	1,20
Q61234	Alpha-1-syntrophin	0,99	0,91	0,62	1,27	1,50		0,051	0,84	1,38	1,65
Q8BMG7	Rab3 GTPase-activating protein non-catalytic subunit	1,03	1,07	1,43	0,77	0,46	0,86	0,051	1,18	0,70	0,59
P49312	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein A1	0,56	0,42	0,67	0,78	0,91	0,72	0,052	0,55	0,80	1,46
Q6PH59	Voltage-dependent calcium channel subunit alpha-2/delta-2	0,73	0,58			1,02	1,17	0,052	0,65	1,10	1,69
Q9Z140	Copine-6	0,89	1,32	1,18	0,79	0,64	0,62	0,054	1,13	0,68	0,60
P97445	Voltage-dependent P/Q-type calcium channel subunit alpha-1A	0,94	0,93	0,53	1,55	1,05	1,53	0,055	0,80	1,38	1,72
Q9Z1N5	Spliceosome RNA helicase Ddx39b	0,82		0,87	0,97	1,03	1,16	0,055	0,84	1,05	1,25
P06151	L-lactate dehydrogenase A chain	1,02	0,71	1,07	0,70	0,48	0,45	0,056	0,93	0,54	0,58
Q9WV34	MAGUK p55 subfamily member 2	0,94	1,01	1,11	0,83	0,83	0,91	0,057	1,02	0,86	0,84
Q7TQF7	Amphiphysin	1,08	1,19	1,04	1,30	1,35	1,19	0,058	1,10	1,28	1,16
Q80W21	Glutathione S-transferase Mu 7	2,06	3,60	2,82		1,18	1,05	0,059	2,83	1,11	0,39
Q9CQC7	NADH dehydrogenase [ubiquinone] 1 beta subcomplex subunit 4	1,30	1,21	1,38	0,88	1,00	1,17	0,061	1,30	1,01	0,78
O88735	Enscosin	0,76	0,99		2,02	2,00		0,062	0,88	2,01	2,29
Q8BNW9	Kelch repeat and BTB domain-containing protein 11	0,79	0,70		0,95	1,11	1,34	0,062	0,74	1,13	1,52
Q3V3V9	Leucine-rich repeat-containing protein 16C	1,30	1,50	1,28	1,12	1,22	0,98	0,063	1,36	1,11	0,81
P26049	Gamma-aminobutyric acid receptor subunit alpha-3	1,95	2,14			1,22	1,49	0,063	2,05	1,36	0,66
Q9Z1G3	V-type proton ATPase subunit C 1	2,26	2,54	3,04	2,13	1,85	1,64	0,064	2,61	1,87	0,72
Q9D7N9	Adipocyte plasma membrane-associated protein	2,18	1,62	1,66	1,20	1,10	1,27	0,064	1,82	1,19	0,65
P19246	Neurofilament heavy polypeptide	0,98	0,83	0,95	1,10	1,32	1,09	0,064	0,92	1,17	1,27
Q9JMH6	Thioredoxin reductase 1, cytoplasmic	2,92		3,25	1,86		1,76	0,064	3,09	1,81	0,59
P70429	Ena/VASP-like protein	1,03	1,12	1,03	1,17		1,14	0,065	1,06	1,16	1,09
Q9D1L9	Ragulator complex protein LAMTOR5	0,79	0,90	0,88	0,99	0,95		0,065	0,86	0,97	1,14
P46638	Ras-related protein Rab-11B	1,20	1,14	1,27	1,04	0,87	1,08	0,065	1,20	0,99	0,83
Q8VED9	Galectin-related protein	1,51	1,21	1,11	0,84	0,78	1,06	0,065	1,27	0,89	0,70
Q8R4N0	Citrate lyase subunit beta-like protein, mitochondrial	1,07	0,67	0,52		1,34	1,38	0,065	0,75	1,36	1,81
P46471	26S protease regulatory subunit 7	1,09	0,73	0,80	1,35	1,28	1,06	0,066	0,87	1,23	1,41
Q9CXZ1	NADH dehydrogenase [ubiquinone] iron-sulfur protein 4, mitochondrial	1,08	1,11	1,08	0,99	0,86	0,79	0,066	1,09	0,88	0,81
P60867	40S ribosomal protein S20	1,17		1,25	1,38	1,47		0,066	1,21	1,43	1,18
Q80ZJ6	Protein zer-1 homolog	1,57	1,75		1,19	1,11		0,067	1,66	1,15	0,69
Q9CQ86	Migration and invasion enhancer 1	0,72	0,77	0,85		0,94	1,04	0,067	0,78	0,99	1,27
Q9EQ06	Estradiol 17-beta-dehydrogenase 11	1,30	1,15	1,17		1,47	1,37	0,067	1,21	1,42	1,18
Q9CQ75	NADH dehydrogenase [ubiquinone] 1 alpha subcomplex subunit 2	2,58	1,88	1,72	1,36	0,70	1,45	0,068	2,06	1,17	0,57
Q01065	Calcium/calmodulin-dependent 3',5'-cyclic nucleotide phosphodiesterase	0,59	0,77	0,81	0,99	0,86	0,97	0,069	0,72	0,94	1,30
Q61792	LIM and SH3 domain protein 1	2,36	1,59	2,73	1,00	1,24	1,02	0,069	2,23	1,09	0,49
A2RT62	F-box/LRR-repeat protein 16	1,00	0,87	1,17	1,44	1,30	1,86	0,070	1,02	1,53	1,51
Q91YE6	Importin-9	0,87	0,70		1,28	1,10	1,18	0,071	0,79	1,19	1,51

Q6PD03	Serine/threonine-protein phosphatase 2A 56 kDa regulatory subunit alph	1,61	1,86	1,46		1,23	1,28	0,071	1,64	1,25	0,76
Q99JR1	Sideroflexin-1	1,07	1,06	1,17		1,20	1,26	0,072	1,10	1,23	1,12
O70503	Estradiol 17-beta-dehydrogenase 12	1,01	0,66	0,86	0,44	0,60	0,56	0,073	0,84	0,53	0,63
Q9QYS9	Protein quaking	1,00	0,93	0,84	1,14		1,06	0,074	0,92	1,10	1,19
