

(12) NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES
PATENTWESENS (PCT) VERÖFFENTLICHTE INTERNATIONALE ANMELDUNG

(19) Weltorganisation für geistiges
Eigentum

Internationales Büro

(43) Internationales
Veröffentlichungsdatum
8. August 2013 (08.08.2013)



(10) Internationale Veröffentlichungsnummer
WO 2013/113744 A2

(51) Internationale Patentklassifikation:
G01N 33/68 (2006.01)

(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/EP2013/051775

(22) Internationales Anmeldedatum:
30. Januar 2013 (30.01.2013)

(25) Einreichungssprache: Deutsch

(26) Veröffentlichungssprache: Deutsch

(30) Angaben zur Priorität:
12153123.0 30. Januar 2012 (30.01.2012) EP

(71) Anmelder: **MOSAIQUES DIAGNOSTICS AND
THERAPEUTICS AG** [DE/DE]; Mellendorfer Straße 7-
9, 30625 Hannover (DE).

(72) Erfinder: **MISCHAK, Harald**; Storchenstraße 6, 31319
Sehnde (DE).

(74) Anwalt: **VON KREISLER SELTING WERNER**;
Deichmannhaus am Dom, Bahnhofsvorplatz 1, 50667 Köln
(DE).

(81) Bestimmungsstaaten (*soweit nicht anders angegeben, für
jede verfügbare nationale Schutzrechtsart*): AE, AG, AL,
AM, AO, AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BH, BN, BR, BW,
BY, BZ, CA, CH, CL, CN, CO, CR, CU, CZ, DE, DK,

DM, DO, DZ, EC, EE, EG, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM,
GT, HN, HR, HU, ID, IL, IN, IS, JP, KE, KG, KM, KN,
KP, KR, KZ, LA, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LY, MA, MD,
ME, MG, MK, MN, MW, MX, MY, MZ, NA, NG, NI,
NO, NZ, OM, PA, PE, PG, PH, PL, PT, QA, RO, RS, RU,
RW, SC, SD, SE, SG, SK, SL, SM, ST, SV, SY, TH, TJ,
TM, TN, TR, TT, TZ, UA, UG, US, UZ, VC, VN, ZA,
ZM, ZW.

(84) Bestimmungsstaaten (*soweit nicht anders angegeben, für
jede verfügbare regionale Schutzrechtsart*): ARIPO (BW,
GH, GM, KE, LR, LS, MW, MZ, NA, RW, SD, SL, SZ,
TZ, UG, ZM, ZW), eurasisches (AM, AZ, BY, KG, KZ,
RU, TJ, TM), europäisches (AL, AT, BE, BG, CH, CY,
CZ, DE, DK, EE, ES, FI, FR, GB, GR, HR, HU, IE, IS, IT,
LT, LU, LV, MC, MK, MT, NL, NO, PL, PT, RO, RS, SE,
SI, SK, SM, TR), OAPI (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA,
GN, GQ, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

Veröffentlicht:

— *ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu
veröffentlichen nach Erhalt des Berichts (Regel 48 Absatz
2 Buchstabe g)*

— *mit dem Sequenzprotokollteil der Beschreibung (Regel 5
Absatz 2 Buchstabe a)*

(54) Title: POLYPEPTIDE MARKERS FOR DIAGNOSIS AND ASSESSMENT OF HEART FAILURE

(54) Bezeichnung : POLYPEPTIDMARKER ZUR DIAGNOSTIK UND BEURTEILUNG DER HERZINSUFFIZIENZ

(57) Abstract: Method for diagnosis of heart failure, comprising the step of determining the presence or absence or amplitude of at least three polypeptide markers in a urine sample, the polypeptide markers being selected from the markers characterized in table 1 by values for the molecular masses and the migration time.

(57) Zusammenfassung: Verfahren zur Diagnostik von Herzinsuffizienz umfassend den Schritt der Bestimmung einer An- oder Abwesenheit oder Amplitude von mindestens drei Polypeptidmarkern in einer Urinprobe, wobei der Polypeptidmarker ausgewählt sind aus den Markern, die in Tabelle 1 durch Werte für die Molekularmassen und die Migrationszeit charakterisiert sind.



WO 2013/113744 A2

Polypeptidmarker zur Diagnostik und Beurteilung der Herzinsuffizienz

Beschreibung der Erfindung

Die vorliegende Erfindung betrifft die Verwendung der An- oder Abwesenheit
5 eines oder mehrerer Peptidmarker in einer Probe eines Individuums zur Diagnostik und Beurteilung von Herzinsuffizienz sowie ein Verfahren zur Diagnostik und Beurteilung der Herzinsuffizienz, wobei die An- oder Abwesenheit des oder der Peptidmarker(s) indikativ für die Herzinsuffizienz ist.

Herzinsuffizienz ist eine fortschreitende Erkrankung, die mit Risikofaktoren für
10 linksventrikuläre Dysfunktion (z.B. Bluthochdruck) beginnt, mit asymptomatischer Veränderung der Herzmuskelstruktur (linksventrikuläre Hypertrophie) und der Herzfunktion (z.B. verminderter Relaxation) fortschreitet, und dann eine klinisch sichtbare Herzinsuffizienz wird, die zur Invalidität und zum Tod führen kann.

15 Die Fünfjahres-Mortalitätsrate für die symptomatische Herzinsuffizienz ist etwa 60%.

Herzinsuffizienz kann klinisch mit vorwiegend systolischer (betreffend die Kontraktion) oder diastolischer (betreffend die Relaxation) Dysfunktion auftreten, aber beide können auch gemeinsam auftreten.

20 In einer zufällig ausgewählten Personengruppe beträgt die Häufigkeit einer asymptomatischen, aber im Echokardiogram diagnostizierbaren, diastolischen linksventrikulären Dysfunktion (Frühphase) bis zu 27%. Dies ist der Anteil, der gefährdet ist, diastolische Herzinsuffizienz zu entwickeln. Trotz der damit verbundenen erheblichen Belastungen für die Gesellschaft ist die Diagnose der
25 Herzinsuffizienz und insbesondere der diastolischen linksventrikulären Herzinsuffizienz weiterhin schwierig. Einfach anwendbare Screening-Technologien fehlen.

Bei einer Diagnose bereits im asymptomatischen Stadium könnte bereits zu diesem Zeitpunkt eine Behandlung mit z.B. ACE Inhibitoren, Angiotensin Re-

- 2 -

zeptor Blockern, oder Aldosteron Antagonisten erfolgen, um das Fortschreiten zu klinischen Symptomen zu verzögern oder zu verhindern.

5 Damit wird deutlich, dass der Bedarf hinsichtlich einer nicht-invasiven Möglichkeit zur frühzeitigen und zuverlässigen Diagnose von Herzinsuffizienz besteht.

Es ist daher die Aufgabe der vorliegenden Erfindung, Verfahren und Mittel für die Diagnose von linksventrikulären Störungen und diastolischer Herzinsuffizienz bereit zu stellen.

10 Gelöst wird die Aufgabe durch ein Verfahren zur Diagnostik von Herzinsuffizienz umfassend den Schritt der Bestimmung einer An- oder Abwesenheit oder Amplitude von mindestens drei Polypeptidmarkern in einer Urinprobe, wobei die Polypeptidmarker ausgewählt sind aus den Markern, die in Tabelle 1 durch Werte für die Molekularmassen, die Migrationszeit und gegebenenfalls ihre Peptidsequenz charakterisiert sind.

15

Tabelle 1. Polypeptidmarker

ID	Masse [Da]	CE Zeit [min]	Sequenz	Proteinname	Datenbankeintrag
912	826,201	33,4119			
1495	838,401	35,0611			
1577	840,407	23,1656	KGDTGPPpGP	Collagen alpha-1(III) chain	CO3A1_HUMAN (629-637)
2505	858,393	23,2367	SpGEAGRpG	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (522-530)
2659	860,362	26,1404			
3052	868,409	23,312			
3472	875,477	21,9392			
3608	879,499	19,881			
3743	883,41	23,2563			
3796	884,292	43,8066			
4730	898,315	26,0488			
4845	900,269	43,6572			
4976	902,413	20,8458			
5184	906,179	34,2619			
5661	911,265	34,3452			
5675	911,435	25,8763	DGKTGPPpGPA	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (550-559)
6803	928,372	35,4637			
7408	935,447	23,6811	GRpGPPpGPPG	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (563-572)
7953	940,438	25,1411			
8390	945,416	25,7221			
8503	947,473	24,741	SGSVIDQSR	Uromodulin	UROM_HUMAN (589-597)
8695	949,219	34,3333			

8725	949,404	25,7932			
9930	963,491	21,8073			
11282	980,5	22,4055			
11413	981,585	24,7955	VLNLGPITR	Uromodulin	UROM_HUMAN (598-606)
12264	992,416	20,3967			
12380	994,434	25,0743	GPDGKTGPpGP	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (548-558)
12434	995,386	25,1088			
12993	1009,41	20,9807			
12998	1009,45	27,2678	YVVHTNYD	Alpha-1-microglobulin	AMB_P_HUMAN (121-128)
13145	1012,5	35,0293			
13342	1016,45	25,7851	ApGDKGESGPS	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (777-787)
13429	1018,46	24,5356			
13746	1025,47	24,9959	ATKTVGSDTF	Kininogen-1	KNG1_HUMAN (62-71)
13747	1025,46	25,5952	PpGSAGAPGKDG	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (1143-1154)
14047	1032,45	25,8974			
14071	1032,5	21,2104			
14478	1040,48	25,0502	SpGPDGKTGPp	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (546-556)
14751	1046,43	27,6437			
14763	1046,51	25,3545	SGSVIDQSRV	Uromodulin	UROM_HUMAN (589-598)
14906	1050,48	26,9248	MGPRGPpGPpG	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (217-227)
15216	1058,48	24,893	TISRLEPED	Ig kappa chain V-III region NG9	KV303_HUMAN (79-87)
15296	1060,38	38,31			
15561	1065,5	25,4545	GPDGKTGPpGPA	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (548-559)
15776	1068,45	24,7645			
15887	1069,47	26,332	GpGSDGKpGPpG	Collagen alpha-1(III) chain	CO3A1_HUMAN (544-555)
16059	1071,49	21,4307			
16168	1073,32	35,3213			
16773	1080,48	27,7698	DRGEpGPpGPA	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (801-811)
16779	1080,5	25,6942	ApGDRGEpGPP	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (798-808)
16976	1084,43	25,2328			
17045	1085,42	20,7743			
17694	1096,48	26,0757	ApGDRGEpGpP	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (798-808)
17830	1097,5	25,4051	VIEHIMEDL	Protein S100-A9	S10A9_HUMAN (58-66)
17899	1098,52	20,8911			
17968	1099,49	28,2422	DGGGSPKGDVDP	Sodium/potassium-transporting ATPase subunit gamma	ATNG_HUMAN (7-18)
18029	1100,5	37,0367	pGPPGpPGpPSP	Collagen alpha-6(IV) chain	CO4A6_HUMAN (432-443)
18077	1101,47	22,2691			
18358	1107,43	25,1418			
18604	1110,39	33,6302			
18833	1113,46	27,2996			
18939	1114,48	24,2135			
18943	1114,49	25,5545	SpGERGETGPp	Collagen alpha-1(III) chain	CO3A1_HUMAN (796-806)
18988	1115,5	21,5669			
19046	1116,53	20,8514			
19137	1118,49	37,7593			
19284	1121,5	27,6767	DGRpGPpGPpGA	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (562-573)
19655	1126,51	25,5171	GGpGSDGKpGPpG	Collagen alpha-1(III) chain	CO3A1_HUMAN (543-555)
19773	1128,39	33,592	DFDDFNLED	CD99 antigen-like protein 2	C99L2_HUMAN (26-34)
19791	1128,49	25,6493			

19828	1129,46	27,9149			
19871	1130,34	35,393			
20072	1134,58	23,6558	PIGQEGAPGRPG	Collagen alpha-2(IV) chain	CO4A2_HUMAN (1463-1474)
20204	1137,51	26,4263	DTNADKQLSF	Protein S100-A9	S10A9_HUMAN (67-76)
20457	1138,59	19,5068			
20659	1139,49	20,9651			
20700	1140,52	25,3846	YNKYPDAVAT	Osteopontin	OSTP_HUMAN (33-42)
20750	1141,52	24,5065			
20756	1141,54	37,3328	GPpGPpGPPGPpA	Collagen alpha-1(VIII) chain	CO8A1_HUMAN (560-572)
20862	1143,52	36,9674	GLPGPpGPpGPpG	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (139-151)
20896	1144,36	35,4858			
21641	1155,49	20,8473			
21747	1157,54	37,4441	GPPGPpGppGPPS	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (1181-1193)
21972	1160,36	35,6006			
22089	1162,54	20,112			
22725	1171,51	29,1847			
22835	1173,53	37,4904	GPpGPpGPpGPVT	Collagen alpha-1(XVII) chain	COHA1_HUMAN (1036-1048)
23224	1178,39	20,7118			
23356	1179,52	37,4916			
23409	1180,52	35,6997			
23423	1180,54	25,6232			
23518	1182,55	28,273			
23628	1184,56	26,4035	KpGEQGVpGDLG	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (657-668)
23697	1186,53	22,3938	DDGEAGKpGRpG	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (231-242)
23724	1187,36	35,6892			
23968	1191,52	36,1767	pPGSNGNpGPpGP	Collagen alpha-1(II) chain	CO2A1_HUMAN (907-919)
24113	1194,55	29,2014			
24168	1195,48	37,5052			
24291	1196,33	36,1119			
24308	1196,52	21,0014			
24449	1199,58	21,9516			
24510	1200,54	24,1426			
24660	1203,57	26,7602	YLGGSPKGDVDP	Sodium/potassium-transporting ATPase subunit gamma isoform 2	(5-16)
24958	1209,53	26,1548	GPpGPDGNKGEpG	Collagen alpha-2(I) chain	CO1A2_HUMAN (613-625)
25053	1211,54	25,8213	GPpGEAGKpGEQG	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (650-662)
25099	1212,56	21,204			
25294	1215,43	27,5883			
25295	1215,45	26,8785			
25363	1216,54	24,2435			
25429	1217,53	35,7806			
25866	1223,55	27,457	GPGGDKGDTGPpGP	Collagen alpha-1(III) chain	CO3A1_HUMAN (624-637)
26098	1225,32	35,6881			
26163	1226,53	21,0162			
26412	1231,42	21,5127			
26670	1235,56	26,6462	GQDGRpGPpGPpG	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (560-572)
26879	1238,56	21,1369			
27350	1247,52	22,0008	DKGETGEQGDRG	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (1095-1106)
27742	1251,62	22,5253	DGVPGKDGPRGPT	Collagen alpha-1(III) chain	CO3A1_HUMAN (752-764)
28005	1255,48	35,7697			

28103	1257,44	33,9189			
28132	1257,64	19,9186			
28281	1260,56	21,8281			
28385	1262,47	38,233			
28466	1263,54	22,7286			
28561	1265,59	27,0867	SpGPDGKTGPpGPA	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (546-559)
28669	1267,54	21,1725			
28747	1268,57	27,2482	SpGERGETGPpGP	Collagen alpha-1(III) chain	CO3A1_HUMAN (796-808)
28850	1270,55	29,3808			
29279	1276,4	35,9233			
29538	1281,59	27,0902			
29685	1283,55	27,2665			
29823	1286,42	36,407			
29840	1286,54	29,4051			
29906	1287,59	21,8737	LGPHAGDVEGHLS	Apolipoprotein A-IV	APOA4_HUMAN (329-341)
30136	1292,39	36,1593			
30524	1296,61	21,6926			
30575	1297,58	27,365	SpGSpGPDGKTGPp	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (543-556)
30699	1299,58	22,3818			
31275	1310,59	21,3883			
31480	1312,55	29,7677			
31524	1312,62	20,0087			
32022	1319,58	20,8863			
32171	1321,59	28,371	ApGDRGEpGPpGPA	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (798-811)
32336	1324,57	21,266			
32343	1324,59	28,7015	TGPGGDKGDTGPpGP	Collagen alpha-1(III) chain	CO3A1_HUMAN (623-637)
32470	1326,55	29,2043	SpGGpGSDGKpGPpG	Collagen alpha-1(III) chain	CO3A1_HUMAN (541-555)
32471	1326,56	27,1105			
32481	1326,57	21,6723			
32823	1332,54	21,7375			
32874	1333,42	36,108			
33135	1338,6	23,9878			
33209	1339,6	27,4859	SpGERGETGPpGPA	Collagen alpha-1(III) chain	CO3A1_HUMAN (796-809)
33238	1340,6	28,3984			
33812	1352,56	29,7655	DSGSSEEQGGSSRA	Polymeric-immunoglobulin receptor	PIGR_HUMAN (626-639)
33938	1353,59	21,483			
33973	1353,66	25,6316	KGEAGLpGApGSPGQ	Collagen alpha-1(XIX) chain	COJA1_HUMAN (291-305)
34009	1354,62	35,7097			
34017	1354,64	22,1393			
34267	1359,61	23,1947			
34339	1361,63	21,9874			
34432	1363,43	36,3375			
34766	1367,64	38,8826	PpGPpGPpGPPGTPV	Collagen alpha-1(XVIII) chain	COIA1_HUMAN (1256-1270)
35204	1375,61	23,245			
35339	1378,61	28,822	ApGEDGRpGPpGPQ	Collagen alpha-1(II) chain	CO2A1_HUMAN (580-593)
35424	1380,64	23,8305			
35550	1383,64	38,9402			
35979	1390,44	36,9459			
36500	1399,62	28,7444			
36566	1401,38	36,5567			
36586	1401,66	40,0387			

36759	1405,61	39,0354			
36769	1405,64	20,1391	DGPpGRDGQpGHKG	Collagen alpha-2(I) chain	CO1A2_HUMAN (933-946)
36868	1407,66	37,2292			
36988	1408,66	39,1338	GPPGppGPpGPPGPPS	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (1178-1193)
37056	1409,58	22,0427			
37124	1410,62	19,897			
37340	1415,64	23,5532			
37603	1421,49	37,0163			
37610	1421,59	38,7131			
37662	1422,6	21,7229			
37903	1424,66	39,2996	GLPGPpGPpGSFLSN	Collagen alpha-1(XVII) chain	COHA1_HUMAN (885-899)
37949	1425,59	22,3178			
38011	1426,64	22,4206	PpGKNGDDGEAGKpG	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (225-239)
38586	1435,51	19,7504			
38752	1438,45	36,7639			
38780	1438,66	30,2014			
38790	1438,66	22,0085			
38798	1438,67	27,8755	GLpGTGGPpGENGKpG	Collagen alpha-1(III) chain	CO3A1_HUMAN (642-657)
38879	1439,66	29,8171	TIDEKGTEAAGAMF	Alpha-1-antitrypsin	A1AT_HUMAN (363-376)
38910	1440,56	24,3004	DEAGSEADHEGTHS	Fibrinogen alpha chain	FIBA_HUMAN (605-618)
38951	1440,66	39,2845			
39064	1442,63	27,6328	SpGENGApGQMGPpRG	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (291-305)
39275	1445,62	37,359			
39322	1446,64	39,4279			
39607	1447,7	19,4724			
40091	1449,64	21,8561			
40294	1452,66	23,6065			
40487	1457,6	21,9348	FHDDGFLAFPGHV	Basement membrane-specific heparan sulfate proteoglycan core protein	PGBM_HUMAN (4206-4218)
40541	1458,63	27,9416	SpGENGApGQMGPpRG	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (291-305)
40737	1462,62	39,4214			
41434	1466,65	28,5188			
41471	1467,67	21,2878			
41601	1469,67	23,6936			
41665	1470,68	21,0804			
41972	1478,61	39,3027			
42188	1483,66	22,586	GPpGKNGDDGEAGKpG	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (224-239)
42216	1483,7	20,6531			
42378	1486,68	21,1523			
42404	1487,65	29,6217	GLSMDGGGSPKGDVDP	Sodium/potassium-transporting ATPase subunit gamma	ATNG_HUMAN (3-18)
42594	1491,74	39,8339	VGPpGPpGPPGPPGPPS	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (1177-1193)
42722	1493,63	21,8415			
42776	1494,66	30,3993	EpGDAGAKGDAGPpGPA	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (828-844)
42866	1496,68	30,3745			
42867	1496,63	22,3363			
43226	1503,66	29,682	GLSmDGGGSPKGDVDP	Sodium/potassium-transporting ATPase subunit gamma	ATNG_HUMAN (3-18)
43442	1507,74	40,0239	VGPpGPpGPpGPPGPPS	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (1177-1193)
43543	1508,68	29,3327	GSpGSpGPDGKTGPPGp	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (542-558)

