

Supporting Information

Protein corona profile of graphene oxide detects glioblastoma multiforme using a simple one-dimensional gel electrophoresis technique: A proof-of-concept study

Riccardo Di Santo^{1#}, Erica Quagliarini^{2#}, Luca Digiacomo¹, Daniela Pozzi¹, Angelina Di Carlo³,
Damiano Caputo,⁴ Andrea Cerrato,² Carmela Maria Montone,² Morteza Mahmoudi^{5*} and Giulio
Caracciolo^{1*}

¹ Nanodelivery Lab, Department of Molecular Medicine, Sapienza University of Rome, Rome, Italy,

² Department of Chemistry, Sapienza University of Rome, Rome, Italy

³ Department of Medico-Surgical Sciences and Biotechnologies, "Sapienza" University of Rome, Viale del Policlinico 155, 00161 Latina, Italy

⁴ University Campus Bio-Medico di Roma, General Surgery, Via Alvaro del Portillo 200, 00128 Rome, Italy

⁵ Precision Health Program, Michigan State University, East Lansing, MI, USA

*Corresponding authors: M.M. (email: mahmou22@msu.edu); G.C. (email: giulio.caracciolo@uniroma1.it)

#these authors contributed equally

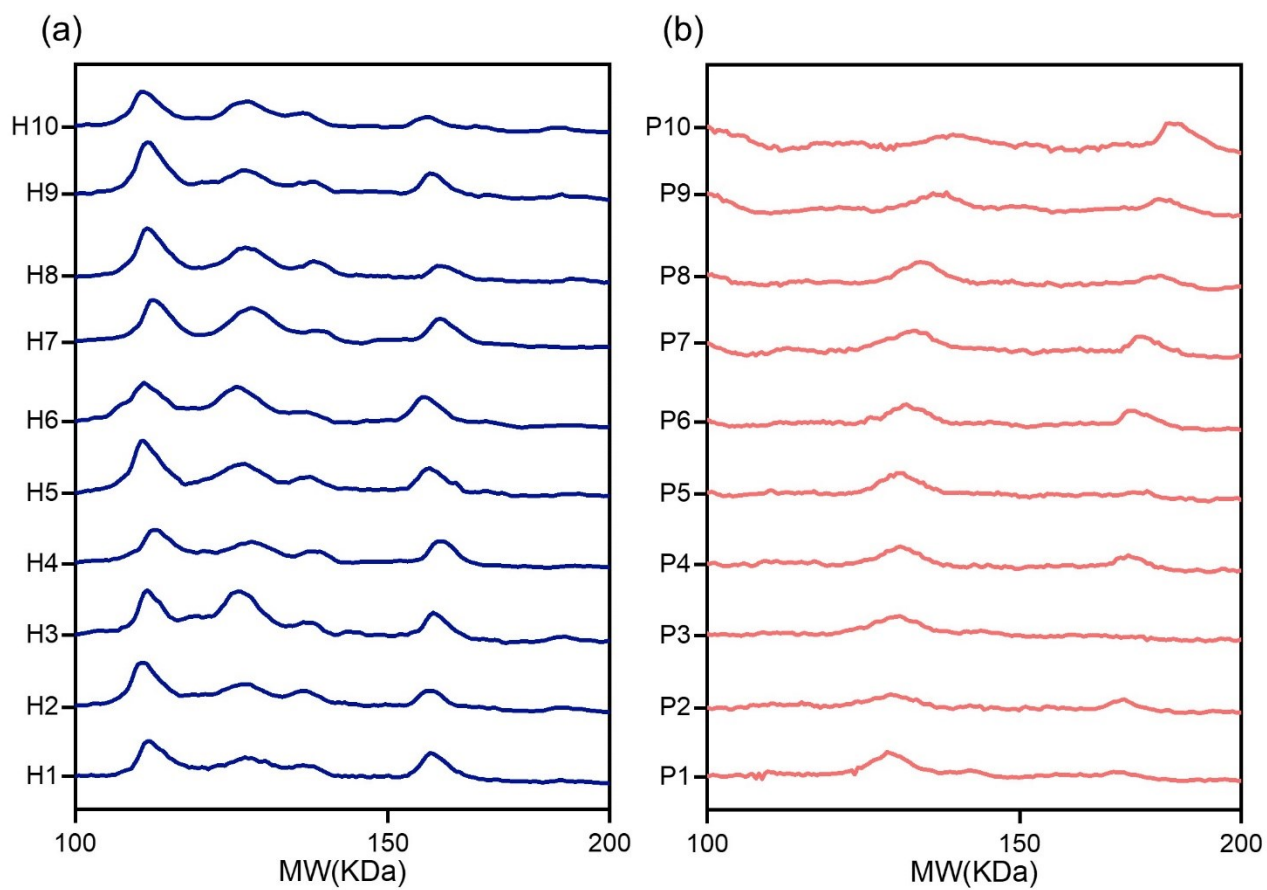


Figure S1: Protein patterns adsorbed to GO flakes following incubation with human serum from (a) healthy donors and (b) GBM patients in the MW range 100-200 kDa.