Q8R574	Phosphoribosyl pyrophosphate synthase-associated protein 2	0,96	1,04	0,93	0,83	0,93	0,84	0,074	0,98	0,87	0,89
Q9D1K7	UPF0687 protein C20orf27 homolog	0,65	1,22	0,72	1,52	1,26	1,45	0,075	0,86	1,41	1,64
P32848	Parvalbumin alpha	0,89	1,77	1,07	2,00	1,75	2,52	0,075	1,24	2,09	1,68
P47738	Aldehyde dehydrogenase, mitochondrial	1,01	1,19	1,33	0,88	0,99	0,84	0,075	1,18	0,90	0,77
P12658	Calbindin	1,56	2,66	2,03	0,95	1,16	0,99	0,076	2,09	1,03	0,50
P63318	Protein kinase C gamma type	1,38	1,11	1,62	1,12	0,86	0,81	0,076	1,37	0,93	0,68
D3YZP9	Coiled-coil domain-containing protein 6	1,65	1,65	1,07	0,43	0,83	1,12	0,076	1,45	0,79	0,54
P14576	Signal recognition particle 54 kDa protein	1,31	0,85	0,76	1,56	1,65	1,26	0,077	0,97	1,49	1,53
Q91Z31	Polypyrimidine tract-binding protein 2	0,89	1,14	1,09	0,73	0,83	0,89	0,078	1,04	0,82	0,79
Q8VBY2	Calcium/calmodulin-dependent protein kinase kinase 1	0,92	0,84	0,86	1,36	1,22		0,079	0,87	1,29	1,48
Q07813	Apoptosis regulator BAX	1,08	1,09	1,37		1,46	1,66	0,079	1,18	1,56	1,33
P27773	Protein disulfide-isomerase A3	1,11	1,46	1,33	0,91	0,92	1,14	0,080	1,30	0,99	0,76
Q9CQS8	Protein transport protein Sec61 subunit beta	2,03	1,93	1,53	1,27	1,37	1,40	0,080	1,83	1,35	0,73
Q7TQ13	Ubiquitin thioesterase OTUB1	0,99	1,29	0,98	0,82	0,88	0,52	0,080	1,09	0,74	0,68
Q91WC3	Long-chain-fatty-acid--CoA ligase 6	0,87	0,87	0,88	0,94	0,97	1,06	0,081	0,87	0,99	1,13
Q8QZS1	3-hydroxyisobutyryl-CoA hydrolase, mitochondrial	0,75	0,74	0,89	1,02	1,24	0,93	0,081	0,79	1,06	1,34
Q9DB41	Mitochondrial glutamate carrier 2	0,65		0,70	0,84		0,84	0,081	0,68	0,84	1,25
POC192	Leucine-rich repeat-containing protein 4B	0,81	0,97	0,72	1,05	1,29	0,99	0,081	0,83	1,11	1,33
Q8BX10	Serine/threonine-protein phosphatase PGAM5, mitochondrial	1,06	1,02		0,65	0,86	0,45	0,082	1,04	0,66	0,63
E9PZM4	Chromodomain-helicase-DNA-binding protein 2	13,66	15,43			8,97	5,87	0,082	14,55	7,42	0,51
P23819	Glutamate receptor 2	1,68	1,49	1,36	1,00	1,11	1,38	0,083	1,51	1,16	0,77
Q9CPQ8	ATP synthase subunit g, mitochondrial	0,52	0,37	0,46	0,85	0,59	0,62	0,083	0,45	0,69	1,53
Q6PH08	ERC protein 2	0,82	0,79	0,74	0,84	0,99	0,89	0,083	0,78	0,91	1,16
Q5DQR4	Syntaxin-binding protein 5-like	1,04	1,00	0,71	1,30	1,16		0,084	0,92	1,23	1,34
Q9QYR6	Microtubule-associated protein 1A	0,96	0,89	0,83	0,99	1,03	0,98	0,084	0,89	1,00	1,12
Q8R5H6	Wiskott-Aldrich syndrome protein family member 1	1,15	1,02	1,22	1,05	0,92	0,87	0,084	1,13	0,95	0,84
Q61330	Contactin-2	0,96	0,90	0,71	1,08	1,10		0,085	0,86	1,09	1,27
Q63912	Oligodendrocyte-myelin glycoprotein	1,76	1,88	2,81	0,72	1,73	0,89	0,085	2,15	1,11	0,52
P62806	Histone H4	0,58	0,83	0,47	0,28	0,29	0,27	0,085	0,62	0,28	0,45
Q80Z38	SH3 and multiple ankyrin repeat domains protein 2	0,51	0,69	0,80	0,98	0,85	0,89	0,085	0,67	0,91	1,37
Q9D0L7	Armadillo repeat-containing protein 10	0,80	0,91	0,99	0,71	0,74		0,086	0,90	0,73	0,80
Q3USB7	Inactive phospholipase C-like protein 1	0,95	0,73		1,13	1,65	1,22	0,087	0,84	1,33	1,58
Q9QZ23	NFU1 iron-sulfur cluster scaffold homolog, mitochondrial		0,62	0,64	0,68	0,73	0,66	0,087	0,63	0,69	1,09
Q8CS22	Endonuclease domain-containing 1 protein	0,88	0,99	0,79	0,98	1,19	1,06	0,087	0,89	1,08	1,22
Q9CQH3	NADH dehydrogenase [ubiquinone] 1 beta subcomplex subunit 5, mitoch	0,60	0,50	0,56	0,40	0,50	0,47	0,088	0,55	0,46	0,83
O35526	Syntaxin-1A	0,93	1,32	1,20	0,50	0,97	0,77	0,088	1,15	0,75	0,65
Q9DB05	Alpha-soluble NSF attachment protein	0,92	0,78	0,90	1,06	0,92	1,06	0,088	0,87	1,01	1,17
P84084	ADP-ribosylation factor 5	0,94	0,87	0,92	1,09	0,95	1,10	0,088	0,91	1,05	1,15
Q9CYR6	Phosphoacetylglucosamine mutase	0,87	0,99	0,91	1,13	1,07	0,97	0,089	0,92	1,06	1,14
Q9WV60	Glycogen synthase kinase-3 beta	3,53	2,73	1,95	1,91	1,13	1,36	0,090	2,74	1,47	0,54
Q9Z0H8	CAP-Gly domain-containing linker protein 2	0,88	1,00	0,90	0,99	1,04	1,06	0,090	0,93	1,03	1,11