43605	1509,79	29,5021	SVIDQSRVLNLGPI	Uromodulin	UROM_HUMAN (591-604)
43828	1512,69	26,6212			
43851	1513,44	36,7892			
43863	1513,63	29,5129			
44146	1518,6	19,3715			
44464	1521,69	30,5282	GDSDDDEPPPLPRL	Membrane associated progesterone receptor component 1	PGRC1_HUMAN (55-68)
44592	1523,67	21,9661			
44633	1523,84	29,7538	VIDQSRVLNLGPIT	Uromodulin	UROM_HUMAN (592-605)
44679	1524,65	20,0263			
44802	1526,69	23,9186			
45021	1532,62	26,3459			
45243	1535,68	22,0021	VEHSDLSFSKDWS	Beta-2-microglobulin	B2MG_HUMAN (69-81)
45980	1552,5	37,2147			
46091	1554,66	28,5929			
46184	1556,74	40,0323			
46338	1560,58	21,7691			
46369	1560,7	29,7854			
46542	1561,45	36,9566			
46606	1562,69	22,4615			
46725	1564,72	28,37			
46756	1565,69	26,3032			
47285	1575,75	30,1998	IFPPSDEQLKSGTAS	Ig kappa chain C region	IGKC_HUMAN (9-23)
47402	1576,67	43,3003			
47855	1576,74	19,5079	YKRKANDESNEHS	Osteopontin	OSTP_HUMAN (246-258)
48394	1583,7	23,2678	NDGApGKNGERGGpGGp	Collagen alpha-1(III) chain	CO3A1_HUMAN (586-602)
48417	1584,51	37,4959			
48520	1586,74	28,8819			
48580	1588,71	30,1503	TGLSMDGGGSPKGDVDP	Sodium/potassium-transporting ATPase subunit gamma	ATNG_HUMAN (2-18)
48751	1592,7	22,1803			
49122	1592,73	19,5192			
49243	1593,69	22,3763			
49295	1594,73	23,0529	ApGGKGDAGApGERGPpG	Collagen alpha-1(III) chain	CO3A1_HUMAN (670-687)
49334	1595,69	20,1503			
49608	1602,74	28,9718			
49713	1604,73	30,3377	TGLSmDGGGSPKGDVDP	Sodium/potassium-transporting ATPase subunit gamma	ATNG_HUMAN (2-18)
49948	1608,68	22,349			
49958	1608,73	30,9321	SGDSDDDEPPPLPRL	Membrane associated progesterone receptor component 1	PGRC1_HUMAN (54-68)
50008	1609,75	30,2043	TGSpGSpGPDGKTGPpGP	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (541-558)
50056	1610,87	30,2917	SVIDQSRVLNLGPIT	Uromodulin	UROM_HUMAN (591-605)
50172	1612,76	23,3804	ApGSKGDTGAKGEpGPV G	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (438-455)
50212	1613,82	23,986	VGGGEQPPPAPAPRRE	Xylosyltransferase 1	XYLT1_HUMAN (51-66)
50384	1616,73	40,25			
50638	1620,7	22,6628			
50766	1622,71	30,44			
50838	1623,73	29,8577			

50840	1623,73	24,1239	DGApGKNGERGGpGGpG P	Collagen alpha-1(III) chain	CO3A1_HUMAN (587-604)
50904	1624,55	37,7263			
51175	1630,74	20,6473	EGSpGRDGSpGAKGDRG	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (1021-1037)
51328	1632,71	40,147			
51838	1635,65	37,3773			
51865	1635,76	30,3357	FIFPPSDEQLKSGTA	Ig kappa chain C region	IGKC_HUMAN (8-22)
51916	1636,7	20,0325			
52189	1640,58	23,2418			
52320	1643,74	29,5324			
52446	1645,76	20,6137			
52730	1649,71	19,5786			
52769	1649,73	22,643			
53328	1657,72	22,8973			
53375	1658,59	21,4575			
53393	1658,73	29,9416	DAPGQYGAYFHDDGF	Basement membrane-specific heparan sulfate proteoglycan core protein	PGBM_HUMAN (4197-4211)
53744	1666,78	30,6643	KpGEQGVpGDLGApGPS G	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (657-674)
53800	1667,79	40,5608	GPPGFTGPPpGPPGPP G	Collagen alpha-1(IV) chain	CO4A1_HUMAN (197-215)
53866	1668,81	40,4656			
53957	1669,69	21,4647	DEAGSEADHEGTHSTK	Fibrinogen alpha chain	FIBA_HUMAN (605-620)
54184	1673,76	40,717			
54269	1675,71	29,2032	GpPGPpGTSGHpGSpGSp G	Collagen alpha-1(III) chain	CO3A1_HUMAN (180-198)
54421	1679,7	22,6046	ppGDSGppGEKGDpGRP	Collagen alpha-1(VII) chain	CO7A1_HUMAN (1605-1621)
54438	1679,95	23,8176	VIDQSRVNLGPITR	Uromodulin	UROM_HUMAN (592-606)
54703	1684,71	29,6453			
55001	1689,8	27,5541			
55143	1692,8	30,8875	PpGEAGKpGEQGVpGDL G	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (651-668)
55314	1693,76	20,5058			
55315	1693,76	23,4788	PpGPPGkNGDDGEAGKp G	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (222-239)
55450	1694,78	23,5864	GpAGpAGPRGSpGERGE V	Collagen alpha-2(I) chain	CO1A2_HUMAN (700-717)
55484	1695,73	23,1763			
55516	1696,72	23,9499			
55582	1697,74	30,8785	NGApGNDGAKGDAGApG ApG	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (700-719)
55917	1703,84	33,5849	DHDVGSELPPPEGLAL	ProSAAS	Q9UHG2_HUMAN (223-239)
56011	1705,73	40,4367			
56099	1707,81	23,5945			
56139	1708,79	30,5905	pPGEAGKpGEQGVpGDL G	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (651-668)
56493	1716,66	20,1773			
56514	1716,77	27,9978			
56662	1720,69	19,6657			
56806	1723,52	37,744			
56884	1725,59	38,322			
56992	1728,77	36,767			
57265	1732,77	28,1753			
57360	1734,66	19,8976			

57531	1737,78	31,0012	TGSpGSpGPDGKTGPPGpAG	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (541-560)
57537	1737,78	23,7334	NDGApGKNGERGGpGGpGP	Collagen alpha-1(III) chain	CO3A1_HUMAN (586-604)
57888	1746,59	38,2127			
58050	1749,81	30,6146	GPpGEAGKpGEQGVPGD LG	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (650-668)
58084	1750,78	23,8278	GPpGPpGKNGDDGEAGKpG	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (221-239)
58355	1754,9	31,2589			
58633	1761,69	19,3667			
58759	1761,83	21,6467	DGEAGKpGRPGERGPpGP	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (232-249)
58880	1764,68	19,9065			
58941	1765,81	31,0002	GPpGEAGKpGEQGVpGD LG	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (650-668)
59142	1769,71	28,1352			
59149	1769,78	30,9769			
59295	1773,82	34,6048			
59368	1775,79	31,4772	FGASAGTGDLSDNHDIIS	Vesicular integral-membrane protein VIP36	LMAN2_HUMAN (253-270)
59773	1783,79	39,8152			
59928	1788,84	29,8728			
60126	1793,88	32,3738	EEAPSLRPAPPPISGGGY	Fibrinogen beta chain	FIBB_HUMAN (54-71)
60149	1794,8	23,9153	GNDGApGKNGERGGpGGpGP	Collagen alpha-1(III) chain	CO3A1_HUMAN (585-604)
60248	1796,77	30,9215	QGEAGQKGDAGAPGpQGpSG	Collagen alpha-2(I) chain	CO1A2_HUMAN (851-870)
60352	1798,72	36,9482			
60628	1806,83	23,0614			
60751	1807,81	20,6486	SVDETGQmSATAKGRVR	Retinol-binding protein 4	RET4_HUMAN (64-80)
60816	1808,79	23,7176			
60975	1812,79	24,1374			
61192	1816,9	33,7527			
61221	1817,69	20,2344			
61304	1818,83	30,9531	GLpGTGGPpGENGKPGE PGp	Collagen alpha-1(III) chain	CO3A1_HUMAN (642-661)
61332	1819,8	23,3631	ApGAPGGKGDAGApGER GPpG	Collagen alpha-1(III) chain	CO3A1_HUMAN (667-687)
61340	1819,83	32,1253			
61404	1821,83	31,7802			
61405	1821,82	30,1713	GpPGEGRAGEpGTAGpT GpP	Collagen alpha-2(VIII) chain	CO8A2_HUMAN (490-509)
61573	1825,79	20,135	DEAGSEADHEGTHSTKR	Fibrinogen alpha chain	FIBA_HUMAN (605-621)
61576	1825,8	31,931			
61711	1828,85	21,202	SpGRDGSpGAKGDRGET GP	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (1023-1041)
61945	1834,83	31,095	GLpGTGGPpGENGKpGEP Gp	Collagen alpha-1(III) chain	CO3A1_HUMAN (642-661)
61984	1835,71	19,9131			
62000	1835,84	24,0379	ApGApGGKGDAGApGER GPpG	Collagen alpha-1(III) chain	CO3A1_HUMAN (667-687)
62080	1837,8	30,5569			
62256	1841,75	35,6598			
62323	1842,85	24,0672	YSQGSKGPGEFRMATL	Prostaglandin-H2 D-isomerase	PTGDS_HUMAN (132-148)
62547	1847,89	43,6655			
62580	1848,81	30,8099			

62866	1854,82	40,9238			
63098	1858,84	24,2646			
63135	1859,8	31,3884			
63143	1859,83	24,4114	NSGEpGApGSKGDTGAK GEp	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (432-451)
63209	1860,83	21,4001	EGSpGRDGSpGAKGDRG ET	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (1021-1039)
63427	1865,81	32,982	DAGPAGPKGEpGSpGEN GApG	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (279-299)
63517	1867,95	25,1463			
63812	1874,83	30,8238			
63910	1876,87	22,2013	DDGEAGKPGRPGERGP Gp	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (231-249)
64054	1878,79	20,7224			
64067	1878,85	32,1809			
64170	1880,9	43,9095			
64431	1885,65	38,82			
64493	1886,86	27,2961			
64869	1892,77	40,25			
64899	1892,97	24,5581			
65035	1895,07	21,396	SVIDQSRVLNLGPITRK	Uromodulin	UROM_HUMAN (591-607)
65257	1899,85	24,8347			
65312	1900,87	31,9971	ETGPAGRpGEVGPpGPpG PAG	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (912-932)
65368	1901,82	43,8255			
65593	1907,77	23,7801			
66054	1915	33,6261			
66161	1916,77	20,3224			
66197	1916,95	34,193			
67217	1933,88	21,6245	GDDGEAGKPGRpGERGP pGP	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (230-249)
67263	1934,79	19,9423			
67306	1935,81	20,6619			
67462	1938,88	21,3856	kGNDGApGKNGERGGpG GpGP	Collagen alpha-1(III) chain	CO3A1_HUMAN (584-604)
67612	1942,84	30,9624			
67632	1943,01	24,9416	EAIPMSIPPEVKFNKPF	Alpha-1-antitrypsin	A1AT_HUMAN (378-394)
67723	1945,88	41,9013			
67801	1947,88	31,6062			
67951	1950,85	35,7688			
68081	1954,01	32,4121			
68117	1954,97	25,3585	SHTSDSDVPSGVTEVVVK L	Clusterin	CLUS_HUMAN (391-409)
68411	1962,83	21,9701			
68663	1968,88	25,1998	GEpGApGSKGDTGAKGEp GPVG	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (434-455)
69080	1976,88	32,3847			
69681	1989,88	32,4375	SNGNpGPpGPSGSpGKD GPpGP	Collagen alpha-1(III) chain	CO3A1_HUMAN (886-907)
69882	1993,88	32,1852			
69979	1996,79	20,9757			
70456	2008,9	32,2865			
70485	2009,88	32,2918			
70633	2013,89	31,7558	AGpPGPPGppGTSGHpGS pGSpG	Collagen alpha-1(III) chain	CO3A1_HUMAN (176-198)
70635	2013,91	25,1946	NSGEpGApGSKGDTGAK	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (432-453)

			GEpGP		
70803	2017,88	30,7718			
71171	2023,91	21,4813	GEPGGkGERGApGEKGE GGpPG	Collagen alpha-1(III) chain	CO3A1_HUMAN (819-840)
71312	2025,87	32,2255	SEGSpGHpGQpGpPGPP GApGp	Collagen alpha-1(III) chain	CO3A1_HUMAN (1174-1195)
71490	2029,85	20,3904			
71602	2030,93	32,6077	PpGEAGKpGEQGVpGDL GAPGP	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (651-672)
71943	2034,88	19,5206			
72033	2034,94	25,4531			
72048	2035	40,1854			
72343	2042,07	25,1431	EAIPMSIPPEVKFNKPFV	Alpha-1-antitrypsin	A1AT_HUMAN (378-395)
72483	2045,86	34,1702			
72533	2046,92	32,5791	PpGEAGKpGEQGVpGDL GApGP	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (651-672)
72641	2048,93	24,4632			
72896	2055,94	25,438	SGEpGApGSKGDTGAKG EpGPVG	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (433-455)
73010	2058,94	23,1508			
73015	2059,01	33,0804	ELTETGVEAAAASAI SVAR TL	Plasma protease C1 inhibitor	IC1_HUMAN (448-468)
73177	2062,93	26,579	DAGApGAPGGKGDAGAp GERGPpG	Collagen alpha-1(III) chain	CO3A1_HUMAN (664-687)
73291	2064,92	24,4599			
73434	2067,82	20,6208			
73913	2076,95	21,7789	GPpGPpGKNGDDGEAGkp GRPG	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (221-242)
73989	2077,96	22,4848	GDDGEAGKpGRpGERGP pGPQ	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (230-250)
74057	2079	24,6778			
74065	2078,93	26,6715	DAGApGApGGKGDAGAp GERGPpG	Collagen alpha-1(III) chain	CO3A1_HUMAN (664-687)
74187	2080,94	20,201	DAHKSEVAHRFKDLGEEN	Serum albumin	ALBU_HUMAN (25-42)
74273	2081,94	33,6612			
74420	2085,93	22,0672	EGSpGRDGSpGAKGDRG ETGPA	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (1021-1042)
74703	2087,84	19,4213			
74987	2089,96	39,5167			
75248	2096,92	32,9972	GApGNDGAKGDAGApGA pGSQGApG	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (701-725)
75846	2103,96	33,0368	GPpGEAGKpGEQGVpGD LGApGP	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (650-672)
76053	2108,93	32,932			
76086	2109,92	24,069			
76090	2109,96	21,086			
76415	2117,93	32,9682	SNGNpGpPGPSGSPGKD GPpGpAG	Collagen alpha-1(III) chain	CO3A1_HUMAN (886-909)
76636	2124,84	20,3719			
76839	2128,98	26,9686	DGKTGpPGPAGQDGRPG PpGppG	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (550-572)
77018	2133,96	27,7658	DGQPGAKGEpGDAGAKG DAGPPGp	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (820-843)
77099	2135,96	25,8003	GDAGApGApGGKGDAGA pGERGPpG	Collagen alpha-1(III) chain	CO3A1_HUMAN (663-687)
77236	2138,95	24,235			
77684	2148,02	26,0398			
77763	2149,96	27,7553	DGQpGAKGEpGDAGAKG	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (820-843)

			DAGPPGp		
78073	2156,97	22,2173	AEGSpGRDGSpGAKGDR GETGPA	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (1020-1042)
78792	2168,97	32,9057	SDGQpGPpGPpGTAGFpG SpGAKG	Collagen alpha-1(III) chain	CO3A1_HUMAN (328-351)
79136	2175,01	33,2806			
79720	2187,95	39,7827			
79786	2189	26,885	ADGQPGAKGEPGDAGAK GDAGPpGP	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (819-843)
79918	2190,99	25,823			
80012	2191,99	22,3935	NGDDGEAGkPGRpGERG PpGPQ	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (229-250)
80306	2194,97	20,1667	NDGPpGRDQqGpGpGKER GypG	Collagen alpha-2(I) chain	CO1A2_HUMAN (932-952)
80360	2196,02	33,1586			
80829	2203,64	35,2621			
81181	2210,76	37,0638			
81196	2210,95	33,6055	NGApGNDGAKGDAGApG ApGSQGApG	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (700-725)
81272	2211,98	33,2336			
81457	2216,03	33,8306	IGPpGPAGApGDKGESGP SGPAGPTG	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (769-794)
82015	2226,97	33,4565	NGApGNDGAKGDAGApG ApGSQGApG	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (700-725)
82026	2226,99	26,2775	GNSGEpGApGSKGDTGA KGEpGPVG	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (431-455)
82708	2235,05	34,1665	GRTGDAGPVGPPGPpGp pGpPGPPS	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (1169-1193)
82784	2236,98	27,1389			
83081	2243,97	21,1604	DGVSGGEGKGGSDGGG SHRKEGEE	CD99 antigen	CD99_HUMAN (97-120)
83441	2248,97	33,6947			
84164	2257,87	35,9274			
84300	2261,03	27,1527	LQGLpGTGGPpGENGKpG EpGPKG	Collagen alpha-1(III) chain	CO3A1_HUMAN (640-663)
84484	2264,94	43,2938			
84704	2269,03	39,327			
84909	2274,04	33,5062			
85020	2276,02	27,2312	ADGQPGAKGEpGDAGAK GDAGPpGPA	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (819-844)
85076	2277,01	27,2248			
85250	2280,94	36,2186			
85331	2282,02	22,2394	ApGHpGPpGPVGPAGKS GDRGESGP	Collagen alpha-1(III) chain	CO3A1_HUMAN (1045-1069)
85627	2289,04	33,5902			
85761	2292,02	27,2827	ADGQpGAKGEpGDAGAK GDAGPpGPA	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (819-844)
86071	2298,99	27,0777			
86226	2302,9	43,1327			
86354	2305,06	34,9093			
86677	2308,02	27,3371	ADGQpGAKGEpGDAGAK GDAGppGPA	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (819-844)
86951	2314,01	33,6555			
87365	2320,07	20,7338	KNGDDGEAGkPGRpGER GPPGpQ	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (228-250)
87692	2327,91	21,0034			
88093	2336,04	26,6568			
88282	2339	34,0072	GANGApGNDGAKGDAGA	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (698-725)

			pGApGSQGApG		
88972	2349,04	27,3655	GADGQPgAkGEpGDAGA KGDAGPpGPA	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (818-844)
89083	2352,05	26,7539			
89604	2360	33,9228			
89642	2361,11	20,7943	GKNGDDGEAGKpGRpGE RGPpGPQ	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (227-250)
89900	2368,04	26,7503			
90344	2377,1	20,7997	GKNGDDGEAGKpGRpGE RGPpGPQ	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (227-250)
90470	2380,08	36,5109			
90840	2389,24	22,3992	MIEQNTKSPLFMGKVNP TQK	Alpha-1-antitrypsin	A1AT_HUMAN (398-418)
91342	2403,19	24,9373	DDILASPPRLPEPQYPG APHH	Collagen alpha-1(XVIII) chain	COIA1_HUMAN (1534-1555)
91375	2404,02	20,2728			
91542	2407,09	27,6715	LDGAKGDAGPAGPKGEp GSpGENGApG	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (273-299)
91669	2411,08	26,8029			
92029	2414,63	35,6167			
92231	2421	34,8608			
92410	2423,09	27,666	LDGAKGDAGpAGPKGEp GSpGENGApG	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (273-299)
92841	2430,1	28,3281	ADGQPGAKGEpGDAGAK GDAGPpGPAGP	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (819-846)
92871	2430,59	35,5423			
93227	2442,07	34,0967			
93361	2445,1	28,2378	mASDASHALEAALEQMD GIIAGTK	Liprin-beta-2	LIPB2_HUMAN (1-24)
93417	2446,09	28,3726	ADGQpGAKGEpGDAGAK GDAGpPGPAGP	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (819-846)
95084	2490,23	24,6804			
96716	2525,2	27,7364	LRGGAGPpGPEGGKAA GPpGPpGAAGTpG	Collagen alpha-1(III) chain	CO3A1_HUMAN (694-723)
96879	2529,17	26,992			
97349	2541,19	27,8949	KNGETGPQPPGPTGPG GDKGDTGPpGP	Collagen alpha-1(III) chain	CO3A1_HUMAN (610-637)
97463	2544,13	28,2599			
97506	2545,12	28,2016	GPpGADGQpGAKGEpGD AGAKGDAGpPGP	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (815-843)
97599	2547,99	21,4417			
97736	2551,15	34,7151			
97965	2557,17	28,2473	KNGETGPQGPpGPTGPG GDKGDTGPPGp	Collagen alpha-1(III) chain	CO3A1_HUMAN (610-637)
98089	2559,18	19,4074			
98485	2560,12	34,1541			
98596	2563,15	21,2101			
98720	2565,14	23,7401			
98891	2567,13	34,802			
99021	2570,19	42,5602			
99251	2574,01	32,8084			
99475	2577,25	24,6659	DDILASPPRLPEPQYPG APHHSS	Collagen alpha-1(XVIII) chain	COIA1_HUMAN (1534-1557)
99691	2582,17	23,67	PEAEAEAEAGAGGEEAAE EGAAGRKARG	Zinc finger protein 653	ZN653_HUMAN (8-35)
99808	2584,23	35,1828	LTGPIGPPGpAgApGDKG ESGPSGPAGPTG	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (765-794)
99919	2587,2	21,1			