Table S1. To properly evaluate changes in the protein corona of graphene oxide, the intensity profiles ten healthy individuals (H1-H10) and ten patients diagnosed with glioblastoma multiforme (GBM) were reduced to ten regions of molecular weight: 1) $10 < MW < 20$ kDa; 2) $20 < MW < 35$ kDa; 3) $35 < MW < 65$ kDa; 4) $65 < MW < 80$ kDa; 5) $80 < MW < 100$ kDa; 6) $100 < MW < 120$ kDa; 7) $120 < MW < 145$ kDa; 8) $145 < MW < 170$ kDa; 9) $170 < MW < 200$ kDa; 10) $200 < MW < 220$ kDa. Subsequently, the integral area was calculated for each region. Statistical significance was assessed by the Student's *t*-test.

	10-20 kDa	20-35 kDa	35-65 kDa	65-80 kDa	80-100 kDa	100-120 kDa	120-145 kDa	145-170 kDa	170-200 kDa	200-300 kDa
	area 1	area 2	area 3	area 4	area 5	area 6	area 7	area 8	area 9	area 10
H1	0,048	0,315	0,473	0,056	0,042	0,015	0,021	0,014	0,007	0,009
H2	0,050	0,317	0,451	0,073	0,045	0,016	0,021	0,011	0,007	0,009
H3	0,050	0,316	0,449	0,069	0,046	0,017	0,027	0,013	0,007	0,008
H4	0,058	0,322	0,477	0,051	0,039	0,013	0,018	0,011	0,005	0,006
H5	0,055	0,311	0,461	0,065	0,041	0,017	0,022	0,013	0,007	0,009
H6	0,046	0,330	0,484	0,045	0,036	0,016	0,021	0,012	0,005	0,006
H7	0,048	0,303	0,495	0,059	0,036	0,015	0,022	0,012	0,005	0,006
H8	0,046	0,316	0,475	0,064	0,036	0,017	0,022	0,010	0,006	0,008
H9	0,053	0,319	0,456	0,057	0,047	0,018	0,021	0,012	0,007	0,010
H10	0,055	0,321	0,461	0,062	0,043	0,014	0,020	0,010	0,006	0,008
P1	0,068	0,399	0,404	0,052	0,035	0,006	0,017	0,007	0,006	0,006
P2	0,081	0,435	0,349	0,081	0,025	0,005	0,011	0,005	0,005	0,003
P3	0,078	0,414	0,383	0,047	0,040	0,006	0,016	0,007	0,004	0,004
P4	0,094	0,452	0,316	0,071	0,034	0,006	0,013	0,006	0,006	0,003
P5	0,070	0,433	0,376	0,055	0,031	0,006	0,015	0,006	0,005	0,004
P6	0,072	0,412	0,403	0,044	0,033	0,005	0,014	0,006	0,007	0,004
P7	0,073	0,403	0,376	0,071	0,032	0,006	0,017	0,008	0,009	0,004
P8	0,063	0,425	0,385	0,057	0,036	0,005	0,014	0,006	0,006	0,004
P9	0,081	0,401	0,363	0,058	0,052	0,006	0,015	0,009	0,009	0,005
P10	0,071	0,396	0,369	0,066	0,048	0,007	0,015	0,008	0,014	0,005
p-value	2,455E-07	5,238E-12	8,016E-09	9,350E-01	1,494E-01	6,640E-14	6,584E-07	8,390E-08	3,168E-01	4,311E-06
average_H	0,051	0,317	0,468	0,060	0,041	0,016	0,021	0,012	0,006	0,008
median_H	0,050	0,316	0,467	0,060	0,042	0,016	0,021	0,012	0,006	0,008
average_P	0,075	0,417	0,372	0,060	0,037	0,006	0,015	0,007	0,007	0,004
median_P	0,073	0,413	0,376	0,057	0,035	0,006	0,015	0,006	0,006	0,004