P63082	V-type proton ATPase 16 kDa proteolipid subunit		0,58	0,33	1,50	0,75	1,02	0,090	0,46	1,09	2,38
Q9R112	Sulfide:quinone oxidoreductase, mitochondrial	2,21	5,65	4,33	1,01	1,08	0,87	0,091	4,06	0,99	0,24
P17742	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase A	0,93	1,03	1,03	1,13	1,08	1,07	0,092	1,00	1,09	1,09
Q9WU28	Prefoldin subunit 5	1,05	1,68	2,78	0,22	0,55		0,092	1,84	0,39	0,21
O70591	Prefoldin subunit 2	0,81	0,94	0,69	1,11	1,10	0,90	0,092	0,82	1,04	1,27
P63213	Guanine nucleotide-binding protein G(I)/G(S)/G(O) subunit gamma-2	1,20	1,28	1,01	0,73	0,92		0,092	1,17	0,82	0,71
Q62188	Dihydropyrimidinase-related protein 3	0,70	0,93	0,92	1,05	1,02	1,34	0,093	0,85	1,14	1,34
Q9Z2Y8	Proline synthase co-transcribed bacterial homolog protein	0,78	0,88	0,84	0,88	1,01	0,93	0,093	0,83	0,94	1,13
Q9JLBO	MAGUK p55 subfamily member 6	1,12	0,86	1,25	0,95	0,57	0,63	0,093	1,08	0,72	0,66
Q924K8	Metastasis-associated protein MTA3		0,93	1,01		1,21	1,11	0,094	0,97	1,16	1,20
Q6PDL0	Cytoplasmic dynein 1 light intermediate chain 2	1,34	1,55	1,41	1,04	0,77	1,28	0,095	1,43	1,03	0,72
P21460	Cystatin-C	2,53	1,68	2,19	0,93	0,66	1,85	0,095	2,13	1,15	0,54
Q9WUK2	Eukaryotic translation initiation factor 4H	0,95	1,25	1,11	1,51	1,31	1,25	0,096	1,10	1,36	1,23
O89112	LanC-like protein 1		0,86	1,13	1,56	1,60	1,26	0,096	0,99	1,47	1,49
Q8CIB5	Fermitin family homolog 2	3,58	2,33	2,44	1,99	1,96	1,08	0,096	2,78	1,68	0,60
Q6P9K9	Neurexin-3	0,99	1,14	1,03	0,95	0,63	0,83	0,097	1,05	0,80	0,76
Q6PCP5	Mitochondrial fission factor	0,88	0,77	1,34	0,53	0,57	0,40	0,097	0,99	0,50	0,50
Q9R1V6	Disintegrin and metalloproteinase domain-containing protein 22	0,92	0,86	0,93	0,96	1,03	1,13	0,097	0,90	1,04	1,15
O88532	Zinc finger RNA-binding protein	1,80		2,31	0,81	1,24		0,097	2,05	1,03	0,50
Q3ULD5	Methylcrotonoyl-CoA carboxylase beta chain, mitochondrial	0,88	1,22	1,00	1,43	1,19	1,27	0,098	1,03	1,30	1,26
Q6A0A9	Constitutive coactivator of PPAR-gamma-like protein 1	2,64	1,64	1,59	0,93	0,94	0,97	0,098	1,96	0,95	0,48
Q8R071	Inositol-trisphosphate 3-kinase A	1,15	1,64	1,86	0,90	0,95	0,97	0,099	1,55	0,94	0,61
Q91YQ5	Dolichyl-diphosphooligosaccharide--protein glycosyltransferase subunit 1	0,99	0,93	0,95	0,93	0,85	0,90	0,100	0,96	0,89	0,93

**Supplementary Table 8.** Protein quantification in cortex at 18 months of age.

Protein hits and signal ratio compared to standard (STD)  
for each individual mouse used for IPA analysis.

ID	Protein	STD/ NLF1	STD/ NLF2	STD/ NLF3	STD/ WT1	STD/ WT2	STD/ WT3	P	Average STD/NLF	Average STD/NLF	Ratio NLF/WT
Q6WVG3	BTB/POZ domain-containing protein KCTD12	2,18	2,19	2,30	1,19	1,14	1,27	0,000	2,22	1,20	0,54
P48722	Heat shock 70 kDa protein 4L	1,21	1,24	1,30	0,61	0,67	0,55	0,000	1,25	0,61	0,49
Q8BLK3	Limbic system-associated membrane protein	1,14	1,09	1,09	0,82	0,87	0,80	0,001	1,11	0,83	0,75
Q8VE96	Solute carrier family 35 member F6	0,90	0,93	0,89	1,10		1,10	0,001	0,91	1,10	1,21
Q9D5V5	Cullin-5	1,00	1,10	1,05	0,74	0,69	0,67	0,001	1,05	0,70	0,67
Q03517	Secretogranin-2	0,68	0,72	0,77	1,01	1,04	0,98	0,001	0,72	1,01	1,40
P62849	40S ribosomal protein S24	0,76	0,78	0,85	0,36	0,23	0,38	0,002	0,79	0,32	0,41
Q8CHU3	Epsin-2	0,91	0,92	0,85	1,08	1,03	1,09	0,004	0,89	1,07	1,20
Q3UVX5	Metabotropic glutamate receptor 5	0,89	0,93	0,92	1,25	1,36	1,29	0,004	0,91	1,30	1,43
Q9CQ19	Myosin regulatory light polypeptide 9	1,26	0,97	0,90	2,15		2,04	0,004	1,05	2,10	2,00
Q8VE88	Protein FAM114A2	1,30	1,46	1,29	0,60		0,71	0,005	1,35	0,66	0,49
A2A690	Protein TANC2	0,44	0,53	0,57	0,83	0,73	0,82	0,005	0,51	0,79	1,55
Q9Z0V2	Potassium voltage-gated channel subfamily D member 2	1,39	0,93	1,06	2,29	2,43	2,45	0,006	1,13	2,39	2,12
O88952	Protein lin-7 homolog C	0,73	2,11	1,78	5,26	5,60		0,006	1,54	5,43	3,53