100020	2589,06	22,5622			
100344	2599,19	28,2751	AGPpGApGApGApGPVGP AGKSGDRGETGP	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (1042-1071)
101157	2616,16	28,3947	GpPpGADGQpGAKGEpGD AGAKGDAGpPGPA	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (815-844)
101786	2627,23	34,9933			
101839	2628,22	34,9664			
102269	2638,18	28,4204			
102371	2639,29	21,4189	KEGGKGRGETGPAGRp GEVGpPGPpGP	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (903-930)
102725	2642,21	27,696	QGPpGPSGEEGKRPNP EAGSAGPpGPpG	Collagen alpha-2(I) chain	CO1A2_HUMAN (369-397)
102819	2644,22	21,1526	GPpGKNGDDGEAGKPCR pGERGPpGpQ	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (224-250)
103022	2649,2	34,8471			
103198	2654,19	23,9249			
103224	2655,14	22,3309			
103493	2658,22	19,5022			
104195	2663,2	23,5069			
104786	2679,2	23,5289	NRGERGSEGSPhGQp GppGpPGAPGP	Collagen alpha-1(III) chain	CO3A1_HUMAN (1168-1195)
104954	2682,14	22,4918			
105105	2687,22	28,9855	KDGEAGAQQPpGPAGPA GERGEQGPAGSpG	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (612-641)
105352	2695,2	23,5225	NRGERGSEGSPhGQp GppGPPGAPGp	Collagen alpha-1(III) chain	CO3A1_HUMAN (1168-1195)
105661	2702,21	38,0799			
106067	2713,23	29,2227	PpGADGQpGAKGEpGDA GAKGDAGPpGPAGP	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (816-846)
106195	2716,37	20,1907	LLKNGERIEKVEHSDLSFS KDWS	Beta-2-microglobulin	B2MG_HUMAN (59-81)
106678	2726,25	28,9168	KNGETGPQPPGPTGPG GDKGDTGPpGPQG	Collagen alpha-1(III) chain	CO3A1_HUMAN (610-639)
107198	2736,4	21,2973	FFLPDEGKLQHLENELTH DIITK	Alpha-1-antitrypsin	A1AT_HUMAN (276-298)
107460	2742,25	28,9803	KNGETGPQPPGPTGPG GDKGDTGPpGPQG	Collagen alpha-1(III) chain	CO3A1_HUMAN (610-639)
107858	2751,34	29,2308			
108021	2754,27	29,6794	GPpGADGQpGAKGEpGD AGAKGDAGpPGPAGP	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (815-846)
108574	2764,21	42,6266			
108724	2767,32	21,6729	KEGGKGRGETGPAGRp GEVGpPGPpGPAG	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (903-932)
110052	2799,09	25,0694			
110657	2816,33	28,3966			
110913	2823,33	29,1158	LRGGAGpPGPEGGKGAA GpPGppGAAGTPGLQG	Collagen alpha-1(III) chain	CO3A1_HUMAN (694-726)
111304	2834,19	22,4673			
111426	2837,36	23,8684	IPVKQADSGSSEKQLYN KYPDAVAT	Osteopontin	OSTP_HUMAN (17-42)
111564	2841,26	24,5354	ERGEAGIpGVpGAKGEDG KDGSpGEpGANG	Collagen alpha-1(III) chain	CO3A1_HUMAN (448-477)
112106	2854,36	34,8636			
112515	2864,25	20,1472	GRDGNpGNDGPpGRDGQ pGHKGERGYpG	Collagen alpha-2(I) chain	CO1A2_HUMAN (925-952)
113439	2889,38	28,6515			
113452	2889,35	24,0847			
113765	2898,31	29,2496			
114086	2907,35	35,9551	TGEVGA/GPpGFAGEKG	Collagen alpha-2(I) chain	CO1A2_HUMAN (831-863)

			PSGEAGTAGPpGTpGP		
114438	2917,37	29,038			
114702	2923,43	36,9151			
114823	2926,3	22,2183	ESGREGAPGAEGSpGRD GSpGAKGDRGETGP	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (1011-1041)
115050	2932,32	34,1472			
115312	2939,15	33,7671			
116812	2977,18	19,5232			
117009	2977,37	29,118			
117317	2987,35	38,5457			
117524	2994,38	29,6026			
117823	3002,24	23,8009			
118053	3007,41	20,9513			
118163	3011,39	29,7495	LTGSpGSpGpDGKTGPPG PAGQDGRPGPpGppG	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (540-572)
118224	3013,29	22,2946	ESGREGApGAEGSpGRD GSpGAKGDRGETGPA	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (1011-1042)
118597	3021,35	23,4158	DGVSGGEGKGGSDGGG SHRKEGEEADAPGVIPG	CD99 antigen	CD99_HUMAN (97-129)
119292	3035,19	42,0209			
119660	3044,42	34,2873			
120192	3058,38	24,8236	QNGEPGGKGERGApGEK GEGGppGVAGPpGGSGP	Collagen alpha-1(III) chain	CO3A1_HUMAN (817-850)
120423	3064,32	20,5742	EAGRDGNpGNDGPpGRD GQpGHkGERGYPG	Collagen alpha-2(I) chain	CO1A2_HUMAN (923-952)
121070	3076,23	19,5773			
121413	3080,41	29,9804			
121716	3091,44	28,3964			
121775	3092,46	31,2493	ADGQPGAkGEPGDAGAK GDAGPPGPAGpApPGPI G	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (819-854)
121940	3098,44	30,0554	LTGNpGVQGPpEKLGLPLG ApGEDGRpGpPGSIG	Collagen alpha-2(V) chain	CO5A2_HUMAN (574-606)
121989	3100,42	29,9643			
122216	3106,19	19,5811			
122400	3108,45	31,284	ADGQpGAKGEpGDAGAK GDAGpPGPAGPAGPPGpl G	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (819-854)
122623	3114,43	30,2902			
123106	3130,43	30,8219			
123287	3137,41	30,3462			
123634	3148,28	24,1552			
123750	3152,34	24,5511			
123969	3158,44	29,7137	GERGSpGGpGAAGFpGA RGLpGpPGSNGNPpGpGp	Collagen alpha-1(III) chain	CO3A1_HUMAN (861-895)
124193	3166,27	22,0589			
124735	3187,36	35,6177			
124886	3193,38	22,6436	PpGESGREGAPGAEGSp GRDGSpGAKGDRGETGP	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (1008-1041)
124909	3194,42	30,3977			
125103	3202,43	30,6017	SSQGGSLPSEEKHPQE ESEESNVSMASLGE	Secretogranin-1	SCG1_HUMAN (293-323)
125263	3205,27	19,6576			
125749	3223,31	21,6127			
125799	3223,42	39,1265			
126699	3248,53	30,6604	RTGEVGAVGpPGFAGEK GPSGEAGTAGPPGTpGp	Collagen alpha-2(I) chain	CO1A2_HUMAN (830-865)

			QG		
126982	3256,53	33,0342			
127106	3260,49	41,6176			
127237	3261,5	22,1948			
127354	3264,53	30,6582	RTGEVGAVGpPGFAGEkG PSGEAGTAGPPGTpGpQ G	Collagen alpha-2(I) chain	CO1A2_HUMAN (830-865)
127443	3266,48	30,0713			
127575	3271,49	30,7045	NTGApGSpGVSpkGDA GQpGEKGSPPGAQGP PGp	Collagen alpha-1(III) chain	CO3A1_HUMAN (910-946)
127731	3276,24	33,377			
127848	3280,46	22,7334	pPGESGREGApGAEGSp GRDGSpGAKGDRGETGP A	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (1008-1042)
127852	3280,56	25,8155	AAGEPGKAGERGVpGpp GAVGPAGKDGEAGAQQP pGP	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (588-624)
128086	3286,56	30,9207			
128435	3295,53	25,4528	DRGETGPAGPpGApGAP GAPGPVpGpAGKSGDRGE TGP	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (1035-1071)
128525	3298,46	36,0541			
128650	3302,59	23,2932			
128936	3311,48	24,331	SPGEAGRPGEAGLpGAK GLTGSPGSPGpDGkTGPP GP	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (522-558)
129019	3314,43	20,1405			
129131	3318,55	30,992			
129182	3320,51	24,2533			
129821	3333,36	19,4182			
130044	3336,51	39,3802			
130077	3337,45	22,8134	GPpGESGREGApGAEGS pGRDGSpGAKGDRGETG PA	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (1007-1042)
130432	3349,42	35,8938			
130482	3350,55	31,0174			
130747	3359,58	31,8979	PpGADGQPGAKGepGDA GAKGDAGPpGPAGPAGP pGPIG	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (816-854)
130803	3361,56	24,2435			
131294	3375,57	31,9169			
131548	3384,58	30,8333			
131589	3385,55	25,4887			
131932	3399,35	42,1045			
132014	3400,58	31,185	GPpGADGQPGAKGepGD AGAKGDAGpPGPAGPAG PPGPIG	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (815-854)
132057	3401,66	23,4928			
133168	3432,59	32,0468			
133345	3439,6	39,225			
134053	3462,35	19,3741			
134635	3478,43	41,7414			
135412	3510,6	40,2442			
135676	3520,61	30,7976			
136129	3536,46	20,2362			
136403	3546,67	26,2234			

136697	3556,59	23,9547	FAEEKAVADTRDQADGS RASVDSGSSEEQGGSSR A	Polymeric-immunoglobulin receptor	PIGR_HUMAN (605-639)
136698	3556,6	22,636	EDPQGDAAQKTDTSHHD QDHPTFNKITPNLAE	Alpha-1-antitrypsin	A1AT_HUMAN (25-56)
136789	3559,71	26,5191			
136790	3559,71	24,9213			
137489	3582,7	19,465			
137922	3583,64	41,4711			
138036	3589,68	25,0338			
138067	3590,7	29,0044			
138143	3593,47	20,1962			
138813	3605,57	21,1852			
139064	3616,72	33,188	DQGPVGRTGEVAVGPp GFAGEKGPSGEAGTAGp PGTpGP	Collagen alpha-2(I) chain	CO1A2_HUMAN (824-863)
139455	3630,44	21,7771			
139554	3632,74	33,2296			
140112	3657,67	40,7109			
140570	3677,77	24,4986			
140672	3681,72	32,0178			
140780	3685,83	22,1964	GRPEAQPPPLSSEHKEPV AGDAVPGPKDGSAPVVR GA	Neurosecretory protein VGF	VGF_HUMAN (26-62)
141007	3696,76	26,9428			
141019	3697,56	23,7039			
141109	3701,74	32,4441			
141672	3718,72	32,4816			
142080	3734,72	32,4972			
142141	3737,66	37,205			
143120	3765,6	20,1729			
143333	3774,72	22,9371			
143379	3775,75	25,5852			
143652	3788,82	25,1861			
143947	3801,77	33,4628	DQGPVGRTGEVAVGPp GFAGEKGPSGEAGTAGP pGTpGPQG	Collagen alpha-2(I) chain	CO1A2_HUMAN (824-865)
144344	3817,79	33,5359			
144635	3831,81	28,4845			
145238	3858,84	25,8539			
145479	3871,79	27,5695			
146624	3927,82	33,5971			
146936	3943,83	33,6285			
146964	3944,71	24,5544			
147000	3945,91	22,0304			
147376	3959,69	19,9025			
147541	3968,6	21,0938			
148086	3986,65	20,6016			
148557	4002,62	20,6566			
148717	4008,81	23,4219			
149142	4025,6	20,784			
149624	4043,64	20,3849			
149760	4044,92	26,3671			
150139	4059,65	20,4488			
150441	4062,8	33,1373			

150781	4078,81	33,1371			
151244	4097,87	24,6106			
152744	4160,92	25,8191			
152967	4169,93	33,5832	ERGEQGPAGSpGFQGLp GpAGppGEAGKpGEQGVp GDLGAPGPSG	Collagen alpha-1(I) chain	CO1A1_HUMAN (630-674)
153832	4196,75	20,8379			
155132	4251,98	28,7652			
156081	4289,93	28,7838	ARGNDGARGSDGQpGpp GPPGTAGFPpGSpGAKGE VGpAGSpGSNGApG	Collagen alpha-1(III) chain	CO3A1_HUMAN (319-366)
156445	4305,94	28,8296	ARGNDGARGSDGQpGpP GpPpGTAGFpGSpGAKGEV GpAGSpGSNGApG	Collagen alpha-1(III) chain	CO3A1_HUMAN (319-366)
156878	4321,94	25,1991	LQGLpGTGGppGENGKpG EpGpKGDAGAPGAPGGK GDAGAPGERGppG	Collagen alpha-1(III) chain	CO3A1_HUMAN (640-687)
157882	4352,86	20,1681			
158341	4368,9	20,2129			
159259	4404,84	20,6659			
159396	4409,89	20,001			
160089	4436,08	26,3177			
167786	4771,07	20,1987			
173077	5213,09	22,4341			
174387	5427,17	22,935			
174987	5511,28	22,4639			
175094	5528,35	28,0044			
175343	5574,25	23,2009			
177848	6211,74	20,2851			
177971	6236,91	21,066			
178819	6541,76	20,6784			
179035	6650,64	25,5371			
181018	7906,95	19,5282			
181250	7958,47	34,3896			
184099	8853,77	21,097			
184206	8917,25	22,5451			
186609	10999,9	21,3719			
188895	11967,6	20,4687			
190524	14109,5	21,9308			

Die Auswertung der gemessenen Polypeptide kann anhand der An- oder Abwesenheit und/oder Amplitude der Marker unter Berücksichtigung der folgenden Grenzwerte erfolgen:

5

Tabelle 2:

ID	Masse [Da]	CE-Zeit [min]	Frequenz HI	log mean Amp.(median) HI	Frequenz Kontrolle	log mean Amp.(median) Kontrolle	wilcox-p-value	AUC
912	826,201	33,4119	0,16	1.69(1.53)	0,35	1.88(1.89)	0,0014626820	0,6017219
1495	838,401	35,0611	0,16	1.05(0.92)	0,36	2.37(2.43)	0,0000578108	0,6294643

1577	840,407	23,1656	0,15	1.88(1.93)	0,5	2.02(1.94)	0,0000002388	0,6786777
2505	858,393	23,2367	0,34	1.86(1.76)	0,76	2.32(2.31)	0,0000000000	0,7605761
2659	860,362	26,1404	0,26	1.94(1.93)	0,71	2.50(2.59)	0,0000000000	0,7713648
3052	868,409	23,312	0,4	1.76(1.74)	0,57	2.11(2.09)	0,0004526336	0,6354698
3472	875,477	21,9392	0,15	1.81(1.92)	0,33	1.86(1.96)	0,0036423950	0,5908801
3608	879,499	19,881	0,23	1.83(1.72)	0,36	2.04(2.09)	0,0179793000	0,5796662
3743	883,41	23,2563	0,21	1.84(1.93)	0,47	1.97(2.01)	0,0000979105	0,6367453
3796	884,292	43,8066	0,29	1.67(1.58)	0,41	2.01(1.92)	0,0232707000	0,5800383
4730	898,315	26,0488	0,17	2.13(2.20)	0,36	2.16(2.15)	0,0030872610	0,5959290
4845	900,269	43,6572	0,28	2.25(2.11)	0,42	2.42(2.32)	0,0211585300	0,5813138
4976	902,413	20,8458	0,76	2.52(2.56)	0,9	2.67(2.74)	0,0005812378	0,6426446
5184	906,179	34,2619	0,33	1.88(1.83)	0,14	2.24(2.30)	0,0065992270	0,5835459
5661	911,265	34,3452	0,89	2.61(2.65)	0,89	3.00(3.20)	0,0005765453	0,6430166
5675	911,435	25,8763	0,29	2.15(2.26)	0,85	2.59(2.58)	0,0000000000	0,8384354
6803	928,372	35,4637	0,29	1.53(1.61)	0,44	1.94(1.91)	0,0024665110	0,6082058
7408	935,447	23,6811	0,05	1.51(1.54)	0,46	2.02(1.95)	0,0000000000	0,7118410
7953	940,438	25,1411	0,35	1.90(1.83)	0,15	1.71(1.65)	0,0005914545	0,6082058
8390	945,416	25,7221	0,34	1.97(1.96)	0,51	2.12(2.18)	0,0048398870	0,6052827
8503	947,473	24,741	0,19	1.85(1.77)	0,48	2.35(2.34)	0,0000009481	0,6712372
8695	949,219	34,3333	0,46	2.65(2.71)	0,38	2.81(2.81)	0,0260201500	0,5829082
8725	949,404	25,7932	0,04	1.95(1.86)	0,17	2.21(2.27)	0,0260007250	0,5821642
9930	963,491	21,8073	0,34	2.04(2.09)	0,48	2.15(2.16)	0,0260012500	0,5823767
11282	980,5	22,4055	0,26	1.75(1.76)	0,48	2.00(2.05)	0,0000983538	0,6397747
11413	981,585	24,7955	0,49	2.34(2.36)	0,85	2.75(2.79)	0,0000000000	0,7746599
12264	992,416	20,3967	0,19	1.98(1.95)	0,41	2.03(2.05)	0,0010773760	0,6100659
12380	994,434	25,0743	0,29	1.95(1.92)	0,47	2.10(2.15)	0,0034709100	0,6057611
12434	995,386	25,1088	0,5	2.23(2.31)	0,23	2.00(2.03)	0,0000256872	0,6510417
12993	1009,41	20,9807	0,08	1.79(1.77)	0,32	1.94(1.89)	0,0000186629	0,6245748
12998	1009,45	27,2678	0,14	1.99(2.02)	0,44	2.15(2.17)	0,0000038202	0,6536990
13145	1012,5	35,0293	0,12	1.70(1.78)	0,39	2.08(2.18)	0,0000053017	0,6444515
13342	1016,45	25,7851	0,87	2.71(2.74)	0,97	3.10(3.12)	0,0000000115	0,7371918
13429	1018,46	24,5356	0,28	2.07(2.10)	0,45	2.19(2.27)	0,0074764750	0,5956101
13746	1025,47	24,9959	0,14	2.28(2.19)	0,3	2.11(2.12)	0,0139927000	0,5742985
13747	1025,46	25,5952	0,35	2.25(2.26)	0,54	2.32(2.39)	0,0032285030	0,6113946
14047	1032,45	25,8974	0,44	2.02(2.03)	0,66	2.29(2.33)	0,0000143904	0,6717156
14071	1032,5	21,2104	0,52	2.72(2.71)	0,71	2.92(2.96)	0,0013129670	0,6296769
14478	1040,48	25,0502	0,36	2.28(2.30)	0,74	2.34(2.39)	0,0000001908	0,7061543
14751	1046,43	27,6437	0,17	1.74(1.83)	0,4	1.79(1.88)	0,0004685956	0,6156463
14763	1046,51	25,3545	0,13	2.26(2.03)	0,34	2.18(2.06)	0,0006594612	0,6056016
14906	1050,48	26,9248	0,37	2.15(2.11)	0,82	2.69(2.71)	0,0000000000	0,8186650
15216	1058,48	24,893	0,49	2.82(2.90)	0,13	2.13(1.77)	0,0000000066	0,6974915
15296	1060,38	38,31	0,31	1.76(1.77)	0,51	1.98(1.97)	0,0008959117	0,6228741

