

Histone_H1.1 (MS_detect=8)	MSEVEIENAAIIEGNTAADAPV-----DAAVEKKPKPAKGRKTKNVKE-----VKEKKIIVA-AAPKKRIVSSH-PTYEEMIKD-----AIVVIL-----KERIGS-----SQYA-----IQKFIEEKKKEPPF-----FRKLLLLN-----LKRLLVASGKLVKVKASF-----K-----LPSASAKASSPKAA-----AEKSAPAKKKPAIVAVIKAKKKVAAASKA-KKTIIAVK-----P-----STAAAKKVTA-----KAKAKPVPRATAAAATKRKAVDAKPKAKARPAKAATAKVITSPAKKAVAATKKVAVATKKKIPVKKKVVKPKTIVKSPAKRASSRVKKK
Histone_H1.2 (MS_detect=11)	MSEIEENVPTIVDSGAAD--TI-----VKSPEKKPKPAKGGKSKSTTTA--K-----ATKKPKVKAA-APTKKKTISSH-PTYEEMIKD-----AIVVIL-----KERIGS-----SQYA-----IQKFIEEKKKEPPF-----FRKLLLVN-----LKRLLVASSEKLVKVKASF-----K-----IPARSAAAPKPAA-----PVKKKATVYAKP-----KERVAAAVAPAKAKAAAKGGKKPAASVVAKAKVIAKPKAKVTAAPKPKSSVAAVSKTKAVAAKPKAKERPAKASHUSIRITSPGKKVAAAPAKVAV-----KKAPA-----KSVKVKSPASRAAQRKAKK
Histone_H2A (MS_detect=7)	MD-----S-----G-TKVKKG-----AAGRSGSG-EPKKKPVSRSVKSGLOFPVGR-----IGRYLKKGRY-SKRVGT-----G-----APVYLAAVLEYIAAENSQGFCSVASLTITYRCRMSSDPRVLELAGNAARDNKKNRIPRHVLLAVRNDE-ELGLTLKSVIIAHGGVLPNINPILLPKKSEKAASITTK-----TPKSPS-----KATKSPKK
Histone_H2B.1 (MS_detect=7)	MAPRA-EKKPA-EKKTAAPERVSEENKAAEKAPAEKKPKAKKK-----PPKE--AGD-SKKKRSKKNV-ETYKIYIFK-----VLKQV-----HPDIGI-----SSKAMGIMNSFINDIPEKLAQE-----SSKLARYNKKPTIISREIQDAVRLVLPGEELAKHAVSE-----G-----TKAVIKFTSS
Histone_H2B.10 (MS_detect=9)	MAKA-DKKPA-EKKPAEKTPAASP-----AAAEEKKPKAKKKL-----PKEPAGAGD-KKKKRSKKNV-ETYKIYIFK-----VLKQV-----HPDIGI-----SSKAMGIMNSFINDIPEKLAQE-----SSKLARYNKKPTIISREIQDAVRLVLPGEELAKHAVSE-----G-----TKAVIKFTSS
Histone_H2B.11 (MS_detect=10)	MAPKA-EKKPA-EKKPASEKPVSEKSKAAEKAPAEKKPKAKKK-----PKAAGAGGD-SKKKMKKKSV-ETYKIYIFK-----VLKQV-----HPDIGI-----SSKAMGIMNSFINDIPEKLAQE-----ASKLARYNKKPTIISREIQDAVRLVLPGEELAKHAVSE-----G-----TKAVIKFTSS
Histone_H2B.3 (MS_detect=9)	MAPKA-GKKPA-EKKPAEKAPAESEKVAEKAPAEKKPKAKKKL-----PKEAVTGSEVKKKKRVKKST-ETYKIYIFK-----VLKQV-----HPDIGI-----SSKAMGIMNSFINDIPEKLAQE-----ASKLARYNKKPTIISREIQDAVRLVLPGEELAKHAVSE-----G-----TKAVIKFTSS
Histone_H2B.4 (MS_detect=4)	MAPKAAEEKKPA-EKKP-----AGKAPAEKLPKAEKKI-----SKDA--GGSESKKKSKKSV-ETYKIYIFK-----VLKQV-----HPDVGI-----SGKAMGIMNSFINDIPEKLAQE-----SSKLARYNKKPTIISREIQDAVRLVLPGEELAKHAVSE-----G-----TKAVIKFTS
Histone_H2B.5 (MS_detect=4)	MAP-----K-----AEKKPSEKAPKADKKI-----TKEG--GSE--RKKKTKKST-ETYKIYLFK-----VLKQV-----HPDIGI-----SGKAMGIMNSFINDIPEKIAQE-----SRRLARYNKKPTIISREIQDAVRLVLPGEELAKHAVSE-----G-----TKAVIKFTSS
Histone_H2B.6 (MS_detect=10)	MAPRA-EKKPA-EKKPAAEKPVSEKSKAAEKAPAEKKPKAKKK-----PKAAGAGGD-SKKKMKKKSV-ETYKIYIFK-----VLKQV-----HPDIGI-----SSKAMGIMNSFINDIPEKLAQE-----SSKLARYNKKPTIISREIQDAVRLVLPGEELAKHAVSE-----G-----TKAVIKFTSS
Histone_H2B.8 (MS_detect=5)	MAPKAAEEKKPA-GKKP-----AEKAPAEKLPKAEKKI-----TKE--GGSEKKKKSKKKNI-ETYKIYIFK-----VLKQV-----HPDIGI-----SGKAMGIMNSFINDIPEKLAQE-----SRRLARYNKKPTIISREIQDAVRLVLPGEELSKHAVSE-----G-----TKAVIKFTSS