P22723	Gamma-aminobutyric acid receptor subunit gamma-2	1,00	0,91	0,90	0,63	0,61	0,61	0,006	0,94	0,62	0,66
P47754	F-actin-capping protein subunit alpha-2	1,05	1,05	1,11	0,91	0,91	0,96	0,007	1,07	0,93	0,87
Q9WVQ1	Membrane-assoc guanylate kinase, WW and PDZ dom-cont prot 2	1,22	1,22	1,54	0,35		0,43	0,007	1,33	0,39	0,29
Q80U87	Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 8	1,14	1,08	1,10	0,93	0,96		0,007	1,10	0,94	0,85
Q9CR57	60S ribosomal protein L14	0,89	0,75	0,94	0,48	0,45	0,38	0,007	0,86	0,44	0,51
Q9D2V7	Coronin-7	3,52	3,38		1,13	0,61	1,46	0,007	3,45	1,07	0,31
Q9CPQ3	Mitochondrial import receptor subunit TOM22 homolog	0,82	0,77	0,81	0,89	0,93	0,94	0,008	0,80	0,92	1,15
P15116	Cadherin-2	1,14	0,94	1,06	1,68	1,41	1,54	0,008	1,05	1,54	1,47
O88342	WD repeat-containing protein 1	0,92	0,89	0,97	1,13	1,28	1,21	0,009	0,93	1,21	1,30
Q8CDN6	Thioredoxin-like protein 1	0,60	0,62	0,54	1,07	1,10	1,30	0,010	0,59	1,16	1,97
Q9D1R9	60S ribosomal protein L34	0,95	1,10	0,97	0,65		0,62	0,010	1,01	0,63	0,63
P62715	Ser/thr-protein phosphatase 2A catalytic subunit beta isoform	0,76	0,70		1,08	1,03	0,95	0,010	0,73	1,02	1,39
Q9CQ22	Ragulator complex protein LAMTOR1	1,45	1,54		0,95	1,04	0,94	0,011	1,50	0,98	0,65
Q8C0L6	Peroxisomal N(1)-acetyl-spermine/spermidine oxidase	1,38		1,47		2,09	2,01	0,011	1,43	2,05	1,44
Q99L45	Eukaryotic translation initiation factor 2 subunit 2	1,17	1,12	1,03	0,90	0,79	0,90	0,011	1,11	0,86	0,78
Q9Z268	RasGAP-activating-like protein 1	0,97	0,94	0,88	1,12	1,19	1,26	0,011	0,93	1,19	1,28
P12787	Cytochrome c oxidase subunit 5A, mitochondrial	0,54	0,45	0,51	0,69	0,82	0,84	0,012	0,50	0,78	1,56
Q9JI91	Alpha-actinin-2	0,79	0,89	0,88	1,07	1,20	1,06	0,012	0,85	1,11	1,30
Q9EQ20	Methylmalonate-semialdehyde DH [acylating], mito	0,84	0,92	0,89	1,02	1,04	0,99	0,013	0,88	1,02	1,15
Q99JI4	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 6	1,21	1,17	0,99	1,44	1,56	1,71	0,013	1,12	1,57	1,40
Q9JKW0	ADP-ribosylation factor-like protein 6-interacting protein 1	1,01	1,02	1,05	1,12		1,10	0,014	1,03	1,11	1,08
Q8C078	Calcium/calmodulin-dependent protein kinase kinase 2	0,46	0,57	0,59	0,78	0,84	0,98	0,015	0,54	0,87	1,60
Q6ZQI3	Malectin	0,93	0,94		1,11	1,07	1,15	0,015	0,93	1,11	1,19
Q01097	Glutamate receptor ionotropic, NMDA 2B	0,80	1,05	0,99	1,49	1,25	1,54	0,015	0,95	1,43	1,51
Q6ZPZ3	Zinc finger CCCH domain-containing protein 4	1,22	1,27	1,32	0,96	0,97	0,77	0,016	1,27	0,90	0,71
P57746	V-type proton ATPase subunit D	1,06	1,02	0,94	0,65	0,78	0,57	0,016	1,01	0,67	0,66
P51125	Calpastatin		0,69	0,63	1,05	1,01		0,017	0,66	1,03	1,56
P53395	Lipoamide acylTF comp of br-chain a-keto acid DH complex, mito	1,03	0,94		0,26	0,49	0,58	0,017	0,99	0,45	0,45
Q3ULD5	Methylcrotonoyl-CoA carboxylase beta chain, mitochondrial	1,09	1,25	1,16	0,94	0,89		0,018	1,17	0,92	0,78
P70265	6-phosphofructo-2-kinase/fructose-2,6-bisphosphatase 2	1,44		1,46		1,62	1,63	0,018	1,45	1,63	1,12
P16330	2',3'-cyclic-nucleotide 3'-phosphodiesterase	0,45	0,46	0,45	0,37	0,38	0,34	0,019	0,45	0,36	0,80
Q9D7X3	Dual specificity protein phosphatase 3	0,77	0,76	0,72	0,85	0,84	0,91	0,019	0,75	0,87	1,16
Q9CQC9	GTP-binding protein SAR1b	0,84	0,82	0,80	0,97	1,01	1,09	0,020	0,82	1,03	1,25
Q9EPW0	Type I inositol 3,4-bisphosphate 4-phosphatase	1,02	1,00	1,01	0,95	0,93	0,89	0,022	1,01	0,92	0,91
Q8CC35	Synaptopodin	0,85	0,75	0,80	0,68	0,67	0,63	0,022	0,80	0,66	0,82
Q91ZU6	Dystonin	1,12	1,15	1,10	0,81	0,96	0,87	0,023	1,12	0,88	0,78
P53994	Ras-related protein Rab-2A	0,74	0,68	0,62	1,04	0,95	0,84	0,023	0,68	0,95	1,39
P63030	Mitochondrial pyruvate carrier 1	0,70		0,80	1,09	1,39	1,44	0,023	0,75	1,31	1,75
Q9D880	Mitochondrial import inner membrane translocase subunit TIM50	1,37		1,34	0,79	0,81	1,04	0,024	1,36	0,88	0,65