15561	1065,5	25,4545	0,04	1.76(1.76)	0,34	2.01(1.95)	0,0000000626	0,6542304
15776	1068,45	24,7645	0,96	3.25(3.29)	0,97	3.40(3.42)	0,0026429760	0,6250000
15887	1069,47	26,332	0,44	1.99(1.99)	0,57	2.26(2.24)	0,0012853300	0,6254783
16059	1071,49	21,4307	0,24	2.01(1.96)	0,56	2.11(2.10)	0,0000030793	0,6719813
16168	1073,32	35,3213	0,95	3.46(3.56)	0,94	3.73(3.81)	0,0034182630	0,6217049
16773	1080,48	27,7698	0,09	1.82(1.83)	0,46	2.13(2.12)	0,0000000031	0,6934524
16779	1080,5	25,6942	0,17	2.13(2.11)	0,39	2.19(2.22)	0,0008354786	0,6097470
16976	1084,43	25,2328	0,92	3.06(3.07)	0,95	3.27(3.36)	0,0000463093	0,6693240
17045	1085,42	20,7743	0,1	2.40(2.44)	0,38	2.86(2.83)	0,0000021539	0,6468963
17694	1096,48	26,0757	0,67	3.19(3.24)	0,94	3.67(3.69)	0,0000000002	0,7645621
17830	1097,5	25,4051	0,39	2.38(2.47)	0,17	2.11(2.19)	0,0001983307	0,6222364
17899	1098,52	20,8911	0,15	2.18(2.25)	0,31	1.99(1.97)	0,0177592900	0,5729167
17968	1099,49	28,2422	0,62	2.27(2.29)	0,91	2.85(2.86)	0,0000000000	0,8322173
18029	1100,5	37,0367	0,26	1.90(1.94)	0,42	2.20(2.17)	0,0040025990	0,6005527
18077	1101,47	22,2691	0,23	2.26(2.27)	0,46	2.18(2.19)	0,0028490630	0,6052296
18358	1107,43	25,1418	0,33	2.21(2.18)	0,17	2.27(2.31)	0,0154108000	0,5763180
18604	1110,39	33,6302	0,45	2.65(2.64)	0,64	2.68(2.77)	0,0032576420	0,6162840
18833	1113,46	27,2996	0,61	2.27(2.30)	0,73	2.49(2.53)	0,0007189701	0,6380740
18939	1114,48	24,2135	0,39	2.29(2.31)	0,58	2.29(2.36)	0,0103347600	0,5990646
18943	1114,49	25,5545	0,82	3.00(3.10)	0,93	3.51(3.57)	0,0000000137	0,7357568
18988	1115,5	21,5669	0,07	2.52(2.55)	0,39	2.42(2.46)	0,0000003678	0,6550276
19046	1116,53	20,8514	0,31	2.20(2.16)	0,18	2.06(1.96)	0,0241794300	0,5704719
19137	1118,49	37,7593	0,13	2.16(2.09)	0,32	2.17(2.11)	0,0018648940	0,5948661
19284	1121,5	27,6767	0,05	1.89(1.53)	0,35	2.17(2.17)	0,0000001361	0,6533801
19655	1126,51	25,5171	0,41	2.10(2.07)	0,16	2.27(2.35)	0,0006699383	0,6124575
19773	1128,39	33,592	0,78	3.03(3.03)	0,83	3.31(3.40)	0,0000073382	0,6856930
19791	1128,49	25,6493	0,29	2.22(2.23)	0,46	2.37(2.41)	0,0045957760	0,6021471
19828	1129,46	27,9149	0,35	2.07(2.04)	0,69	2.39(2.45)	0,0000000036	0,7308673
19871	1130,34	35,393	0,53	2.54(2.68)	0,64	2.83(2.93)	0,0024305540	0,6213861
20072	1134,58	23,6558	0,54	2.31(2.28)	0,68	2.48(2.49)	0,0042056510	0,6153805
20204	1137,51	26,4263	0,11	2.01(1.79)	0,3	1.97(1.96)	0,0012198260	0,5950787
20457	1138,59	19,5068	0,19	2.05(1.98)	0,39	2.13(2.11)	0,0023397780	0,6012436
20659	1139,49	20,9651	0,33	2.58(2.38)	0,55	2.78(2.89)	0,0007335665	0,6273384
20700	1140,52	25,3846	0,22	2.05(2.04)	0,46	2.18(2.25)	0,0002634452	0,6280825
20750	1141,52	24,5065	0,4	2.17(2.14)	0,55	2.39(2.39)	0,0028613190	0,6146365
20756	1141,54	37,3328	0,35	2.12(2.19)	0,48	2.34(2.43)	0,0116587200	0,5936437
20862	1143,52	36,9674	0,31	2.01(1.97)	0,6	2.37(2.39)	0,0000007429	0,6882440
20896	1144,36	35,4858	0,11	1.85(1.82)	0,3	2.13(2.19)	0,0004876671	0,6025191
21641	1155,49	20,8473	0,28	2.30(2.29)	0,51	2.30(2.35)	0,0010064690	0,6203763
21747	1157,54	37,4441	0,62	2.52(2.52)	0,69	2.91(2.95)	0,0016402660	0,6281888
21972	1160,36	35,6006	0,89	3.07(3.07)	0,93	3.24(3.29)	0,0013345280	0,6333440
22089	1162,54	20,112	0,4	2.22(2.22)	0,57	2.37(2.40)	0,0019359780	0,6197385

22725	1171,51	29,1847	0,17	1.73(1.84)	0,46	2.07(2.06)	0,0000019286	0,6629464
22835	1173,53	37,4904	0,26	2.07(2.02)	0,46	2.27(2.21)	0,0006329833	0,6215986
23224	1178,39	20,7118	0,26	2.34(2.33)	0,56	2.49(2.48)	0,0000059388	0,6675170
23356	1179,52	37,4916	0,27	2.58(2.54)	0,32	2.77(2.76)	0,0000030780	0,6796344
23409	1180,52	35,6997	0,23	2.39(2.40)	0,58	2.54(2.61)	0,0000002173	0,6917517
23423	1180,54	25,6232	0,08	1.86(1.76)	0,31	1.90(1.83)	0,0000448896	0,6175595
23518	1182,55	28,273	0,12	1.77(1.83)	0,55	2.00(2.00)	0,0000000000	0,7296981
23628	1184,56	26,4035	0,18	1.97(1.91)	0,45	2.01(2.00)	0,0000751756	0,6355230
23697	1186,53	22,3938	0,45	2.56(2.57)	0,89	2.83(2.87)	0,0000000000	0,7924107
23724	1187,36	35,6892	0,48	2.90(2.88)	0,82	3.01(3.03)	0,0000019271	0,6936118
23968	1191,52	36,1767	0,23	2.02(1.97)	0,46	2.35(2.38)	0,0002070619	0,6308461
24113	1194,55	29,2014	0,15	1.93(1.98)	0,33	2.02(2.14)	0,0024175350	0,5948129
24168	1195,48	37,5052	0,26	2.64(2.73)	0,24	3.00(3.02)	0,0117030075	0,5953975
24291	1196,33	36,1119	1	4.28(4.35)	1	4.37(4.40)	0,0209884800	0,5959821
24308	1196,52	21,0014	0,4	2.78(2.92)	0,6	2.76(2.98)	0,0064923460	0,6058673
24449	1199,58	21,9516	0,63	2.55(2.57)	0,76	2.67(2.71)	0,0058900600	0,6128827
24510	1200,54	24,1426	0,55	3.47(3.54)	0,66	3.78(3.85)	0,0007539335	0,6356293
24660	1203,57	26,7602	0,13	1.84(1.80)	0,41	2.07(2.08)	0,0000041767	0,6491815
24958	1209,53	26,1548	0,43	2.54(2.59)	0,69	2.67(2.74)	0,0000464642	0,6617772
25053	1211,54	25,8213	0,26	2.20(2.18)	0,46	1.98(1.91)	0,0162144000	0,5855655
25099	1212,56	21,204	0,26	2.14(2.19)	0,44	2.15(2.21)	0,0095533380	0,5914116
25294	1215,43	27,5883	0,1	2.24(2.26)	0,42	2.72(2.76)	0,0000001331	0,6685799
25295	1215,45	26,8785	0,21	2.73(2.73)	0,43	2.85(2.87)	0,0007649960	0,6158057
25363	1216,54	24,2435	0,82	2.84(2.84)	0,77	3.15(3.14)	0,0124830400	0,6034226
25429	1217,53	35,7806	0,26	2.95(3.00)	0,43	3.25(3.34)	0,0050767050	0,5983737
25866	1223,55	27,457	0,27	2.22(2.24)	0,51	2.09(2.14)	0,0021463770	0,6119260
26098	1225,32	35,6881	0,46	2.46(2.52)	0,3	2.35(2.53)	0,0219019800	0,5832802
26163	1226,53	21,0162	0,58	2.67(2.59)	0,83	2.77(2.86)	0,0000251304	0,6729379
26412	1231,42	21,5127	0,14	2.52(2.45)	0,4	2.59(2.66)	0,0000686967	0,6290391
26670	1235,56	26,6462	0,5	2.76(2.70)	0,57	3.34(3.32)	0,0003005027	0,6425914
26879	1238,56	21,1369	0,2	2.35(2.35)	0,43	2.23(2.24)	0,0024420830	0,6037415
27350	1247,52	22,0008	0,79	3.00(3.03)	0,98	3.06(3.09)	0,0008800471	0,6381803
27742	1251,62	22,5253	0,21	2.47(2.47)	0,42	2.41(2.43)	0,0038828430	0,5988520
28005	1255,48	35,7697	0,41	2.94(3.04)	0,45	2.80(2.90)	0,0032727805	0,6118463
28103	1257,44	33,9189	0,89	3.49(3.52)	0,91	3.63(3.73)	0,0026627180	0,6248406
28132	1257,64	19,9186	0,42	2.82(2.83)	0,06	2.41(2.56)	0,0000000055	0,6821854
28281	1260,56	21,8281	0,67	2.71(2.72)	0,58	2.54(2.52)	0,0230625500	0,5920493
28385	1262,47	38,233	0,19	2.41(2.50)	0,43	2.27(2.29)	0,0014743870	0,6082589
28466	1263,54	22,7286	0,37	2.61(2.66)	0,83	2.68(2.79)	0,0000000002	0,7566964
28561	1265,59	27,0867	0,49	3.20(3.31)	0,81	3.74(3.76)	0,0000000000	0,7761480
28669	1267,54	21,1725	0,15	2.43(2.42)	0,38	2.35(2.36)	0,0008854221	0,6070366
28747	1268,57	27,2482	0,95	3.83(3.98)	0,93	3.61(3.68)	0,0035170740	0,6213329

28850	1270,55	29,3808	0,15	2.13(2.10)	0,39	2.21(2.21)	0,0001818892	0,6213329
29279	1276,4	35,9233	0,97	3.51(3.55)	0,98	3.62(3.70)	0,0215629100	0,5955570
29538	1281,59	27,0902	0,26	2.33(2.35)	0,49	2.27(2.34)	0,0022367390	0,6101722
29685	1283,55	27,2665	0,17	2.14(2.11)	0,5	2.29(2.28)	0,0000004753	0,6759141
29823	1286,42	36,407	0,15	1.80(1.79)	0,35	1.85(1.90)	0,0010921080	0,6036352
29840	1286,54	29,4051	0,15	2.05(2.06)	0,36	1.97(1.99)	0,0018470090	0,5995429
29906	1287,59	21,8737	0,49	2.79(2.81)	0,75	2.72(2.76)	0,0054309300	0,6123512
30136	1292,39	36,1593	0,26	2.18(2.17)	0,4	2.28(2.31)	0,0174105900	0,5822704
30524	1296,61	21,6926	0,34	2.41(2.35)	0,19	2.12(2.04)	0,0092001500	0,5838648
30575	1297,58	27,365	0,33	3.02(3.08)	0,85	3.07(3.14)	0,0000000000	0,7771046
30699	1299,58	22,3818	0,39	2.50(2.55)	0,84	2.52(2.55)	0,0000000030	0,7392645
31275	1310,59	21,3883	0,11	2.07(2.05)	0,33	1.97(1.92)	0,0003532994	0,6079932
31480	1312,55	29,7677	0,89	3.08(3.12)	0,95	3.31(3.32)	0,0000001045	0,7210353
31524	1312,62	20,0087	0,21	2.54(2.54)	0,45	2.38(2.33)	0,0028320880	0,6037946
32022	1319,58	20,8863	0,16	2.23(2.26)	0,41	2.25(2.28)	0,0001966677	0,6230867
32171	1321,59	28,371	0,97	3.77(3.87)	0,96	4.16(4.20)	0,0000859358	0,6632653
32336	1324,57	21,266	0,13	2.41(2.34)	0,39	2.47(2.53)	0,0000459736	0,6302615
32343	1324,59	28,7015	0,23	2.36(2.20)	0,39	2.47(2.52)	0,0201334700	0,5791348
32470	1326,55	29,2043	0,35	2.17(2.20)	0,72	2.44(2.45)	0,0000000017	0,7372449
32471	1326,56	27,1105	0,19	2.95(2.96)	0,39	2.82(2.84)	0,0120913800	0,5834928
32481	1326,57	21,6723	0,17	2.27(2.30)	0,4	2.10(2.11)	0,0019720600	0,6023065
32823	1332,54	21,7375	0,43	2.86(2.86)	0,15	2.44(2.30)	0,0000020462	0,6579507
32874	1333,42	36,108	0,46	2.17(2.26)	0,7	2.19(2.25)	0,0016362000	0,6259035
33135	1338,6	23,9878	0,83	2.68(2.73)	0,7	2.57(2.63)	0,0101057300	0,6062394
33209	1339,6	27,4859	0,45	2.17(2.21)	0,65	2.26(2.29)	0,0012040470	0,6281888
33238	1340,6	28,3984	0,3	2.07(2.09)	0,49	1.96(1.95)	0,0210689400	0,5844494
33812	1352,56	29,7655	0,23	2.04(2.00)	0,63	2.21(2.22)	0,0000000171	0,7113095
33938	1353,59	21,483	0,68	2.70(2.73)	0,56	2.45(2.43)	0,0009135419	0,6341412
33973	1353,66	25,6316	0,68	2.38(2.41)	0,89	2.56(2.61)	0,0000015715	0,6986076
34009	1354,62	35,7097	0,34	2.44(2.49)	0,03	2.41(2.32)	0,0000000548	0,6532207
34017	1354,64	22,1393	0,37	2.29(2.29)	0,19	2.08(2.08)	0,0020464320	0,6012968
34267	1359,61	23,1947	0,19	2.26(2.31)	0,44	2.13(2.14)	0,0011500350	0,6112883
34339	1361,63	21,9874	0,42	2.80(2.84)	0,73	2.66(2.68)	0,0015877640	0,6260629
34432	1363,43	36,3375	0,98	3.26(3.30)	1	3.38(3.38)	0,0076121000	0,6109694
34766	1367,64	38,8826	0,72	2.54(2.60)	0,81	2.71(2.74)	0,0113675900	0,6045918
35204	1375,61	23,245	0,23	2.21(2.29)	0,57	2.17(2.19)	0,0000129376	0,6607674
35339	1378,61	28,822	0,95	3.26(3.29)	1	3.50(3.50)	0,0000000000	0,7731718
35424	1380,64	23,8305	0,51	2.47(2.49)	0,49	2.31(2.37)	0,0040088845	0,6776946
35550	1383,64	38,9402	0,15	2.17(2.18)	0,32	2.12(2.22)	0,0080177690	0,5822173
35979	1390,44	36,9459	0,97	4.29(4.31)	0,96	4.47(4.48)	0,0050406960	0,6166029
36500	1399,62	28,7444	0,18	2.10(2.15)	0,33	2.24(2.24)	0,0096953840	0,5826956
36566	1401,38	36,5567	0,2	2.74(2.85)	0,23	2.80(3.14)	0,0123441870	0,5840508