Histone_H3-like_1 (MS_detect=2)	MARTK-----QSARKSHGEGAPKKQLAI-----KAARKSAPATIGGVKKPHRFRPGTVAAREIRKYQKSTIELNRKLPFORRVREIAGDFKI-DLRFQSHAVLALQEA-----AEAYL-----VGLFEDINLCAIHAKRVIIMPQDVGLARRIRAERA
Histone_H3-like_3 (MS_detect=5)	MARTK-----QTARKSHGEGAPRILLAI-----KAARKSAPATIGGVKKPHRFRPGTVAAREIRKYQKSTELLIRKLPFORRVREIAGDYKI-DLRFQSHAVLALQEA-----AEAYL-----VGLFEDINLCAIHAKRVIIMPQDVGLARRIRGERA
Histone_H3-like_5 (MS_detect=4)	MARTK-----QTARISGEGAPRKKQLAP-----KAARQSAPATIGGVKKPHRFRPGTVAAREIRKYQKSTELLIRKLPFORRVREIAGDFKI-DLRFQSSAVAAALQEA-----AEAYL-----VGLFEDINLCAIHAKRVIIMPSEIQLARRIRGERARG-----E-----
Histone_H3-like_centromeric_protein_CENH3 (MS_detect=6)	MARTK-----HRVITRSQPRNOTDAAGASSSQAGAPITITPIRRGSEEGDNT-QQINPTITSPATIGTRRGAKAASRCAMPRGSGKKSYRYRPGTVAAREIRHFQKQTNLLIPAAASFIREVRSITHMLAPPOINRWIAEALVALQEA-----AEDYL-----VGLFSDSMLCAIHARRYILWRKQDFELARRLGGKKRPW
Histone_H3.1 (MS_detect=5)	MARTK-----QTARKSISGEGAPRKKQLAI-----KAARKSAPATIGGVKKPHRFRPGTVAAREIRKYQKSTELLIRKLPFORRVREIAGDFKI-DLRFQSSAVAAALQEA-----AEAYL-----VGLFEDINLCAIHAKRVIIMPQDIQLARRIRGERA
Histone_H3.3 (MS_detect=5)	MARTK-----QTARKSISGEGAPRKKQLAI-----KAARKSAPATIGGVKKPHRFRPGTVAAREIRKYQKSTELLIRKLPFORRVREIAGDFKI-DLRFQSHAVLALQEA-----AEAYL-----VGLFEDINLCAIHAKRVIIMPQDIQLARRIRGERA
Histone_H4 (MS_detect=11)	MSEGRKGGK-----LGKGGAKRHRKV-----LRDNIQ--GITKPAIRRLARREGVSRISGLI-----YEETRQV-----LKIFL-----ENVIRDAVITYEHARRKIVDAMDVVYALKRQGRITLYG-----F-----GG-----
Probable_histone_H2A_variant_2 (MS_detect=8)	MAGKGG-----KGLLAAK-----TAAANKD-SVKKKSISRSSSRAGIQFPVGR-----IHRQLKQRVSAHGRVGA-----I-----AAVYIASILEYIAAE-----VLELAGNASKDLKVKRIPRHVLLAIRGDE-ELDTLIKQ-IAGGGVIPHIIHKSILVNKVIKD
Probable_histone_H2A.1 (MS_detect=6)	MAG-----R-----GKI-----L-----GS-GSAAKATIRSSKAGLOFPVGR-----IARFLKKGKY-AERVGA-----G-----APVYLAAVLEYIAAE-----VLELAGNAARDNKKRIRVPRHIGLAVRNDE-ELSKLLEQVITANGGVMPNIIHLLLPKKIGASQSSAEDD
Probable_histone_H2A.2 (MS_detect=5)	MAG-----R-----GKI-----L-----GS-GVAKKSISRSKAGLOFPVGR-----IARFLKNGKY-ATRVGA-----G-----APVYLAAVLEYIAAE-----VLELAGNAARDNKKRIRVPRHIGLAVRNDE-ELSKLLEQVITANGGVMPNIIHSLLLPKKAGASKKPSAEDD
Probable_histone_H2A.5 (MS_detect=8)	MSSSQA-----T-TKPTRG-----AGGR--KG-GDRKSVSKSVKAGLOFPVGR-----IARYLKKGRY-ALRYGS-----G-----APVYLAAVLEYIAAE-----VLELAGNAARDNKKRIRVPRHIGLAIRNDE-ELGRLLHEVITASGGVLPNINPVLLPKKSTASSSSAGEKASATKSPK-----KA-----
Probable_histone_H2A.7 (MS_detect=9)	ME-----S-----T-GKVKKA-----FGGRKPPG-APKTKSVSKSMKAGLOFPVGR-----IIRFLKKGRY-AQRLGG-----G-----APVYMAAVLEYIAAE-----VLELAGNAARDNKKSRIPRHULLAIRNDE-ELGKLLESVIIAHGGVLPNINSVLLPKKSAIKPAEEK-----ATKSPV-----KSPKKA
Probable_histone_H2AXa (MS_detect=11)	MSTGAG-----S-----GII-----KGR--GK-PSAKSVSKSSKAGLOFPVGR-----IARFLKSGKY-AERVGA-----G-----APVYLSAVLEYIAAE-----VLELAGNAARDNKKRIRVPRHIGLAVRNDE-ELSKLLEQVITANGGVLPNIIHQILLPSKVSKKSGDIGSASQGEF