Q9CVB6	Actin-related protein 2/3 complex subunit 2	1,33	1,36	1,15	0,93	1,05	0,78	0,025	1,28	0,92	0,72
B2RSH2	Guanine nucleotide-binding protein G(i) subunit alpha-1	0,68	0,62	0,52	0,93	0,78	0,81	0,026	0,61	0,84	1,37
Q8VE70	Programmed cell death protein 10	1,51	1,66	2,07	0,94	1,17	0,86	0,026	1,75	0,99	0,57
P62812	Gamma-aminobutyric acid receptor subunit alpha-1	1,06	1,23	1,01	0,89	0,63	0,72	0,026	1,10	0,75	0,68
Q62418	Drebrin-like protein	0,75	0,74	0,89	0,63	0,60	0,52	0,027	0,80	0,58	0,73
Q8BKX1	Brain-specific angiogenesis inhibitor 1-associated protein 2	0,80	0,82	0,74	0,88	0,91	0,89	0,028	0,78	0,89	1,14
Q9CQ92	Mitochondrial fission 1 protein	0,83	0,57	0,42	1,44	1,33	0,97	0,028	0,60	1,25	2,07
P46097	Synaptotagmin-2		0,45	0,39	1,19	1,36	0,90	0,028	0,42	1,15	2,75
P55258	Ras-related protein Rab-8A	0,70	0,58	0,63	0,74	0,87	0,81	0,028	0,64	0,81	1,27
P12815	Programmed cell death protein 6	1,30	1,42	1,88	0,82	0,70	0,57	0,029	1,53	0,70	0,46
Q8BLR2	Copine-4	2,12	1,81		0,85	0,56	0,63	0,029	1,97	0,68	0,35
P60041	Somatostatin		1,06	0,77	4,54	7,85	6,03	0,030	0,91	6,14	6,72
P97772	Metabotropic glutamate receptor 1	0,63	0,61	0,26	0,85	1,32	1,20	0,030	0,50	1,12	2,23
P03930	ATP synthase protein 8	2,30	2,47	2,83	0,50	0,96	1,66	0,031	2,54	1,04	0,41
Q71LX4	Talin-2	1,15	1,07	1,12	0,90	1,02	0,99	0,031	1,11	0,97	0,87
P28652	Ca/calmodulin-dependent protein kinase type II subunit beta	1,09	1,07	1,16	0,95	0,79	0,93	0,032	1,11	0,89	0,80
P63054	Purkinje cell protein 4	0,75	0,87	0,72	1,00	1,01	0,92	0,032	0,78	0,98	1,25
P26043	Radixin	1,01	1,11	1,06		0,93	0,91	0,032	1,06	0,92	0,87
Q80TM9	Nischarin		0,91	0,90	1,10	1,24	1,29	0,032	0,91	1,21	1,33
Q92019	WD repeat-containing protein 7	1,02	0,91	0,81	1,08	1,20	1,29	0,032	0,92	1,19	1,30
Q6ZPQ6	Membrane-associated phosphatidylinositol transfer protein 2	0,96	0,89	0,86	1,07	1,06	1,05	0,032	0,90	1,06	1,17
Q99JY9	Actin-related protein 3	0,70	0,58	0,67	0,47	0,49	0,55	0,033	0,65	0,51	0,78
Q6PHU5	Sortilin		0,94	1,27	3,13	3,24		0,033	1,11	3,18	2,87
P35803	Neuronal membrane glycoprotein M6-b	3,47	3,87	2,34	0,81	1,51	1,67	0,033	3,23	1,33	0,41
P31750	RAC-alpha serine/threonine-protein kinase	0,91		0,92	0,98		0,97	0,034	0,92	0,97	1,06
Q9QZB1	Regulator of G-protein signaling 20		0,82	0,81	0,84	0,85	0,84	0,034	0,81	0,84	1,03

Q6PDS3	Sterile alpha and TIR motif-containing protein 1	1,00	0,84	0,85	0,69	0,63	0,65	0,034	0,89	0,66	0,74
F6SEU4	Ras GTPase-activating protein SynGAP	1,11	1,13	1,03	0,93	1,02	0,95	0,035	1,09	0,96	0,88
Q60930	Voltage-dependent anion-selective channel protein 2	0,84	0,85	0,80	0,71	0,71	0,78	0,035	0,83	0,73	0,88
Q8CH77	Neuron navigator 1	1,02	1,16	1,18	0,87		0,93	0,035	1,12	0,90	0,81
Q9CR00	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 9	1,15	1,17	1,32		0,77	0,90	0,037	1,21	0,83	0,69
Q9R112	Sulfide:quinone oxidoreductase, mitochondrial	0,23	0,31	0,43	0,70	1,14	1,21	0,037	0,32	1,02	3,15
P62082	40S ribosomal protein S7	1,16	1,24	1,27	1,01	0,87	1,07	0,037	1,22	0,99	0,81
P49722	Proteasome subunit alpha type-2	0,96	0,98	0,90	1,13	1,28	1,10	0,037	0,95	1,17	1,24
Q8BH55	Threonine synthase-like 1	1,09	1,23	1,21	1,04	1,01	0,94	0,038	1,18	1,00	0,85
P42208	Septin-2	0,89	0,86	1,32	1,95	1,62	1,43	0,039	1,02	1,67	1,63
Q8QZT2	Centriole, cilia and spindle-associated protein	1,00	1,06	1,03	0,97	0,90	0,96	0,040	1,03	0,94	0,91
Q9JMG3	Transmembrane and ubiquitin-like domain-containing protein 1	1,23	1,25			2,22	2,35	0,040	1,24	2,29	1,84
Q7TNG5	Echinoderm microtubule-associated protein-like 2	0,95	1,04	0,86	0,83	0,64	0,64	0,041	0,95	0,70	0,74
P56135	ATP synthase subunit f, mitochondrial		0,39	0,27	1,47	0,82	1,13	0,041	0,33	1,14	3,44
Q80VJ2	Steroid receptor RNA activator 1	1,02	1,05		1,19		1,18	0,041	1,03	1,19	1,15
P12970	60S ribosomal protein L7a	0,76	1,88	1,63	3,35	3,53	2,22	0,041	1,43	3,03	2,13