36586	1401,66	40,0387	0,23	2.28(2.29)	0,45	1.95(1.97)	0,0149929900	0,5854060
36759	1405,61	39,0354	0,42	2.71(2.76)	0,44	2.63(2.67)	0,0074969616	0,6299692
36769	1405,64	20,1391	0,19	2.35(2.39)	0,52	2.45(2.45)	0,0000009332	0,6745323
36868	1407,66	37,2292	0,34	2.16(2.23)	0,6	2.38(2.45)	0,0000138609	0,6666135
36988	1408,66	39,1338	0,47	2.46(2.57)	0,67	2.62(2.74)	0,0016949570	0,6251063
37056	1409,58	22,0427	0,96	3.96(4.00)	1	4.03(4.04)	0,0080274110	0,6102253
37124	1410,62	19,897	0,2	2.13(2.14)	0,36	2.21(2.16)	0,0109983100	0,5840774
37340	1415,64	23,5532	0,34	2.31(2.38)	0,05	2.07(2.03)	0,0000004340	0,6455676
37603	1421,49	37,0163	0,16	2.45(2.51)	0,35	2.43(2.42)	0,0031188770	0,5944940
37610	1421,59	38,7131	0,09	1.93(1.94)	0,18	1.80(1.76)	0,0138518835	0,5939626
37662	1422,6	21,7229	0,82	3.49(3.56)	0,99	3.47(3.46)	0,0245848900	0,5934311
37903	1424,66	39,2996	0,86	2.93(2.94)	0,98	3.18(3.22)	0,0000149198	0,6799532
37949	1425,59	22,3178	0,84	3.46(3.40)	0,98	3.56(3.62)	0,0001700346	0,6562500
38011	1426,64	22,4206	0,09	1.97(1.82)	0,36	2.09(2.20)	0,0000039479	0,6406781
38586	1435,51	19,7504	0,08	1.97(2.06)	0,34	2.29(2.30)	0,0000039634	0,6369048
38752	1438,45	36,7639	0,95	3.67(3.70)	1	3.82(3.81)	0,0017528780	0,6301020
38780	1438,66	30,2014	0,21	2.45(2.55)	0,54	2.43(2.52)	0,0000075611	0,6619898
38790	1438,66	22,0085	0,45	2.54(2.59)	0,33	2.25(2.20)	0,0182506400	0,5864158
38798	1438,67	27,8755	0,88	3.38(3.47)	1	3.58(3.60)	0,0000188571	0,6778274
38879	1439,66	29,8171	0,6	2.59(2.40)	0,44	2.25(2.21)	0,0020986910	0,6206420
38910	1440,56	24,3004	0,3	2.56(2.63)	0,63	2.48(2.52)	0,0000598345	0,6530612
38951	1440,66	39,2845	0,4	2.38(2.32)	0,56	2.51(2.54)	0,0084365000	0,6015094
39064	1442,63	27,6328	0,55	2.55(2.60)	0,32	2.04(1.99)	0,0000119912	0,6650723
39275	1445,62	37,359	0,28	2.34(2.42)	0,28	2.58(2.72)	0,0255921700	0,5786565
39322	1446,64	39,4279	0,37	2.90(2.89)	0,28	3.06(3.26)	0,0255586050	0,5734216
39607	1447,7	19,4724	0,57	2.55(2.60)	0,71	2.66(2.75)	0,0225749800	0,5925808
40091	1449,64	21,8561	0,95	3.57(3.58)	0,99	3.79(3.80)	0,0000873287	0,6631059
40294	1452,66	23,6065	0,68	2.66(2.68)	0,65	2.46(2.50)	0,0240458800	0,5920493
40487	1457,6	21,9348	0,16	2.37(2.53)	0,44	2.23(2.25)	0,0001140187	0,6298895
40541	1458,63	27,9416	0,22	2.46(2.52)	0,41	2.23(2.31)	0,0150628200	0,5832270
40737	1462,62	39,4214	0,47	2.97(3.08)	0,34	3.29(3.41)	0,0075314231	0,6511480
41434	1466,65	28,5188	0,35	2.33(2.26)	0,72	2.55(2.65)	0,0000000262	0,7190689
41471	1467,67	21,2878	0,37	2.48(2.40)	0,57	2.54(2.55)	0,0030419290	0,6136267
41601	1469,67	23,6936	0,94	3.41(3.46)	0,99	3.41(3.41)	0,0022747760	0,6135204
41665	1470,68	21,0804	0,24	2.04(2.11)	0,48	2.02(1.99)	0,0015076230	0,6134141
41972	1478,61	39,3027	0,47	2.42(2.49)	0,42	2.53(2.61)	0,0007689901	0,6213595
42188	1483,66	22,586	0,11	2.54(2.47)	0,36	2.70(2.75)	0,0000303571	0,6293048
42216	1483,7	20,6531	0,43	2.64(2.60)	0,65	2.59(2.58)	0,0100821900	0,6015094
42378	1486,68	21,1523	0,37	2.39(2.46)	0,7	2.51(2.49)	0,0000022721	0,6861182
42404	1487,65	29,6217	0,38	2.43(2.47)	0,75	2.69(2.78)	0,0000000020	0,7386267
42594	1491,74	39,8339	0,55	2.37(2.40)	0,71	2.62(2.65)	0,0004114142	0,6430697
42722	1493,63	21,8415	0,27	2.41(2.38)	0,5	2.35(2.34)	0,0021249810	0,6116071

42776	1494,66	30,3993	0,49	2.31(2.33)	0,72	2.35(2.36)	0,0013611540	0,6289328
42866	1496,68	30,3745	0,23	2.26(2.24)	0,57	2.16(2.14)	0,0000141857	0,6600234
42867	1496,63	22,3363	0,2	2.54(2.49)	0,39	2.26(2.23)	0,0251830900	0,5749362
43226	1503,66	29,682	0,11	1.83(1.94)	0,31	2.19(2.13)	0,0002778785	0,6078869
43442	1507,74	40,0239	0,93	3.08(3.11)	0,94	3.24(3.27)	0,0121397400	0,6042730
43543	1508,68	29,3327	0,59	3.09(3.26)	0,93	3.35(3.43)	0,0000000016	0,7491497
43605	1509,79	29,5021	0,5	3.66(3.69)	0,2	3.57(3.48)	0,0000210746	0,6506696
43828	1512,69	26,6212	0,45	2.21(2.22)	0,26	2.00(2.01)	0,0009446625	0,6176658
43851	1513,44	36,7892	0,17	2.57(2.71)	0,47	2.44(2.44)	0,0000464513	0,6401467
43863	1513,63	29,5129	0,03	2.18(2.06)	0,3	2.09(2.09)	0,0000004916	0,6351509
44146	1518,6	19,3715	0,16	2.35(2.31)	0,47	2.46(2.50)	0,0000030478	0,6597577
44464	1521,69	30,5282	0,27	2.11(2.16)	0,54	2.14(2.18)	0,0001171246	0,6420068
44592	1523,67	21,9661	0,81	3.58(3.61)	0,85	3.72(3.79)	0,0006406686	0,6415816
44633	1523,84	29,7538	0,36	3.01(3.00)	0,63	3.05(3.06)	0,0004456704	0,6359481
44679	1524,65	20,0263	0,58	2.69(2.69)	0,9	2.76(2.80)	0,0000037168	0,6905825
44802	1526,69	23,9186	0,44	2.26(2.27)	0,57	2.03(1.99)	0,0250716150	0,5838117
45021	1532,62	26,3459	0,27	2.71(2.77)	0,33	2.37(2.34)	0,0249947450	0,5750691
45243	1535,68	22,0021	0,13	2.72(2.72)	0,4	2.51(2.45)	0,0001166257	0,6240434
45980	1552,5	37,2147	0,9	3.34(3.36)	0,97	3.45(3.48)	0,0023851090	0,6262755
46091	1554,66	28,5929	0,18	2.06(2.05)	0,51	2.02(2.02)	0,0000078191	0,6576318
46184	1556,74	40,0323	0,1	2.13(2.15)	0,48	2.36(2.33)	0,0000000029	0,6974915
46338	1560,58	21,7691	0,31	2.56(2.55)	0,68	2.67(2.64)	0,0000002077	0,7009991
46369	1560,7	29,7854	0,35	2.18(2.06)	0,44	2.34(2.32)	0,0020891023	0,6579241
46542	1561,45	36,9566	0,5	2.42(2.49)	0,68	2.52(2.53)	0,0041779970	0,6148491
46606	1562,69	22,4615	0,56	3.15(3.19)	0,72	3.15(3.23)	0,0186428400	0,5955038
46725	1564,72	28,37	0,33	2.10(2.08)	0,57	1.92(1.92)	0,0150134700	0,5922619
46756	1565,69	26,3032	0,66	2.46(2.46)	0,72	2.10(2.14)	0,0016225150	0,6290923
47285	1575,75	30,1998	0,4	2.28(2.30)	0,22	2.14(1.99)	0,0042637120	0,5973108
47402	1576,67	43,3003	0,52	3.33(3.34)	0,32	3.35(3.49)	0,0194634200	0,5873193
47855	1576,74	19,5079	0,43	2.58(2.56)	0,66	2.69(2.77)	0,0004905807	0,6377551
48394	1583,7	23,2678	0,51	2.57(2.60)	0,79	2.62(2.66)	0,0001287317	0,6557185
48417	1584,51	37,4959	0,65	2.50(2.50)	0,82	2.53(2.55)	0,0202491900	0,5956633
48520	1586,74	28,8819	0,44	2.30(2.31)	0,69	2.19(2.22)	0,0235215000	0,5901361
48580	1588,71	30,1503	0,57	2.65(2.67)	0,79	2.79(2.87)	0,0001973546	0,6522109
48751	1592,7	22,1803	0,37	2.69(2.75)	0,83	2.65(2.63)	0,0000000180	0,7262968
49122	1592,73	19,5192	0,27	2.37(2.37)	0,57	2.44(2.46)	0,0000159179	0,6607143
49243	1593,69	22,3763	0,16	2.43(2.33)	0,48	2.29(2.31)	0,0000101356	0,6518920
49295	1594,73	23,0529	0,81	2.71(2.74)	0,81	2.41(2.43)	0,0003126345	0,6493410
49334	1595,69	20,1503	0,31	2.63(2.65)	0,53	2.53(2.52)	0,0094888380	0,5966199
49608	1602,74	28,9718	0,54	2.29(2.29)	0,74	2.37(2.37)	0,0018234020	0,6265412
49713	1604,73	30,3377	0,11	2.33(2.27)	0,36	2.16(2.18)	0,0000922588	0,6212266
49948	1608,68	22,349	0,3	2.47(2.46)	0,73	2.30(2.34)	0,0000012871	0,6890944

49958	1608,73	30,9321	0,34	2.61(2.62)	0,85	2.66(2.68)	0,0000000000	0,7680697
50008	1609,75	30,2043	0,35	2.63(2.73)	0,56	2.70(2.82)	0,0016678800	0,6195791
50056	1610,87	30,2917	0,58	3.31(3.33)	0,4	3.21(3.22)	0,0043033220	0,6105442
50172	1612,76	23,3804	0,2	2.29(2.25)	0,4	2.10(2.10)	0,0136802800	0,5830145
50212	1613,82	23,986	0,57	2.44(2.47)	0,79	2.41(2.45)	0,0134503200	0,6010842
50384	1616,73	40,25	0,31	2.66(2.83)	0,15	2.63(2.61)	0,0080769160	0,5807823
50638	1620,7	22,6628	0,31	2.49(2.51)	0,6	2.52(2.62)	0,0000393812	0,6563563
50766	1622,71	30,44	0,22	2.26(2.21)	0,39	2.12(2.09)	0,0234409600	0,5767432
50838	1623,73	29,8577	0,36	2.43(2.55)	0,25	1.93(1.84)	0,0219462100	0,5775935
50840	1623,73	24,1239	0,89	3.89(3.92)	0,99	3.69(3.76)	0,0004943547	0,6448236
50904	1624,55	37,7263	0,86	2.89(2.89)	0,99	3.14(3.17)	0,0000007470	0,7056760
51175	1630,74	20,6473	0,18	2.08(2.16)	0,46	2.30(2.27)	0,0000234887	0,6455145
51328	1632,71	40,147	0,42	2.62(2.76)	0,27	2.50(2.63)	0,0259641400	0,5785502
51838	1635,65	37,3773	0,1	2.14(2.15)	0,35	2.37(2.43)	0,0000198042	0,6301020
51865	1635,76	30,3357	0,7	2.96(3.08)	0,75	3.13(3.28)	0,0151952800	0,5999150
51916	1636,7	20,0325	0,43	2.69(2.78)	0,84	2.95(3.04)	0,0000000002	0,7581845
52189	1640,58	23,2418	0,87	3.54(3.59)	0,98	3.74(3.72)	0,0005884920	0,6428571
52320	1643,74	29,5324	0,67	2.42(2.48)	0,88	2.43(2.47)	0,0249601400	0,5926871
52446	1645,76	20,6137	0,21	2.31(2.24)	0,4	2.29(2.34)	0,0072085550	0,5909864
52730	1649,71	19,5786	0,15	2.03(1.96)	0,38	2.37(2.41)	0,0001090014	0,6245748
52769	1649,73	22,643	0,7	2.72(2.72)	0,88	2.95(2.99)	0,0000056420	0,6878189
53328	1657,72	22,8973	0,19	2.34(2.28)	0,38	2.29(2.09)	0,0085484930	0,5869473
53375	1658,59	21,4575	0,18	2.51(2.46)	0,32	2.55(2.63)	0,0212289500	0,5731293
53393	1658,73	29,9416	0,38	2.50(2.44)	0,51	2.73(2.82)	0,0093803080	0,5982674
53744	1666,78	30,6643	0,33	2.29(2.28)	0,63	2.33(2.36)	0,0000166223	0,6654974
53800	1667,79	40,5608	0,57	2.47(2.51)	0,39	2.52(2.51)	0,0260373100	0,5857781
53866	1668,81	40,4656	0,35	2.50(2.51)	0,53	2.47(2.49)	0,0162219300	0,5906675
53957	1669,69	21,4647	0,55	2.60(2.58)	0,82	2.54(2.51)	0,0024596760	0,6239371
54184	1673,76	40,717	0,39	3.36(3.46)	0,24	3.04(3.25)	0,0145539800	0,5836522
54269	1675,71	29,2032	0,23	1.97(1.96)	0,41	1.89(1.91)	0,0215014400	0,5791348
54421	1679,7	22,6046	0,28	2.36(2.34)	0,52	2.37(2.25)	0,0016443140	0,6156463
54438	1679,95	23,8176	0,83	3.79(3.89)	0,92	4.00(4.00)	0,0151641500	0,6008716
54703	1684,71	29,6453	0,19	2.38(2.45)	0,35	2.46(2.43)	0,0120523100	0,5819515
55001	1689,8	27,5541	0,18	2.22(2.16)	0,41	2.08(2.12)	0,0016836850	0,6051233
55143	1692,8	30,8875	0,43	2.52(2.54)	0,7	2.80(2.79)	0,0000029344	0,6860119
55314	1693,76	20,5058	0,27	2.35(2.30)	0,58	2.31(2.35)	0,0000213348	0,6588010
55315	1693,76	23,4788	0,13	2.16(2.11)	0,34	1.98(1.99)	0,0014751570	0,5985863
55450	1694,78	23,5864	0,15	2.22(2.21)	0,3	2.07(2.10)	0,0251530700	0,5682929
55484	1695,73	23,1763	0,21	2.27(2.40)	0,39	2.12(2.10)	0,0181332800	0,5795599
55516	1696,72	23,9499	0,41	2.44(2.42)	0,46	2.22(2.22)	0,0093334656	0,6117400
55582	1697,74	30,8785	0,87	2.86(2.88)	0,94	3.04(3.04)	0,0005336511	0,6439201
55917	1703,84	33,5849	0,23	2.21(2.24)	0,51	2.47(2.41)	0,0000301684	0,6503508

56011	1705,73	40,4367	0,46	2.39(2.54)	0,31	2.30(2.30)	0,0219868400	0,5835459
56099	1707,81	23,5945	0,23	2.36(2.33)	0,45	2.18(2.24)	0,0052215560	0,5980548
56139	1708,79	30,5905	0,71	2.71(2.73)	0,89	2.95(3.00)	0,0000427471	0,6694303
56493	1716,66	20,1773	0,24	2.51(2.61)	0,7	2.69(2.71)	0,0000000001	0,7493622
56514	1716,77	27,9978	0,62	2.50(2.56)	0,88	2.64(2.71)	0,0000116213	0,6808036
56662	1720,69	19,6657	0,11	2.16(2.17)	0,44	2.40(2.44)	0,0000001596	0,6710247
56806	1723,52	37,744	0,34	2.15(2.12)	0,3	1.90(1.88)	0,0000003493	0,6896790
56884	1725,59	38,322	0,9	2.98(2.99)	1	3.35(3.36)	0,0000005390	0,7083333
56992	1728,77	36,767	0,41	2.33(2.28)	0,66	2.35(2.36)	0,0007689808	0,6324405
57265	1732,77	28,1753	0,8	3.27(3.28)	0,93	3.36(3.42)	0,0001819046	0,6553997
57360	1734,66	19,8976	0,1	2.19(2.22)	0,44	2.32(2.32)	0,0000001293	0,6711310
57531	1737,78	31,0012	0,84	2.99(3.01)	0,94	3.37(3.46)	0,0000000119	0,7368197
57537	1737,78	23,7334	0,91	3.63(3.64)	0,99	3.73(3.74)	0,0009004033	0,6380208
57888	1746,59	38,2127	0,33	2.35(2.41)	0,54	2.32(2.32)	0,0050878590	0,6053359
58050	1749,81	30,6146	0,45	2.46(2.50)	0,74	2.57(2.64)	0,0000070152	0,6803784
58084	1750,78	23,8278	0,58	2.77(2.69)	0,9	2.91(2.99)	0,0000003278	0,7103529
58355	1754,9	31,2589	0,76	3.61(3.61)	0,88	3.75(3.78)	0,0010274980	0,6360544
58633	1761,69	19,3667	0,12	2.26(2.34)	0,32	2.32(2.29)	0,0008152895	0,6011905
58759	1761,83	21,6467	0,44	2.43(2.43)	0,33	2.15(2.10)	0,0248364200	0,5818452
58880	1764,68	19,9065	0,23	2.41(2.49)	0,54	2.60(2.62)	0,0000044648	0,6673044
58941	1765,81	31,0002	0,7	3.05(3.07)	0,84	3.23(3.25)	0,0001389579	0,6574724
59142	1769,71	28,1352	0,89	2.71(2.74)	0,89	2.51(2.51)	0,0057067880	0,6148491
59149	1769,78	30,9769	0,32	2.34(2.36)	0,19	2.05(1.93)	0,0187329400	0,5746173
59295	1773,82	34,6048	0,31	2.00(2.00)	0,6	2.14(2.16)	0,0000091909	0,6686862
59368	1775,79	31,4772	0,44	2.69(2.80)	0,26	2.56(2.45)	0,0053703670	0,5986395
59773	1783,79	39,8152	0,33	2.33(2.31)	0,63	2.42(2.49)	0,0000091630	0,6704932
59928	1788,84	29,8728	0,28	2.44(2.41)	0,42	2.76(2.77)	0,0052123130	0,5985332
60126	1793,88	32,3738	0,5	2.63(2.59)	0,78	2.51(2.53)	0,0063362810	0,6108099
60149	1794,8	23,9153	0,77	3.18(3.21)	0,96	3.27(3.28)	0,0027667390	0,6242560
60248	1796,77	30,9215	0,24	2.12(2.06)	0,52	2.19(2.23)	0,0000625281	0,6454082
60352	1798,72	36,9482	0,1	2.02(2.01)	0,5	2.30(2.36)	0,0000000003	0,7112032
60628	1806,83	23,0614	0,34	2.33(2.37)	0,78	2.30(2.25)	0,0000000603	0,7151892
60751	1807,81	20,6486	0,86	3.11(3.06)	0,97	3.35(3.40)	0,0000021977	0,6967474
60816	1808,79	23,7176	0,4	2.49(2.53)	0,66	2.42(2.45)	0,0047687850	0,6109162
60975	1812,79	24,1374	0,35	2.34(2.43)	0,2	2.35(2.38)	0,0234374300	0,5739796
61192	1816,9	33,7527	0,14	1.91(1.89)	0,3	2.17(2.18)	0,0035993240	0,5880102
61221	1817,69	20,2344	0,77	3.36(3.37)	0,97	3.53(3.56)	0,0000005483	0,7079613
61304	1818,83	30,9531	0,63	3.17(3.42)	0,53	2.32(2.16)	0,0001143746	0,6544430
61332	1819,8	23,3631	0,95	3.61(3.61)	0,99	3.74(3.74)	0,0006954562	0,6409970
61340	1819,83	32,1253	0,32	2.54(2.58)	0,13	1.73(1.71)	0,0002731040	0,6100128
61404	1821,83	31,7802	0,11	2.34(2.16)	0,31	2.03(2.06)	0,0013005090	0,5954507
61405	1821,82	30,1713	0,34	2.43(2.39)	0,63	2.50(2.52)	0,0000671091	0,6535927

61573	1825,79	20,135	0,73	3.26(3.33)	0,94	3.38(3.44)	0,0002581935	0,6515731
61576	1825,8	31,931	0,32	2.31(2.35)	0,61	2.37(2.40)	0,0000508976	0,6549213
61711	1828,85	21,202	0,56	2.77(2.81)	0,28	2.17(2.14)	0,0000001359	0,6969069
61945	1834,83	31,095	0,78	3.53(3.65)	0,77	3.02(3.03)	0,0005966551	0,6419005
61984	1835,71	19,9131	0,43	2.71(2.81)	0,85	2.99(3.07)	0,0000000000	0,7767857
62000	1835,84	24,0379	0,55	2.51(2.48)	0,33	2.20(2.33)	0,0001234493	0,6451956
62080	1837,8	30,5569	0,14	2.52(2.21)	0,35	2.39(2.41)	0,0005988675	0,6080995
62256	1841,75	35,6598	0,21	1.96(1.95)	0,43	1.97(1.99)	0,0018021470	0,6074086
62323	1842,85	24,0672	0,1	2.58(2.52)	0,34	2.60(2.58)	0,0000465518	0,6230867
62547	1847,89	43,6655	0,15	1.96(1.88)	0,38	2.35(2.50)	0,0001090014	0,6245748
62580	1848,81	30,8099	0,42	2.07(2.01)	0,67	1.96(1.92)	0,0086014100	0,6038478
62866	1854,82	40,9238	0,91	3.64(3.74)	0,9	3.78(3.82)	0,0043823251	0,6160980
63098	1858,84	24,2646	0,19	2.35(2.37)	0,43	2.60(2.56)	0,0001632402	0,6283482
63135	1859,8	31,3884	0,18	2.30(2.45)	0,47	2.43(2.45)	0,0000164336	0,6490221
63143	1859,83	24,4114	0,29	2.57(2.67)	0,5	2.36(2.46)	0,0226583200	0,5834396
63209	1860,83	21,4001	0,44	2.91(2.98)	0,9	2.91(2.95)	0,0000001363	0,7149235
63427	1865,81	32,982	0,24	1.99(1.99)	0,46	1.95(1.97)	0,0043723600	0,6009779
63517	1867,95	25,1463	0,35	2.49(2.31)	0,2	2.20(2.18)	0,0093608510	0,5848214
63812	1874,83	30,8238	0,08	2.02(1.94)	0,43	2.15(2.10)	0,0000000268	0,6764456
63910	1876,87	22,2013	0,9	3.33(3.37)	0,99	3.11(3.13)	0,0055385790	0,6153274
64054	1878,79	20,7224	0,39	2.66(2.70)	0,81	2.71(2.73)	0,0000000289	0,7230017
64067	1878,85	32,1809	0,15	1.91(1.81)	0,32	1.92(2.07)	0,0066665240	0,5841305
64170	1880,9	43,9095	0,3	2.48(2.53)	0,6	2.79(2.88)	0,0000005731	0,6896259
64431	1885,65	38,82	0,31	2.32(2.28)	0,69	2.28(2.32)	0,0000031235	0,6809099
64493	1886,86	27,2961	0,28	2.10(2.15)	0,46	2.02(2.03)	0,0209151500	0,5829082
64869	1892,77	40,25	0,23	2.79(2.67)	0,39	2.87(3.02)	0,0209861300	0,5786033
64899	1892,97	24,5581	0,49	2.59(2.65)	0,64	2.72(2.78)	0,0065447180	0,6082058
65035	1895,07	21,396	0,44	2.70(2.73)	0,21	2.53(2.63)	0,0003644468	0,6232993
65257	1899,85	24,8347	0,43	2.26(2.22)	0,26	1.84(1.81)	0,0006973302	0,6195791
65312	1900,87	31,9971	0,18	2.10(2.15)	0,43	2.10(2.14)	0,0003246692	0,6217049
65368	1901,82	43,8255	0,38	2.74(2.82)	0,49	2.89(2.96)	0,0001677757	0,6290391
65593	1907,77	23,7801	0,1	1.91(1.91)	0,38	1.93(1.94)	0,0000108821	0,6363733
66054	1915	33,6261	0,38	2.14(2.21)	0,24	1.92(1.92)	0,0171630100	0,5811543
66161	1916,77	20,3224	0,5	2.93(2.98)	0,82	3.19(3.29)	0,0000000134	0,7314520
66197	1916,95	34,193	0,35	2.07(2.10)	0,6	2.06(2.09)	0,0006637182	0,6308461
67217	1933,88	21,6245	0,87	2.90(2.91)	0,93	2.59(2.52)	0,0016180740	0,6310055
67263	1934,79	19,9423	0,27	2.50(2.52)	0,74	2.79(2.79)	0,0000000000	0,7729592
67306	1935,81	20,6619	0,23	2.38(2.46)	0,53	2.45(2.57)	0,0000302761	0,6515200
67462	1938,88	21,3856	0,21	2.46(2.50)	0,44	1.98(2.01)	0,0150912400	0,5840774
67612	1942,84	30,9624	0,32	1.97(2.03)	0,52	2.02(2.04)	0,0038419140	0,6076743
67632	1943,01	24,9416	0,32	3.56(3.70)	0,05	2.89(2.54)	0,0000016984	0,6349384
67723	1945,88	41,9013	0,33	2.76(2.78)	0,07	2.27(2.29)	0,0000036700	0,6347258

67801	1947,88	31,6062	0,45	2.51(2.55)	0,64	2.56(2.61)	0,0067097680	0,6071429
67951	1950,85	35,7688	0,78	2.66(2.71)	0,88	2.79(2.82)	0,0011678980	0,6346195
68081	1954,01	32,4121	0,11	2.61(2.59)	0,32	2.12(2.17)	0,0013475700	0,5960353
68117	1954,97	25,3585	0,47	2.48(2.41)	0,32	2.28(2.35)	0,0154620100	0,5889668
68411	1962,83	21,9701	0,23	2.54(2.54)	0,56	2.41(2.39)	0,0000301098	0,6532738
68663	1968,88	25,1998	0,47	2.62(2.63)	0,21	2.58(2.73)	0,0002102432	0,6301020
69080	1976,88	32,3847	0,52	2.51(2.55)	0,69	2.54(2.60)	0,0181383600	0,5951318
69681	1989,88	32,4375	0,68	2.34(2.39)	0,82	2.40(2.41)	0,0084426710	0,6086841
69882	1993,88	32,1852	0,74	2.34(2.39)	0,74	2.09(2.12)	0,0194273000	0,5963542
69979	1996,79	20,9757	0,39	2.74(2.72)	0,86	2.99(3.02)	0,0000000000	0,7988946
70456	2008,9	32,2865	0,16	2.62(2.67)	0,47	2.72(2.69)	0,0000033366	0,6591199
70485	2009,88	32,2918	0,77	2.81(2.84)	0,55	2.49(2.65)	0,0000005981	0,7033907
70633	2013,89	31,7558	0,32	1.97(1.94)	0,54	1.96(2.03)	0,0024808810	0,6134141
70635	2013,91	25,1946	0,97	3.20(3.32)	0,96	3.15(3.19)	0,0044721130	0,6181973
70803	2017,88	30,7718	0,14	2.27(2.37)	0,32	2.32(2.30)	0,0031615550	0,5907738
71171	2023,91	21,4813	0,7	2.53(2.53)	0,66	2.30(2.28)	0,0091036900	0,6066645
71312	2025,87	32,2255	0,94	2.91(2.95)	0,92	2.76(2.79)	0,0001492695	0,6576318
71490	2029,85	20,3904	0,31	2.54(2.50)	0,67	2.43(2.48)	0,0000206707	0,6644345
71602	2030,93	32,6077	0,91	3.17(3.21)	0,91	2.92(2.96)	0,0000223965	0,6761798
71943	2034,88	19,5206	0,09	2.11(2.05)	0,36	2.39(2.43)	0,0000034504	0,6415285
72033	2034,94	25,4531	0,35	2.70(2.63)	0,23	2.18(2.26)	0,0130539600	0,5825893
72048	2035	40,1854	0,31	1.88(1.85)	0,52	2.05(2.09)	0,0004328481	0,6306335
72343	2042,07	25,1431	0,43	3.28(3.26)	0,03	2.49(2.42)	0,0000000001	0,7011054
72483	2045,86	34,1702	0,29	2.48(2.54)	0,49	2.44(2.43)	0,0084939200	0,5959821
72533	2046,92	32,5791	0,94	3.38(3.46)	0,91	3.17(3.17)	0,0000003894	0,7108844
72641	2048,93	24,4632	0,98	3.44(3.48)	0,96	3.00(3.03)	0,0000000000	0,7834821
72896	2055,94	25,438	0,92	3.06(3.06)	0,96	2.85(2.88)	0,0000098131	0,6837798
73010	2058,94	23,1508	0,4	2.24(2.23)	0,71	2.36(2.47)	0,0000034391	0,6840986
73015	2059,01	33,0804	0,51	2.41(2.42)	0,23	1.85(1.87)	0,0000006583	0,6792092
73177	2062,93	26,579	0,87	2.89(2.91)	0,92	2.66(2.72)	0,0220688800	0,5951318
73291	2064,92	24,4599	0,86	2.94(3.04)	0,73	2.48(2.55)	0,0000000243	0,7308673
73434	2067,82	20,6208	0,51	2.92(2.91)	0,93	3.17(3.27)	0,0000000000	0,8159014
73913	2076,95	21,7789	0,27	2.61(2.61)	0,6	2.73(2.81)	0,0000010298	0,6836735
73989	2077,96	22,4848	0,17	2.27(2.26)	0,36	2.18(2.21)	0,0059187590	0,5892326
74057	2079	24,6778	0,47	2.38(2.35)	0,72	2.34(2.34)	0,0048518570	0,6130952
74065	2078,93	26,6715	0,99	3.88(3.93)	1	3.82(3.84)	0,0128745600	0,6034226
74187	2080,94	20,201	0,42	2.66(2.66)	0,71	2.80(2.86)	0,0000066584	0,6792092
74273	2081,94	33,6612	0,65	2.67(2.74)	0,73	2.25(2.26)	0,0129226300	0,6018282
74420	2085,93	22,0672	0,26	3.77(4.11)	0,45	4.17(4.17)	0,0020728820	0,6091093
74703	2087,84	19,4213	0,1	2.37(2.49)	0,42	2.54(2.55)	0,0000004780	0,6609269
74987	2089,96	39,5167	0,34	2.15(2.12)	0,57	2.24(2.30)	0,0001775150	0,6425914
75248	2096,92	32,9972	0,53	2.40(2.42)	0,36	2.21(2.28)	0,0041124890	0,6088435

75846	2103,96	33,0368	0,97	3.36(3.38)	0,98	3.16(3.20)	0,0000415814	0,6703869
76053	2108,93	32,932	0,07	1.96(2.04)	0,3	1.95(1.99)	0,0000380922	0,6161246
76086	2109,92	24,069	0,22	2.23(2.24)	0,44	2.22(2.23)	0,0025743920	0,6048044
76090	2109,96	21,086	0,12	2.13(2.18)	0,41	2.15(2.12)	0,0000119602	0,6409439
76415	2117,93	32,9682	0,32	2.06(2.06)	0,49	2.08(2.12)	0,0122927300	0,5923151
76636	2124,84	20,3719	0,07	2.11(2.23)	0,36	2.22(2.19)	0,0000007891	0,6479060
76839	2128,98	26,9686	0,3	1.95(1.89)	0,48	2.05(2.08)	0,0033981320	0,6068240
77018	2133,96	27,7658	0,96	3.60(3.63)	0,95	3.35(3.39)	0,0000048937	0,6899447
77099	2135,96	25,8003	0,69	2.69(2.69)	0,59	2.51(2.52)	0,0115105400	0,6026786
77236	2138,95	24,235	0,36	2.30(2.26)	0,19	1.88(1.85)	0,0015829320	0,6031037
77684	2148,02	26,0398	0,35	2.82(2.77)	0,21	2.43(2.39)	0,0100189900	0,5846088
77763	2149,96	27,7553	0,97	3.42(3.49)	0,98	3.15(3.17)	0,0000000202	0,7332058
78073	2156,97	22,2173	0,45	2.68(2.68)	0,88	3.05(3.15)	0,0000000000	0,8025085
78792	2168,97	32,9057	0,81	2.78(2.79)	0,69	2.61(2.65)	0,0019486390	0,6277636
79136	2175,01	33,2806	1	3.61(3.65)	1	3.55(3.57)	0,0067897495	0,6163372
79720	2187,95	39,7827	0,94	2.90(2.88)	0,97	3.10(3.17)	0,0116308600	0,6049107
79786	2189	26,885	0,64	2.70(2.73)	0,85	2.71(2.75)	0,0048488900	0,6161777
79918	2190,99	25,823	0,38	3.05(3.11)	0,17	2.99(3.03)	0,0006897038	0,6107568
80012	2191,99	22,3935	0,45	2.59(2.66)	0,74	2.70(2.77)	0,0000084483	0,6787840
80306	2194,97	20,1667	0,17	2.43(2.49)	0,5	2.57(2.58)	0,0000008773	0,6717687
80360	2196,02	33,1586	0,44	2.79(2.79)	0,35	2.48(2.43)	0,0000009843	0,6522109
80829	2203,64	35,2621	0,04	1.72(1.71)	0,3	1.92(1.89)	0,0000010912	0,6326531
81181	2210,76	37,0638	0,24	2.23(2.26)	0,44	2.18(2.22)	0,0081421970	0,5928997
81196	2210,95	33,6055	0,97	3.70(3.79)	1	3.63(3.64)	0,0147430200	0,6014031
81272	2211,98	33,2336	0,38	2.74(2.82)	0,44	2.60(2.74)	0,0074191674	0,6298895
81457	2216,03	33,8306	0,55	2.16(2.19)	0,73	2.41(2.48)	0,0000953148	0,6583759
82015	2226,97	33,4565	0,65	2.28(2.36)	0,59	2.06(2.04)	0,0146635300	0,5987457
82026	2226,99	26,2775	0,6	3.97(4.06)	0,85	4.15(4.15)	0,0001331921	0,6572066
82708	2235,05	34,1665	0,5	2.43(2.45)	0,78	2.70(2.75)	0,0000000740	0,7183780
82784	2236,98	27,1389	0,66	2.42(2.41)	0,69	2.32(2.30)	0,0014908720	0,6602892
83081	2243,97	21,1604	0,21	2.29(2.25)	0,43	2.19(2.29)	0,0029816700	0,6022003
83441	2248,97	33,6947	0,21	2.94(3.07)	0,27	2.92(2.92)	0,0014908381	0,6562235
84164	2257,87	35,9274	0,18	2.32(2.31)	0,57	2.69(2.71)	0,0000000062	0,7102466
84300	2261,03	27,1527	0,32	2.74(2.80)	0,5	2.92(3.04)	0,0046159070	0,6048044
84484	2264,94	43,2938	0,35	2.13(2.18)	0,15	2.15(2.19)	0,0012845350	0,6014031
84704	2269,03	39,327	0,62	2.27(2.28)	0,51	2.04(2.09)	0,0078112190	0,6060268
84909	2274,04	33,5062	0,16	2.03(1.94)	0,31	2.05(2.07)	0,0149527600	0,5754677
85020	2276,02	27,2312	0,46	3.13(3.24)	0,81	3.39(3.52)	0,0000000173	0,7285289
85076	2277,01	27,2248	0,6	3.09(3.32)	0,44	2.83(2.88)	0,0008577108	0,6307398
85250	2280,94	36,2186	0,14	2.35(2.37)	0,34	2.22(2.16)	0,0024449390	0,5947066
85331	2282,02	22,2394	0,65	2.75(2.81)	0,89	2.74(2.85)	0,0033327370	0,6212798
85627	2289,04	33,5902	0,27	2.10(2.04)	0,46	2.17(2.07)	0,0043870830	0,6018282

85761	2292,02	27,2827	0,89	3.35(3.46)	0,99	3.52(3.60)	0,0018525380	0,6294111
86071	2298,99	27,0777	0,22	2.67(2.74)	0,4	2.84(2.83)	0,0056779830	0,5941752
86226	2302,9	43,1327	0,31	2.32(2.45)	0,11	1.91(2.01)	0,0004608817	0,6039541
86354	2305,06	34,9093	0,14	2.21(2.29)	0,34	1.97(1.99)	0,0029238620	0,5930060
86677	2308,02	27,3371	0,33	2.12(2.06)	0,56	2.19(2.27)	0,0006065091	0,6296769
86951	2314,01	33,6555	0,58	2.56(2.59)	0,8	2.65(2.68)	0,0005182047	0,6421662
87365	2320,07	20,7338	0,09	2.19(2.06)	0,39	2.30(2.33)	0,0000012568	0,6502445
87692	2327,91	21,0034	0,15	2.26(2.26)	0,58	2.42(2.46)	0,0000000003	0,7264031
88093	2336,04	26,6568	0,43	2.18(2.23)	0,21	1.86(1.80)	0,0001928141	0,6282951
88282	2339	34,0072	0,56	2.59(2.62)	0,84	2.79(2.80)	0,0000003184	0,7096620
88972	2349,04	27,3655	0,22	2.05(2.01)	0,4	2.11(2.11)	0,0071938720	0,5915179
89083	2352,05	26,7539	0,6	2.73(2.78)	0,34	2.27(2.28)	0,0000006841	0,6908482
89604	2360	33,9228	0,17	1.80(1.72)	0,32	1.89(1.88)	0,0124703300	0,5787096
89642	2361,11	20,7943	0,3	2.26(2.27)	0,48	2.59(2.58)	0,0007854071	0,6224490
89900	2368,04	26,7503	0,65	2.55(2.63)	0,45	2.11(2.15)	0,0000009711	0,6941964
90344	2377,1	20,7997	0,68	2.98(3.07)	0,93	3.18(3.30)	0,0000006430	0,7061543
90470	2380,08	36,5109	0,21	2.16(2.22)	0,43	2.19(2.15)	0,0024092340	0,6044324
90840	2389,24	22,3992	0,43	3.26(3.22)	0,08	2.48(2.58)	0,0000000148	0,6810162
91342	2403,19	24,9373	0,45	2.43(2.49)	0,15	2.22(2.22)	0,0000005576	0,6684736
91375	2404,02	20,2728	0,65	2.61(2.63)	0,81	2.70(2.77)	0,0059993770	0,6131484
91542	2407,09	27,6715	0,68	2.51(2.54)	0,92	2.61(2.71)	0,0000136818	0,6800595
91669	2411,08	26,8029	0,31	2.08(2.09)	0,17	1.85(1.84)	0,0121080600	0,5778061
92029	2414,63	35,6167	0,77	2.69(2.78)	0,56	2.55(2.61)	0,0007966420	0,6367985
92231	2421	34,8608	0,18	1.89(1.88)	0,44	1.99(2.04)	0,0000988539	0,6325468
92410	2423,09	27,666	0,62	2.26(2.29)	0,83	2.34(2.37)	0,0010850230	0,6344600
92841	2430,1	28,3281	0,65	2.42(2.41)	0,84	2.47(2.52)	0,0023968450	0,6252126
92871	2430,59	35,5423	0,73	2.85(2.93)	0,51	2.75(2.80)	0,0010127200	0,6329719
93227	2442,07	34,0967	0,79	2.68(2.71)	0,94	2.81(2.91)	0,0000546349	0,6675170
93361	2445,1	28,2378	0,21	2.07(2.05)	0,39	2.09(2.03)	0,0108932800	0,5857249
93417	2446,09	28,3726	0,33	2.03(2.00)	0,49	2.14(2.17)	0,0075463770	0,5988520
95084	2490,23	24,6804	0,62	2.36(2.43)	0,48	2.18(2.24)	0,0016598690	0,6247343
96716	2525,2	27,7364	0,49	2.53(2.48)	0,63	2.82(2.87)	0,0007263183	0,6342474
96879	2529,17	26,992	0,24	2.03(2.13)	0,43	1.98(1.98)	0,0166664200	0,5836522
97349	2541,19	27,8949	0,13	2.06(1.90)	0,36	1.90(1.90)	0,0003404815	0,6128295
97463	2544,13	28,2599	0,22	2.05(2.01)	0,41	2.14(2.27)	0,0053525990	0,5953444
97506	2545,12	28,2016	0,27	2.27(2.27)	0,42	2.28(2.35)	0,0237350300	0,5794005
97599	2547,99	21,4417	0,38	2.37(2.37)	0,72	2.62(2.68)	0,0000000270	0,7200787
97736	2551,15	34,7151	0,67	2.54(2.62)	0,57	2.16(2.16)	0,0009664643	0,6335034
97965	2557,17	28,2473	0,29	2.10(2.13)	0,51	2.12(2.14)	0,0012549610	0,6185162
98089	2559,18	19,4074	0,47	3.14(3.06)	0,52	2.92(2.98)	0,0006891154	0,6287203
98485	2560,12	34,1541	0,23	2.00(2.04)	0,52	1.93(1.91)	0,0001232697	0,6389243
98596	2563,15	21,2101	0,64	2.85(2.94)	0,89	3.05(3.08)	0,0000062978	0,6864902