Q9DCX2	ATP synthase subunit d, mitochondrial	0,86	0,86	0,83	0,93	0,89	0,96	0,042	0,85	0,93	1,09
Q9CXW3	Calcyclin-binding protein	1,05	1,31	0,64	2,11	1,50	2,40	0,042	1,00	2,00	2,00
P17426	AP-2 complex subunit alpha-1	1,67	1,67	1,43	1,31	1,11	1,36	0,042	1,59	1,26	0,79
Q9CXZ1	NADH DH [ubiquinone] iron-sulfur protein 4, mito	1,20	1,08	1,08	1,00	0,93	0,97	0,042	1,12	0,96	0,86
Q3UGY8	Brefeldin A-inhibited guanine nucleotide-exchange protein 3	0,85	0,76	0,84	1,04	0,90	1,06	0,044	0,82	1,00	1,23
O70310	Glycylpeptide N-tetradecanoyltransferase 1	0,80	1,08	0,70	1,48	1,10	1,44	0,044	0,86	1,34	1,56
Q8R1Q8	Cytoplasmic dynein 1 light intermediate chain 1	1,47	1,27	1,26	1,01	1,08	1,07	0,045	1,33	1,05	0,79
O35381	Acidic leucine-rich nuclear phosphoprotein 32 family member A	0,92	0,99	1,01	0,91	0,82	0,84	0,045	0,97	0,86	0,88
Q9CQ85	Mitochondrial import inner membrane translocase subunit Tim22		0,78	0,74	1,22		1,13	0,045	0,76	1,17	1,55
Q6P1F6	Ser/thr-prot phosphatase 2A 55 kDa reg subunit B alpha isoform	1,07	1,05	1,04	0,83	0,91	0,95	0,045	1,05	0,90	0,85
Q6ZQ82	Rho GTPase-activating protein 26	0,86	0,91	0,81		0,76	0,71	0,045	0,86	0,73	0,85
Q148V7	LisH domain and HEAT repeat-containing protein KIAA1468	1,05	0,95	0,95	0,71	0,70	0,88	0,045	0,98	0,77	0,78
Q9JKC8	AP-3 complex subunit mu-1	0,87	0,81	0,99	1,06	1,12	1,12	0,046	0,89	1,10	1,24
Q6NS60	F-box only protein 41	0,76	0,65	0,54	0,87	0,90	0,94	0,047	0,65	0,90	1,39
P35486	Pyruvate DH E1 component subunit alpha, somatic form, mito	1,06	1,26	1,16	0,91	1,04	0,90	0,047	1,16	0,95	0,82
Q61937	Nucleophosmin	1,01	1,10	1,04	0,99	0,94	0,93	0,048	1,05	0,95	0,91
Q61466	SWI/SNF-rel matr-assoc actin-dep reg of chrom subfam D memb 1	1,30	1,23		0,79	0,78	0,32	0,048	1,26	0,63	0,50
Q9Z0R6	Intersectin-2	0,88	0,75	0,97		0,59	0,66	0,049	0,87	0,63	0,72
Q8R570	Synaptosomal-associated protein 47	0,90	0,86	0,65	1,12	1,24	0,97	0,050	0,80	1,11	1,38
P70290	55 kDa erythrocyte membrane protein		1,07	1,04	0,96		0,93	0,052	1,05	0,94	0,90
P56480	ATP synthase subunit beta, mitochondrial	0,71	0,85	0,88	0,98	0,94	1,06	0,052	0,81	0,99	1,22
P48771	Cytochrome c oxidase subunit 7A2, mitochondrial	0,66	0,69	0,65	1,15		1,05	0,054	0,67	1,10	1,65
Q80TS3	Latrophilin-3	0,53	0,49	0,59	0,66	0,61	0,64	0,054	0,54	0,64	1,19
D3Z7P3	Glutaminase kidney isoform, mitochondrial	1,00	0,97	0,94	1,03	1,01	1,06	0,055	0,97	1,03	1,07
Q8R2K1	Fucose mutarotase	0,84	0,53	0,72	1,17	0,95	0,94	0,055	0,70	1,02	1,46
Q9WVK8	Cholesterol 24-hydroxylase	1,14	0,95	1,30	1,57	1,52	1,50	0,055	1,13	1,53	1,35
Q02357	Ankyrin-1	1,09	1,19	0,84	1,40	1,48	1,36	0,055	1,04	1,41	1,36
Q71M36	Chondroitin sulfate proteoglycan 5	1,05	1,03	0,90	0,90	0,82	0,77	0,056	0,99	0,83	0,84
Q9Z2M7	Phosphomannomutase 2		0,97	0,99	0,89	0,94	0,93	0,056	0,98	0,92	0,94
O55143	Sarcoplasmic/endoplasmic reticulum calcium ATPase 2	1,35	1,30	1,11	0,91	1,10	1,03	0,060	1,26	1,01	0,81
Q8K4Z5	Splicing factor 3A subunit 1	3,21	2,07	2,65	1,41	1,93	1,34	0,060	2,64	1,56	0,59
Q8K4Z0	Leucine-rich repeat LGI family member 2		0,43	0,41		0,67	0,61	0,062	0,42	0,64	1,52
Q8BRK8	5'-AMP-activated protein kinase catalytic subunit alpha-2	0,66	1,06	0,88	1,26	1,51	1,10	0,062	0,87	1,29	1,49
O55091	Protein IMPACT	2,69	2,01	1,95	1,33	1,29	1,47	0,062	2,22	1,36	0,62
Q80U28	MAP kinase-activating death domain protein	0,79	1,07	0,91	1,23	1,07	1,27	0,062	0,92	1,19	1,29
Q62351	Transferrin receptor protein 1	0,87	0,78	0,62	0,92	1,12	0,95	0,063	0,75	1,00	1,32
Q8QZT1	Acetyl-CoA acetyltransferase, mitochondrial	0,81	0,77	0,78	0,84	0,89	0,96	0,064	0,79	0,90	1,14
Q3UYCO	Protein phosphatase 1H		1,26	1,22	1,10	0,85	0,81	0,065	1,24	0,92	0,74
Q2PFD7	PH and SEC7 domain-containing protein 3	1,09	1,17	1,29	0,57	0,65	1,01	0,065	1,19	0,74	0,62
Q9EP89	Serine beta-lactamase-like protein LACTB, mitochondrial	3,18	2,71	1,52	0,90	0,76	0,56	0,067	2,47	0,74	0,30