98720	2565,14	23,7401	0,44	2.40(2.42)	0,34	1.96(1.92)	0,0193507500	0,5856186
98891	2567,13	34,802	0,71	2.29(2.34)	0,54	1.99(1.97)	0,0000373327	0,6669855
99021	2570,19	42,5602	0,94	3.75(3.85)	0,96	3.81(3.88)	0,0005250289	0,6391369
99251	2574,01	32,8084	0,19	1.81(1.77)	0,42	1.81(1.82)	0,0010127250	0,6112883
99475	2577,25	24,6659	0,87	2.76(2.80)	0,9	2.43(2.49)	0,0000009559	0,7035502
99691	2582,17	23,67	0,47	2.33(2.28)	0,35	2.08(2.02)	0,0184649400	0,5874787
99808	2584,23	35,1828	0,67	2.42(2.40)	0,9	2.71(2.79)	0,0000000640	0,7236395
99919	2587,2	21,1	0,18	2.46(2.66)	0,47	2.63(2.73)	0,0000196726	0,6476403
100020	2589,06	22,5622	0,19	1.98(1.96)	0,43	2.07(2.13)	0,0003053540	0,6229273
100344	2599,19	28,2751	0,73	2.28(2.29)	0,61	2.12(2.10)	0,0055995190	0,6132015
101157	2616,16	28,3947	0,09	1.96(2.06)	0,4	1.87(1.85)	0,0000019491	0,6487032
101786	2627,23	34,9933	0,14	2.56(2.67)	0,39	2.31(2.38)	0,0006102720	0,6103316
101839	2628,22	34,9664	0,86	2.87(2.96)	0,73	2.62(2.62)	0,0000017590	0,6978104
102269	2638,18	28,4204	0,07	2.06(2.31)	0,18	2.33(2.35)	0,0003400506	0,6627870
102371	2639,29	21,4189	0,33	2.27(2.34)	0,54	2.45(2.50)	0,0006783421	0,6277636
102725	2642,21	27,696	0,73	2.47(2.51)	0,88	2.61(2.65)	0,0001790725	0,6551871
102819	2644,22	21,1526	0,3	2.49(2.54)	0,54	2.70(2.71)	0,0000660460	0,6485969
103022	2649,2	34,8471	0,14	2.54(2.61)	0,39	2.30(2.29)	0,0004544118	0,6128827
103198	2654,19	23,9249	0,79	2.57(2.62)	0,84	2.37(2.36)	0,0002639798	0,6219707
103224	2655,14	22,3309	0,15	2.03(2.01)	0,42	2.02(1.93)	0,0000735479	0,6310587
103493	2658,22	19,5022	0,11	3.95(4.03)	0,28	3.24(3.21)	0,0247725150	0,5930591
104195	2663,2	23,5069	0,84	2.82(2.86)	0,79	2.69(2.84)	0,0245079250	0,5761586
104786	2679,2	23,5289	0,97	3.46(3.51)	0,91	3.23(3.32)	0,0000013531	0,7008397
104954	2682,14	22,4918	0,81	2.81(2.84)	0,99	3.00(3.01)	0,0000005881	0,7075361
105105	2687,22	28,9855	0,13	1.67(1.76)	0,36	1.94(1.94)	0,0000716723	0,6250531
105352	2695,2	23,5225	0,97	3.60(3.66)	0,96	3.36(3.37)	0,0000045503	0,6905825
105661	2702,21	38,0799	0,7	2.58(2.59)	0,52	2.31(2.33)	0,0005128093	0,6401998
106067	2713,23	29,2227	0,22	2.05(2.08)	0,48	2.08(2.09)	0,0002319599	0,6304209
106195	2716,37	20,1907	0,34	3.42(3.27)	0,04	2.63(2.68)	0,0000001261	0,6506165
106678	2726,25	28,9168	0,23	2.02(1.98)	0,48	2.19(2.23)	0,0000737277	0,6410502
107198	2736,4	21,2973	0,31	3.39(3.42)	0,02	3.11(3.11)	0,0000001081	0,6427509
107460	2742,25	28,9803	0,86	2.83(2.92)	0,96	3.07(3.14)	0,0000001832	0,7167304
107858	2751,34	29,2308	0,48	2.37(2.46)	0,67	2.55(2.57)	0,0006530693	0,6360544
108021	2754,27	29,6794	0,67	2.35(2.41)	0,79	2.57(2.59)	0,0002836969	0,6494473
108574	2764,21	42,6266	0,45	3.12(3.33)	0,28	3.36(3.61)	0,0001764960	0,6477998
108724	2767,32	21,6729	0,29	2.07(2.06)	0,51	2.41(2.41)	0,0000692951	0,6461522
110052	2799,09	25,0694	0,98	3.65(3.69)	1	3.57(3.56)	0,0077877700	0,6106505
110657	2816,33	28,3966	0,18	2.13(2.01)	0,39	1.95(1.84)	0,0048116000	0,5932185
110913	2823,33	29,1158	0,5	2.47(2.48)	0,75	2.67(2.75)	0,0000018233	0,6930272
111304	2834,19	22,4673	0,23	2.18(2.25)	0,51	2.14(2.19)	0,0001410538	0,6371705
111426	2837,36	23,8684	0,55	3.28(3.37)	0,25	3.07(3.36)	0,0000216434	0,6565689
111564	2841,26	24,5354	0,68	3.06(3.12)	0,73	2.69(2.69)	0,0230105500	0,5933248

112106	2854,36	34,8636	0,94	3.31(3.45)	1	3.56(3.56)	0,0012203850	0,6344600
112515	2864,25	20,1472	0,19	2.52(2.63)	0,38	2.74(2.71)	0,0018374910	0,6029974
113439	2889,38	28,6515	0,18	2.02(2.01)	0,36	2.04(2.09)	0,0045154700	0,5926871
113452	2889,35	24,0847	0,37	2.39(2.40)	0,47	2.36(2.36)	0,0038987190	0,5984269
113765	2898,31	29,2496	0,24	2.10(2.07)	0,46	2.06(2.07)	0,0032819680	0,6041667
114086	2907,35	35,9551	0,71	2.30(2.31)	0,59	2.14(2.20)	0,0098267530	0,6051233
114438	2917,37	29,038	0,61	2.90(2.94)	0,47	2.76(2.62)	0,0130572800	0,5981080
114702	2923,43	36,9151	0,26	2.13(2.24)	0,57	2.29(2.30)	0,0000019262	0,6767113
114823	2926,3	22,2183	0,41	2.56(2.46)	0,64	2.53(2.54)	0,0031104710	0,6159651
115050	2932,32	34,1472	0,36	2.29(2.38)	0,68	2.27(2.32)	0,0000826656	0,6540710
115312	2939,15	33,7671	0,17	2.03(2.01)	0,57	2.33(2.34)	0,0000000011	0,7196535
116812	2977,18	19,5232	0,35	2.68(2.59)	0,72	2.64(2.75)	0,0000016703	0,6885629
117009	2977,37	29,118	0,37	2.17(2.23)	0,47	2.35(2.38)	0,0240074000	0,5840774
117317	2987,35	38,5457	0,56	2.57(2.60)	0,35	2.25(2.32)	0,0002342502	0,6403061
117524	2994,38	29,6026	0,17	1.96(1.94)	0,36	2.19(2.25)	0,0007819083	0,6088967
117823	3002,24	23,8009	0,19	1.90(1.95)	0,51	1.87(1.88)	0,0000127561	0,6546025
118053	3007,41	20,9513	0,21	2.57(2.55)	0,4	2.48(2.55)	0,0095191090	0,5877976
118163	3011,39	29,7495	0,89	2.99(3.03)	0,94	3.10(3.17)	0,0003297513	0,6492347
118224	3013,29	22,2946	0,64	3.34(3.53)	0,91	3.65(3.75)	0,0000003192	0,7112564
118597	3021,35	23,4158	0,78	2.98(3.03)	0,95	3.22(3.27)	0,0000028299	0,6944090
119292	3035,19	42,0209	0,5	2.54(2.58)	0,68	2.61(2.69)	0,0028228080	0,6197385
119660	3044,42	34,2873	0,05	1.62(1.72)	0,32	2.24(2.34)	0,0000005474	0,6412096
120192	3058,38	24,8236	0,55	2.34(2.34)	0,68	2.44(2.56)	0,0176618900	0,5957696
120423	3064,32	20,5742	0,28	2.50(2.54)	0,56	2.78(2.86)	0,0000022183	0,6762330
121070	3076,23	19,5773	0,45	2.82(2.88)	0,75	2.85(2.85)	0,0001404418	0,6530612
121413	3080,41	29,9804	0,19	2.34(2.45)	0,41	2.27(2.48)	0,0017078800	0,6056016
121716	3091,44	28,3964	0,44	2.46(2.48)	0,76	2.76(2.81)	0,0000000212	0,7251807
121775	3092,46	31,2493	0,64	2.39(2.41)	0,76	2.58(2.68)	0,0005814212	0,6411033
121940	3098,44	30,0554	0,71	2.56(2.59)	0,89	2.68(2.75)	0,0000737948	0,6641156
121989	3100,42	29,9643	0,46	2.61(2.68)	0,25	2.48(2.58)	0,0012301270	0,6150085
122216	3106,19	19,5811	0,08	2.52(2.58)	0,36	2.35(2.42)	0,0000058103	0,6370111
122400	3108,45	31,284	0,64	2.30(2.30)	0,86	2.46(2.52)	0,0000040671	0,6901042
122623	3114,43	30,2902	0,19	2.09(2.09)	0,35	2.31(2.38)	0,0038697910	0,5942815
123106	3130,43	30,8219	0,01	1.98(1.98)	0,09	2.63(2.67)	0,0021531815	0,6187288
123287	3137,41	30,3462	0,7	2.64(2.70)	0,6	2.42(2.48)	0,0004365719	0,6431760
123634	3148,28	24,1552	0,34	2.25(2.16)	0,64	2.30(2.34)	0,0000338300	0,6601297
123750	3152,34	24,5511	0,81	2.76(2.80)	0,67	2.62(2.61)	0,0015746870	0,6302083
123969	3158,44	29,7137	0,86	3.14(3.14)	0,74	2.77(2.83)	0,0000001231	0,7189626
124193	3166,27	22,0589	0,44	2.61(2.61)	0,71	2.89(2.93)	0,0000021314	0,6892007
124735	3187,36	35,6177	0,32	2.19(2.15)	0,53	2.40(2.46)	0,0002818371	0,6356824
124886	3193,38	22,6436	0,46	2.85(2.89)	0,74	2.89(3.02)	0,0002622249	0,6467368
124909	3194,42	30,3977	0,55	2.62(2.59)	0,17	2.13(2.01)	0,0000000009	0,7186437

125103	3202,43	30,6017	0,16	2.03(2.10)	0,44	2.23(2.32)	0,0000139200	0,6462585
125263	3205,27	19,6576	0,67	2.87(2.85)	0,84	3.02(3.06)	0,0001650289	0,6555060
125749	3223,31	21,6127	0,18	2.24(2.26)	0,55	2.45(2.47)	0,0000000392	0,6971726
125799	3223,42	39,1265	0,64	2.98(3.09)	0,86	3.19(3.29)	0,0000830968	0,6623618
126699	3248,53	30,6604	0,77	3.00(3.03)	0,77	3.26(3.28)	0,0027494100	0,6237245
126982	3256,53	33,0342	0,38	2.72(2.83)	0,63	2.95(3.01)	0,0001359242	0,6483844
127106	3260,49	41,6176	0,22	2.41(2.43)	0,4	2.59(2.73)	0,0036200830	0,5990646
127237	3261,5	22,1948	0,14	2.27(2.23)	0,31	2.30(2.32)	0,0062185800	0,5834396
127354	3264,53	30,6582	0,51	2.33(2.39)	0,69	2.37(2.43)	0,0198660400	0,5936437
127443	3266,48	30,0713	0,14	1.96(1.97)	0,31	1.87(1.87)	0,0102103600	0,5783376
127575	3271,49	30,7045	0,44	2.95(3.03)	0,28	2.79(2.92)	0,0138698900	0,5879571
127731	3276,24	33,377	0,17	1.78(1.74)	0,31	1.94(1.96)	0,0150487100	0,5759991
127848	3280,46	22,7334	0,19	2.57(2.69)	0,39	2.71(2.72)	0,0023150400	0,6013499
127852	3280,56	25,8155	0,58	2.49(2.54)	0,74	2.59(2.63)	0,0056296170	0,6128295
128086	3286,56	30,9207	0,29	3.13(3.20)	0,29	3.35(3.41)	0,0028173745	0,6395355
128435	3295,53	25,4528	0,24	2.08(2.13)	0,53	2.34(2.35)	0,0000051320	0,6662415
128525	3298,46	36,0541	0,2	2.11(2.19)	0,4	2.27(2.40)	0,0015579020	0,6065051
128650	3302,59	23,2932	0,34	2.17(2.09)	0,58	2.16(2.14)	0,0010580520	0,6248937
128936	3311,48	24,331	0,44	2.19(2.22)	0,24	2.11(2.15)	0,0023782750	0,6066645
129019	3314,43	20,1405	0,36	2.85(2.97)	0,53	2.89(2.96)	0,0112120600	0,5959290
129131	3318,55	30,992	0,27	2.03(2.01)	0,43	2.11(2.06)	0,0106985900	0,5900298
129182	3320,51	24,2533	0,22	2.02(1.93)	0,16	1.94(1.92)	0,0053500758	0,6134673
129821	3333,36	19,4182	0,05	2.59(2.80)	0,33	2.31(2.28)	0,0000015616	0,6369048
130044	3336,51	39,3802	0,18	2.78(2.95)	0,45	2.97(3.14)	0,0000659767	0,6365859
130077	3337,45	22,8134	0,21	2.37(2.22)	0,45	2.71(2.75)	0,0000880379	0,6363202
130432	3349,42	35,8938	0,24	2.15(2.05)	0,42	2.39(2.44)	0,0033692810	0,6019345
130482	3350,55	31,0174	0,21	2.05(2.06)	0,36	2.03(2.04)	0,0234200800	0,5754145
130747	3359,58	31,8979	0,79	2.88(2.96)	0,9	2.96(3.04)	0,0136373200	0,6023597
130803	3361,56	24,2435	0,16	2.19(2.21)	0,31	2.13(2.20)	0,0205089400	0,5718537
131294	3375,57	31,9169	0,81	2.89(2.98)	0,9	2.88(2.93)	0,0119721545	0,5826956
131548	3384,58	30,8333	0,35	2.02(1.97)	0,17	2.00(1.91)	0,0034353690	0,5935374
131589	3385,55	25,4887	0,64	3.14(3.23)	0,69	3.41(3.48)	0,0126442400	0,6017219
131932	3399,35	42,1045	0,32	2.21(2.14)	0,53	2.26(2.33)	0,0026036570	0,6125106
132014	3400,58	31,185	0,48	2.21(2.25)	0,31	2.16(2.13)	0,0125378400	0,5917304
132057	3401,66	23,4928	0,4	2.75(2.82)	0,67	2.99(3.09)	0,0000054511	0,6789966
133168	3432,59	32,0468	0,88	2.78(2.80)	0,9	2.93(3.02)	0,0099935480	0,6070366
133345	3439,6	39,225	0,51	2.39(2.42)	0,32	2.26(2.36)	0,0038071550	0,6077806
134053	3462,35	19,3741	0,1	2.47(2.48)	0,38	2.45(2.49)	0,0000108821	0,6363733
134635	3478,43	41,7414	0,23	2.27(2.25)	0,52	2.73(2.69)	0,0000019993	0,6719813
135412	3510,6	40,2442	0,42	2.26(2.31)	0,65	2.27(2.34)	0,0021452610	0,6208546
135676	3520,61	30,7976	0,36	2.37(2.38)	0,5	2.38(2.50)	0,0260390500	0,5834396
136129	3536,46	20,2362	0,18	2.23(2.13)	0,4	2.10(2.03)	0,0021832140	0,6019345