P20108	Thioredoxin-dependent peroxide reductase, mitochondrial	0,30	0,27	0,22	0,34	0,44	0,52	0,068	0,26	0,43	1,66
Q9Z110	Delta-1-pyrroline-5-carboxylate synthase	0,74	0,60	0,66	1,09	1,19	0,82	0,068	0,67	1,03	1,55
Q9D8N0	Elongation factor 1-gamma	0,86	0,60	0,80	0,96	0,96	1,08	0,069	0,75	1,00	1,33
Q9DCN2	NADH-cytochrome b5 reductase 3	1,11	1,64	1,74	1,86	2,46	2,83	0,069	1,50	2,38	1,59
O35215	D-dopachrome decarboxylase	0,53	0,65	0,79	0,96	0,84	0,90	0,069	0,66	0,90	1,37
Q9JM76	Actin-related protein 2/3 complex subunit 3	1,65	1,49	1,13	0,98	0,89	0,84	0,070	1,42	0,90	0,64
Q92511	ATPase family AAA domain-containing protein 3	1,22	1,40	1,01	0,24	0,52	0,95	0,070	1,21	0,57	0,47
O54946	DnaJ homolog subfamily B member 6	1,14	1,28		0,80	0,90	0,90	0,070	1,21	0,87	0,72
Q9CQJ8	NADH DH [ubiquinone] 1 beta subcomplex subunit 9	1,14	1,15	0,82	0,66	0,79	0,63	0,070	1,04	0,70	0,67
Q8VHJ5	Serine/threonine-protein kinase MARK1	0,38	0,36	0,57		0,68	0,61	0,071	0,43	0,65	1,49
Q99M87	DnaJ homolog subfamily A member 3, mitochondrial	0,99	0,85	0,65	1,63	2,93	1,90	0,071	0,83	2,16	2,59
P51174	Long-chain specific acyl-CoA dehydrogenase, mitochondrial	0,95	1,09	1,07	0,87	0,92	0,94	0,071	1,04	0,91	0,87
Q60598	Src substrate cortactin	1,08	1,12	0,96	0,90	0,86	0,91	0,072	1,05	0,89	0,84
P63073	Eukaryotic translation initiation factor 4E	1,04	1,22	0,95	0,86	0,91	0,69	0,072	1,07	0,82	0,76
Q64331	Unconventional myosin-VI	1,00	0,93	0,85	1,09	1,01	1,08	0,073	0,93	1,06	1,14
Q8R3V5	Endophilin-B2	1,00	1,02	1,09	0,96	0,98	0,93	0,074	1,04	0,96	0,92
Q60634	Flotillin-2	0,88	0,62	0,75	1,01	0,87	1,03	0,076	0,75	0,97	1,29
P60122	RuvB-like 1	0,89	0,93	1,02	1,07		1,09	0,076	0,95	1,08	1,13
Q6NZC7	SEC23-interacting protein		0,56	0,55		0,30	0,23	0,077	0,55	0,26	0,48
P70236	Dual specificity mitogen-activated protein kinase kinase 6	1,09	1,00	1,15	0,94	0,99	0,80	0,078	1,08	0,91	0,84
Q05920	Pyruvate carboxylase, mitochondrial	0,97	1,03	1,04	1,06	1,06	1,12	0,079	1,01	1,08	1,07
Q9CZ44	NSFL1 cofactor p47	0,87	1,04	0,90	1,12	1,27	1,54	0,080	0,94	1,31	1,39
A2RSJ4	UHRF1-binding protein 1-like	0,61	1,22	0,87	4,07	1,74	3,47	0,080	0,90	3,09	3,43
Q8BMF3	NADP-dependent malic enzyme, mitochondrial	1,55	1,53	1,27	1,98	1,63	2,19	0,080	1,45	1,93	1,33
Q8VHL1	Histone-lysine N-methyltransferase SETD7	0,91	0,86	0,79	1,06	1,10	0,91	0,081	0,85	1,02	1,20
P51660	Peroxisomal multifunctional enzyme type 2	0,96	0,92	0,88	1,17	1,39	1,07	0,081	0,92	1,21	1,31
Q8BHC4	Dephospho-CoA kinase domain-containing protein	1,14	1,03	1,64	1,77		2,10	0,082	1,27	1,93	1,52
Q9EQH3	Vacuolar protein sorting-associated protein 35	1,16	3,00	1,19	8,43	3,85	5,12	0,082	1,79	5,80	3,25

P70408	Cadherin-10	0,84	0,81	0,83	1,32		1,20	0,082	0,83	1,26	1,52
Q8BYA0	Tubulin-specific chaperone D	1,32	1,94	1,16	2,28		2,13	0,082	1,47	2,20	1,50
Q9R111	Guanine deaminase	1,00	0,92	1,04	1,25	1,07	1,35	0,083	0,99	1,22	1,24
Q9WU79	Proline dehydrogenase 1, mitochondrial	1,15	1,18	1,02	0,96	0,95	1,03	0,083	1,12	0,98	0,88
Q91ZJ5	UTP--glucose-1-phosphate uridylyltransferase	0,83	0,88	0,93	1,00	1,06	0,92	0,083	0,88	0,99	1,13
Q9D7S9	Charged multivesicular body protein 5		1,30	1,13	0,74	0,80	0,86	0,084	1,22	0,80	0,66
P08551	Neurofilament light polypeptide	0,67	0,71	0,84	0,85	0,87	0,94	0,084	0,74	0,89	1,20
Q9D415	Disks large-associated protein 1	0,90	1,12	1,16	0,91	0,66	0,85	0,085	1,06	0,81	0,76
Q8BSS9	Liprin-alpha-2	0,53	0,60		0,92	1,13	0,72	0,085	0,56	0,92	1,64
Q9JL8	Serine--tRNA ligase, mitochondrial	2,39	2,01	1,76	1,70	1,45	1,43	0,085	2,05	1,52	0,74
B9EJA2	Cortactin-binding protein 2	0,92	1,10	0,86	0,73	0,72	0,74	0,085	0,96	0,73	0,76
P84091	AP-2 complex subunit mu	0,85	0,95	0,84	0,78	0,77	0,79	0,085	0,88	0,78	0,89
Q9CTY5	EF-hand domain-containing family member A2	0,25	0,60	0,28	0,59	1,19	1,37	0,086	0,38	1,05	2,79
Q8R4N0	Citrate lyase subunit beta-like protein, mitochondrial	0,69	0,98	0,73	2,35	1,43	1,41	0,086	0,80	1,73	2,16
Q9CQV8	14-3-3 protein beta/alpha	0,97	0,97	0,92	0,92	0,90	0,89	0,087	0,95	0,90	0,95
P03995	Glial fibrillary acidic protein	0,71	0,62	0,93	1,30	1,00	0,94	0,087	0,75	1,08	1,44
Q62283	Tetraspanin-7	0,47	0,15	0,34	0,65	0,68	0,44	0,087	0,32	0,59	1,84
Q8C8T8	Pre-rRNA-processing protein TSR2 homolog	0,55	0,52	0,61	0,62		0,66	0,087	0,56	0,64	1,15
Q6IFZ9	Keratin, type II cytoskeletal 74	9,00	4,79	2,58	23,74	24,44	9,65	0,088	5,46	19,28	3,53
Q9DBS2	Tumor protein p63-regulated gene 1-like protein	3,09	1,62	3,06	1,39	1,10	0,95	0,088	2,59	1,14	0,44
Q8BGD9	Eukaryotic translation initiation factor 4B	0,82	0,40	0,38	0,85	0,96	1,03	0,088	0,53	0,95	1,78
Q6PHS9	Voltage-dependent calcium channel subunit alpha-2/delta-2	0,69	0,46	0,77		0,93	0,91	0,089	0,64	0,92	1,43
Q9Z2W0	Aspartyl aminopeptidase	0,95	0,96	0,98	1,07	1,10	1,00	0,089	0,97	1,05	1,09
P80313	T-complex protein 1 subunit eta	1,23	1,45	1,25	0,85	1,21	0,82	0,089	1,31	0,96	0,73
Q6P4T2	U5 small nuclear ribonucleoprotein 200 kDa helicase	1,04	1,12	0,97	0,89	0,97	0,90	0,090	1,04	0,92	0,88
Q9DCJ5	NADH dehydrogenase [ubiquinone] 1 alpha subcomplex subunit 8	1,94	1,74	1,35	1,11	1,15	1,16	0,090	1,68	1,14	0,68
Q3UHB1	5'-nucleotidase domain-containing protein 3		1,18	1,02	0,84	0,90	0,69	0,091	1,10	0,81	0,74
O88487	Cytoplasmic dynein 1 intermediate chain 2	0,94	1,01	0,49	0,30	0,30	0,33	0,091	0,81	0,31	0,38
Q9CYT6	Adenylyl cyclase-associated protein 2	1,52	2,44	2,05	1,50	1,33	0,95	0,091	2,00	1,26	0,63
P20029	78 kDa glucose-regulated protein	0,73	0,69	0,82	1,10	0,82	1,09	0,091	0,74	1,00	1,35
Q6P5F9	Exportin-1	1,18	1,68	1,26	0,89	1,12	0,84	0,091	1,37	0,95	0,69
P97370	Sodium/potassium-transporting ATPase subunit beta-3	1,06	1,22		2,00	1,46	1,47	0,092	1,14	1,64	1,44
Q99020	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein A/B	1,12		0,90	0,47	0,38	0,85	0,093	1,01	0,57	0,56
Q9CQN1	Heat shock protein 75 kDa, mitochondrial	1,08	1,06	1,30	1,44		1,33	0,093	1,15	1,38	1,20
Q8BP47	Asparagine--tRNA ligase, cytoplasmic	1,10	1,15	1,02	0,99	1,00	0,95	0,093	1,09	0,98	0,90
O88507	Ciliary neurotrophic factor receptor subunit alpha	1,16	1,01	0,94	1,23	1,21	1,24	0,093	1,04	1,23	1,18
Q00915	Retinol-binding protein 1	1,69	1,45		4,10	3,11	2,23	0,093	1,57	3,15	2,01
Q9EPR5	VPS10 domain-containing receptor SorCS2	0,53	0,65	0,70	0,70	0,77	0,87	0,093	0,63	0,78	1,25
Q8K4Q0	Regulatory-associated protein of mTOR	0,93	1,27	1,32	1,56	1,34	1,75	0,094	1,18	1,55	1,32
Q8CGC7	Bifunctional glutamate/proline--tRNA ligase	0,77	0,81	0,76	0,66	0,75	0,72	0,094	0,78	0,71	0,91
O54991	Contactin-associated protein 1	1,23	1,02	0,91	1,49	1,30	1,20	0,094	1,05	1,33	1,27
Q9R1P0	Proteasome subunit alpha type-4	1,04	1,02	1,00	1,00	0,96	0,93	0,095	1,02	0,96	0,94
Q9D710	Thioredoxin-related transmembrane protein 2		0,86	0,81	1,01	0,90	1,11	0,096	0,83	1,00	1,20
Q811D0	Disks large homolog 1	1,09	1,27	1,30	0,98	1,00	1,12	0,096	1,22	1,04	0,85
Q8K406	Leucine-rich repeat LGI family member 3	1,51	0,95	1,13	0,40	0,90	0,80	0,096	1,20	0,70	0,59
Q8CHC4	Synaptojanin-1	1,13	1,06	1,00	0,97	0,94	0,98	0,097	1,06	0,96	0,90
Q80TJ1	Calcium-dependent secretion activator 1	1,29	1,20	1,37	1,22	0,93	1,02	0,097	1,29	1,06	0,82
P37040	NADPH--cytochrome P450 reductase	1,29	1,25	1,14	1,05	1,12	1,14	0,098	1,23	1,11	0,90
Q9DCD0	6-phosphogluconate dehydrogenase, decarboxylating	0,78	0,95	1,00	1,15	1,02	1,10	0,098	0,91	1,09	1,19
A2RT62	F-box/LRR-repeat protein 16	0,98	0,92	0,88	1,11	1,03	0,97	0,099	0,93	1,03	1,12
Q791T5	Mitochondrial carrier homolog 1	0,48	0,62	0,59	0,63	0,69	0,81	0,099	0,56	0,71	1,27
P14824	Annexin A6	0,99	1,11	1,04	0,94	1,01	0,88	0,099	1,05	0,94	0,90