136403	3546,67	26,2234	0,19	2.40(2.26)	0,35	2.44(2.43)	0,0111910300	0,5828019
136697	3556,59	23,9547	0,54	2.71(2.71)	0,75	2.87(2.91)	0,0002396327	0,6492347
136698	3556,6	22,636	0,35	3.21(3.26)	0,15	2.73(2.78)	0,0005487402	0,6088435
136789	3559,71	26,5191	0,23	2.33(2.38)	0,43	2.27(2.33)	0,0062460600	0,5950787
136790	3559,71	24,9213	0,59	2.85(2.89)	0,77	2.91(2.96)	0,0055498310	0,6134141
137489	3582,7	19,465	0,69	3.24(3.23)	0,59	2.99(3.05)	0,0079915760	0,6077806
137922	3583,64	41,4711	0,23	2.41(2.54)	0,56	2.51(2.56)	0,0000062693	0,6659226
138036	3589,68	25,0338	0,66	2.66(2.65)	0,77	2.77(2.76)	0,0230354000	0,5934311
138067	3590,7	29,0044	0,07	1.95(1.90)	0,4	2.20(2.29)	0,0000000560	0,6669855
138143	3593,47	20,1962	0,26	2.59(2.57)	0,52	2.59(2.62)	0,0002780708	0,6325468
138813	3605,57	21,1852	0,22	2.30(2.31)	0,39	2.39(2.46)	0,0093466580	0,5880102
139064	3616,72	33,188	0,57	2.34(2.37)	0,7	2.54(2.58)	0,0005235135	0,6406250
139455	3630,44	21,7771	0,42	2.64(2.66)	0,69	2.56(2.60)	0,0033100550	0,6164966
139554	3632,74	33,2296	0,12	1.91(1.93)	0,33	1.97(2.01)	0,0003575735	0,6088435
140112	3657,67	40,7109	0,7	2.90(2.95)	0,83	3.11(3.15)	0,0014098810	0,6319090
140570	3677,77	24,4986	0,21	2.56(2.54)	0,4	2.83(2.96)	0,0019449460	0,6049107
140672	3681,72	32,0178	0,2	1.89(1.92)	0,4	1.94(1.99)	0,0024630710	0,6019345
140780	3685,83	22,1964	0,59	2.92(3.01)	0,67	3.09(3.20)	0,0196594800	0,5944940
141007	3696,76	26,9428	0,11	2.21(2.28)	0,39	2.29(2.27)	0,0000101960	0,6389775
141019	3697,56	23,7039	0,23	2.27(2.12)	0,38	2.37(2.43)	0,0228703800	0,5770621
141109	3701,74	32,4441	0,21	2.08(2.08)	0,4	2.17(2.14)	0,0035774690	0,5986395
141672	3718,72	32,4816	0,79	2.33(2.36)	0,81	2.67(2.67)	0,0004001464	0,6465774
142080	3734,72	32,4972	0,68	2.20(2.22)	0,77	2.50(2.52)	0,0001800037	0,6541241
142141	3737,66	37,205	0,21	2.04(1.98)	0,39	2.05(2.11)	0,0090732330	0,5878508
143120	3765,6	20,1729	0,2	2.31(2.24)	0,36	2.34(2.37)	0,0101199900	0,5850340
143333	3774,72	22,9371	0,36	3.15(3.15)	0,18	2.33(2.38)	0,0007108390	0,6097470
143379	3775,75	25,5852	0,84	2.84(2.79)	0,84	3.06(3.11)	0,0196265000	0,5968325
143652	3788,82	25,1861	0,22	2.01(1.97)	0,52	2.16(2.17)	0,0000100722	0,6591199
143947	3801,77	33,4628	0,43	2.17(2.12)	0,66	2.34(2.39)	0,0000993604	0,6538053
144344	3817,79	33,5359	0,14	1.87(1.89)	0,3	1.87(1.95)	0,0086312710	0,5794005
144635	3831,81	28,4845	0,33	2.43(2.48)	0,66	2.69(2.63)	0,0000014642	0,6864371
145238	3858,84	25,8539	0,53	2.94(3.04)	0,73	3.01(3.05)	0,0034901850	0,6183036
145479	3871,79	27,5695	0,3	2.37(2.47)	0,56	2.30(2.42)	0,0007240963	0,6267007
146624	3927,82	33,5971	0,2	2.05(2.04)	0,33	2.23(2.30)	0,0142028100	0,5795068
146936	3943,83	33,6285	0,44	2.11(2.11)	0,65	2.17(2.23)	0,0023510860	0,6202168
146964	3944,71	24,5544	0,29	2.18(2.07)	0,5	2.23(2.34)	0,0011327180	0,6191539
147000	3945,91	22,0304	0,19	2.56(2.69)	0,31	2.94(2.90)	0,0180686800	0,5750425
147376	3959,69	19,9025	0,19	2.67(2.67)	0,42	2.60(2.72)	0,0010706830	0,6107568
147541	3968,6	21,0938	0,63	3.01(3.09)	0,85	3.33(3.41)	0,0000000071	0,7385204
148086	3986,65	20,6016	0,81	3.42(3.42)	0,91	3.58(3.68)	0,0003926429	0,6471620
148557	4002,62	20,6566	0,36	2.60(2.62)	0,65	2.90(2.93)	0,0000010960	0,6895196
148717	4008,81	23,4219	0,4	2.86(2.71)	0,13	2.26(2.33)	0,0000079140	0,6438138

149142	4025,6	20,784	0,24	2.24(2.35)	0,45	2.50(2.54)	0,0006526890	0,6202168
149624	4043,64	20,3849	0,63	2.85(2.88)	0,74	3.08(3.08)	0,0023156390	0,6246811
149760	4044,92	26,3671	0,78	3.23(3.27)	0,88	3.43(3.44)	0,0030442670	0,6228741
150139	4059,65	20,4488	0,13	2.65(2.70)	0,38	2.59(2.65)	0,0001599918	0,6197917
150441	4062,8	33,1373	0,6	2.74(2.76)	0,43	2.23(2.35)	0,0000084792	0,6742666
150781	4078,81	33,1371	0,61	2.47(2.54)	0,41	1.98(2.03)	0,0000030088	0,6823980
151244	4097,87	24,6106	0,62	2.51(2.41)	0,81	2.88(2.94)	0,0000102206	0,6813350
152744	4160,92	25,8191	0,56	3.49(3.58)	0,41	3.29(3.39)	0,0060558040	0,6060268
152967	4169,93	33,5832	0,82	2.72(2.83)	0,85	2.97(3.03)	0,0013607440	0,6328656
153832	4196,75	20,8379	0,38	2.29(2.26)	0,7	2.48(2.55)	0,0000003345	0,7012649
155132	4251,98	28,7652	0,53	2.36(2.37)	0,69	2.75(2.82)	0,0000121296	0,6763393
156081	4289,93	28,7838	0,46	3.25(3.35)	0,74	3.46(3.53)	0,0000008441	0,6979698
156445	4305,94	28,8296	0,86	3.11(3.22)	0,96	3.34(3.40)	0,0000309130	0,6731505
156878	4321,94	25,1991	0,33	2.98(3.16)	0,11	2.57(2.34)	0,0002044592	0,6122449
157882	4352,86	20,1681	0,83	3.51(3.52)	0,91	3.63(3.75)	0,0143665700	0,6016688
158341	4368,9	20,2129	0,24	2.87(2.87)	0,56	2.96(2.97)	0,0000089759	0,6636905
159259	4404,84	20,6659	0,48	2.76(2.82)	0,7	2.94(2.96)	0,0001228249	0,6539647
159396	4409,89	20,001	0,48	2.88(2.88)	0,72	3.01(3.10)	0,0003120915	0,6449298
160089	4436,08	26,3177	0,41	2.92(3.10)	0,53	3.33(3.38)	0,0056652660	0,6060799
167786	4771,07	20,1987	0,4	2.80(2.78)	0,6	2.89(2.99)	0,0012013070	0,6259566
173077	5213,09	22,4341	0,39	2.29(2.26)	0,67	2.31(2.37)	0,0002834637	0,6426446
174387	5427,17	22,935	0,21	2.21(2.24)	0,41	2.04(2.03)	0,0102440500	0,5874256
174987	5511,28	22,4639	0,19	1.96(1.83)	0,34	2.10(2.18)	0,0109095200	0,5825361
175094	5528,35	28,0044	0,34	2.39(2.51)	0,19	2.19(2.24)	0,0086815890	0,5845026
175343	5574,25	23,2009	0,56	2.87(2.85)	0,89	2.85(2.85)	0,0005059226	0,6430166
177848	6211,74	20,2851	0,2	2.44(2.44)	0,53	2.67(2.70)	0,0000005482	0,6797406
177971	6236,91	21,066	0,78	3.12(3.09)	0,72	2.92(2.90)	0,0084425710	0,6086310
178819	6541,76	20,6784	0,22	2.61(2.57)	0,42	2.52(2.51)	0,0078358400	0,5915179
179035	6650,64	25,5371	0,24	2.44(2.51)	0,47	2.40(2.39)	0,0030185160	0,6055485
181018	7906,95	19,5282	0,18	2.55(2.55)	0,36	2.50(2.48)	0,0073611890	0,5874787
181250	7958,47	34,3896	0,14	2.47(2.41)	0,38	2.52(2.50)	0,0002119928	0,6184099
184099	8853,77	21,097	0,15	2.90(2.88)	0,42	2.96(2.99)	0,0000642389	0,6321216
184206	8917,25	22,5451	0,34	2.51(2.48)	0,61	2.49(2.47)	0,0005726299	0,6323873
186609	10999,9	21,3719	0,12	3.25(3.26)	0,31	3.16(3.16)	0,0018166520	0,5934311
188895	11967,6	20,4687	0,38	2.60(2.61)	0,4	2.56(2.46)	0,0031000805	0,5982674
190524	14109,5	21,9308	0,27	2.90(2.94)	0,49	2.81(2.83)	0,0043835090	0,6031037

HI = Herzinsuffizienz
AUC=Area Under the Curve

- 5 Spezifität ist definiert als die Nummer der tatsächlich negativen Proben geteilt durch die Summe der Anzahl der tatsächlich Negativen und der Anzahl der

Falsch-Positiven. Eine Spezifität von 100% bedeutet, dass ein Test alle gesunden Personen als gesund erkennt, d.h. kein Gesunder wird als krank identifiziert. Dies trifft keine Aussage darüber, wie gut der Test kranke Patienten erkennt.

- 5 Sensitivität ist definiert als die Anzahl der tatsächlichen positiven Proben geteilt durch die Summe der Anzahl der tatsächlich Positiven und die Anzahl der Falsch-Negativen. Eine Sensitivität von 100% bedeutet, dass der Test alle Kranken erkennt. Er trifft keine Aussage, wie gut der Test gesunde Personen erkennt.
- 10 Durch die erfindungsgemäßen Markern ist es möglich, Herzinsuffizienz mit einer Spezifität von mindestens 60, bevorzugt mindestens 70, mehr bevorzugt 80, noch mehr bevorzugt mindestens 90 und am meisten bevorzugt mindestens 95% zu detektieren.

- 15 Durch die erfindungsgemäßen Markern ist es möglich, Herzinsuffizienz mit einer Sensitivität von mindestens 60, bevorzugt mindestens 70, mehr bevorzugt 80, noch mehr bevorzugt mindestens 90 und am meisten bevorzugt mindestens 95% zu detektieren.

- 20 Die Migrationszeit (CE-Zeit) wird mittels Kapillarelektrophorese (capillary electrophoresis, CE) – wie z.B. im Punkt 2 ausgeführt - bestimmt. In diesem Beispiel wird eine 90 cm lange Glaskapillare mit einem inneren Durchmesser (ID) von 50 μm und einem äußeren Durchmesser (OD) von 360 μm bei einer angelegten Spannung von 30 kV betrieben. Als Laufmittel wird zum Beispiel 30% Methanol, 0,5% Ameisensäure in Wasser verwendet.

- 25 Es ist bekannt, dass die CE-Migrationszeit variieren kann. Dennoch ist die Reihenfolge, mit der die Polypeptidmarker eluieren, für jedes verwendete CE System unter den angegebenen Bedingungen typischerweise gleich. Um dennoch auftretende Unterschiede in der Migrationszeit auszugleichen, kann das System unter Verwendung von Standards, für die die Migrationszeiten genau bekannt sind, normiert werden. Diese Standards können z.B. die in den Bei-
- 30 spielen angegebenen Polypeptide sein (siehe Beispiel Punkt 3), oder bestimmte, bekannte Peptide aus Urin, wie z.B. bei Jantos-Siwy et al. (Quantitative

Urinary Proteome Analysis for Biomarker Evaluation in Chronic Kidney Disease. *J. Proteome. Res.* **8**, 268-281 (2009)) beschrieben.

Die Charakterisierung der Polypeptide, die in der Tabelle 1 gezeigt sind, wurde mittels Kapillarelektrophorese-Massenspektrometrie (CE-MS) bestimmt, einem
5 Verfahren, das z.B. ausführlich von z.B. Neuhoff et al. (*Rapid communications in mass spectrometry*, 2004, Bd. 20, Seite 149-156), Mischak, H. et al. (Capillary electrophoresis-mass spectrometry as a powerful tool in biomarker discovery and clinical diagnosis: An update of recent developments. *Mass Spectrom. Rev.* **28**, 703-724 (2009)), Mischak, H. et al. (Comprehensive human
10 urine standards for comparability and standardization in clinical proteome analysis. *Proteomics Clin Appl.* **4**, 464-478 (2010)), Good, D.M. et al. (Naturally occurring human urinary peptides for use in diagnosis of chronic kidney disease. *Mol. Cell Proteomics* **9**, 2424-2437 (2010)) beschrieben wurde. Die Variation der Molekülmassen zwischen einzelnen Messungen oder zwischen
15 verschiedenen Massenspektrometern ist bei exakter Kalibrierung relativ klein, typischerweise im Bereich von $\pm 0,05\%$, mehr bevorzugt $\pm 0,03\%$, noch mehr bevorzugt $\pm 0,01\%$ oder $0,005\%$.

Die erfindungsgemäßen Polypeptidmarker sind Proteine oder Peptide oder Abbauprodukte von Proteinen oder Peptiden. Sie können chemisch modifiziert
20 sein, z.B. durch posttranslationale Modifikationen wie Glykolisierung, Phosphorylierung, Alkylierung oder Disulfidverbrückung, oder durch andere Reaktionen, z.B. im Rahmen des Abbaus, verändert sein. Ausgehend von den Parametern, die die Polypeptidmarker bestimmen (Molekularmasse und Migrationszeit), ist es möglich, durch im Stand der Technik bekannte Verfahren
25 die Sequenz der entsprechenden Polypeptide zu identifizieren.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide werden verwendet, um Herzinsuffizienz zu diagnostizieren. Unter Diagnose versteht man den Vorgang der Erkenntnisgewinnung durch die Zuordnung von Symptomen oder Phänomenen zu einer Krankheit oder Verletzung. Die An- oder Abwesenheit eines Polypeptidmarkers
30 kann durch jedes im Stand der Technik bekannte Verfahren gemessen werden. Verfahren, die verwendet werden können, sind weiter unten beispielhaft aufgeführt.

Ein Polypeptidmarker ist anwesend, wenn sein Messwert mindestens so hoch ist wie der Schwellenwert. Liegt sein Messwert darunter, ist der Polypeptidmarker abwesend. Der Schwellenwert kann entweder durch die Sensitivität des Messverfahrens (Nachweisgrenze) bestimmt werden oder
5 anhand von Erfahrungen definiert werden.

Im Zusammenhang mit der vorliegenden Erfindung wird der Schwellenwert vorzugsweise überschritten, wenn der Messwert der Probe für eine bestimmte Molekularmasse mindestens doppelt so hoch ist, wie der einer Leerprobe (z.B. nur Puffer oder Lösungsmittel). Der oder die Polypeptidmarker wird/werden in
10 der Weise verwendet, dass seine/ihre An- oder Abwesenheit gemessen wird, wobei die An- oder Abwesenheit indikativ für die Herzinsuffizienz ist. So gibt es Polypeptidmarker, die typischerweise bei Individuen mit Herzinsuffizienz vorhanden sind, jedoch bei Individuen ohne Herzinsuffizienz seltener oder gar nicht auftreten. Weiterhin gibt es Polypeptidmarker, die bei Patienten mit
15 Herzinsuffizienz vorhanden sind, jedoch bei Patienten ohne Herzinsuffizienz nicht oder nur seltener vorhanden sind. Die Häufigkeit, mit der ein Marker in der Gruppe mit Herzinsuffizienz bzw. in der Kontrollgruppe auftritt, ist in Tabelle 2 als Frequenz angegeben.

Zusätzlich oder auch alternativ zu den Frequenz (Bestimmung der An- oder
20 Abwesenheit) können auch die Amplituden zur Diagnose verwendet werden. Die Amplituden werden in der Weise verwendet, dass nicht die An- oder Abwesenheit entscheidend ist, sondern die Höhe des Signals (die Amplitude) bei Anwesenheit des Signals in beiden Gruppen entscheidet. Dabei ist ein Nominierungsverfahren sinnvoll, um eine Vergleichbarkeit zwischen unterschiedlich
25 konzentrierten Proben oder unterschiedlichen Messmethoden zu erreichen. Hierzu werden bevorzugt Kollagen Fragmente eingesetzt, wie bei Jantos Siwy et al. (Quantitative Urinary Proteome Analysis for Biomarker Evaluation in Chronic Kidney Disease. *J. Proteome. Res.* **8**, 268-281 (2009)) detailliert beschrieben. Es wird die lineare Korrelation zwischen den Referenzwerten für die
30 Amplitude der vorgegebenen bekannten Peptide (sogenannte "housekeeping peptides") und den experimentell ermittelten Werten bestimmt. Die Steigerung der Regressionsgeraden entspricht gerade der relativen Konzentration

und wird als Normierungsfaktor zur Kalibration aller Peptidsignale dieser Probe mit einem gemeinsamen Normierungsfaktor eingesetzt.

Die Entscheidung zu einer Diagnose fällt dabei je nachdem, wie hoch die Amplitude der jeweiligen Polypeptidmarker in der Patientenprobe im Vergleich zu den mittleren Amplituden in der Kontrollgruppe bzw. der "Krank"-Gruppe ist. Liegt der Wert nahe an der mittleren Amplitude der "Krank"-Gruppe, ist von dem Vorliegen einer vaskulären Erkrankung auszugehen, entspricht sie eher den mittleren Amplituden der Kontroll-Gruppe, ist nicht von einer vaskulären Erkrankung auszugehen. Der Abstand zur mittleren Amplitude kann als eine Wahrscheinlichkeit für die Zugehörigkeit zu einer Gruppe interpretiert werden. Alternativ kann der Abstand zwischen dem Messwert und der mittleren Amplitude als eine Wahrscheinlichkeit für die Zugehörigkeit zu einer Gruppe betrachtet werden.

Bevorzugt wird zur Auswertung sowohl die Frequenz als auch die Amplitude herangezogen. Jeweils lassen sich aus Messdaten einer unbekannt Probe Wahrscheinlichkeiten für die Zuordnung zu den Gruppen "Herzinsuffizienz" oder 'Gesund' ableiten, aus den sich dann eine Gesamtwahrscheinlichkeit ergibt.

Der Wilcox-p-value ist ein Maß für die Wahrscheinlichkeit, dass die Zuordnung der Marker zu den beiden Gruppen (Herzinsuffizienz und Kontrolle) auf einer zufälligen Verteilung beruht, die nicht mit Herzinsuffizienz in Verbindung steht. Je kleiner der Wilcox-p-value, desto wahrscheinlicher ist die Korrelation mit Herzinsuffizienz.

Der AUC-Wert ist ein Maß für die Aussagekraft der Marker; bei einem AUC-Wert von 0,5 hätte der Marker keine Aussagekraft; bei einem AUC von 1 wäre der Marker in der Lage, zwischen den beiden Gruppen mit 100% Sicherheit zu unterscheiden.

Das Individuum, von dem die Probe stammt, in der die An- oder Abwesenheit oder Amplitude eines oder mehrerer Polypeptidmarker bestimmt wird, kann jedes Individuum sein, das an Herzinsuffizienz leiden kann. Vorzugsweise handelt es sich bei dem Individuum um ein Säugetier, am meisten bevorzugt handelt es sich um einen Menschen.

In einer bevorzugten Ausführungsform der Erfindung werden nicht nur drei Polypeptidmarker, sondern eine größere Kombination von Markern verwendet. Durch Vergleich einer Mehrzahl von Polypeptidmarkern kann die Verfälschung des Gesamtergebnisses durch einzelne individuelle Abweichungen von der typischen Anwesenheitswahrscheinlichkeit im einzelnen Individuum reduziert oder vermieden werden.

Bei der Probe, in der die An- oder Abwesenheit des oder der erfindungsgemäßen Polypeptidmarker gemessen werden, kann es sich um jede Probe handeln, die aus dem Körper des Individuums gewonnen wird. Bei der Probe handelt es sich um eine Probe, die über eine Polypeptidzusammensetzung verfügt, die geeignet ist, Aussagen über den Zustand des Individuums zu treffen. Beispielsweise kann es sich um Blut, Urin, eine Gelenkflüssigkeit, eine Gewebeflüssigkeit, ein Körpersekret, Schweiß, Liquor, Lymphe, Darm-, Magen-, Pankreasreassaft, Galle, Tränenflüssigkeit, eine Gewebeprobe, Sperma, Vaginalflüssigkeit oder eine Stuhlprobe handeln. Vorzugsweise handelt es sich um eine Flüssigprobe. In einer bevorzugten Ausführungsform handelt es sich bei der Probe um eine Urinprobe.

Urinproben können wie im Stand der Technik bekannt genommen werden. Vorzugsweise wird im Zusammenhang mit der vorliegenden Erfindung eine Mittelstrahlurinprobe verwendet. Die Urinprobe kann z.B. mittels eines Katheters oder auch mit Hilfe eines Urinierungsapparates, wie in WO 01/74275 beschrieben, entnommen werden.

Die An- oder Abwesenheit oder Amplitude eines Polypeptidmarkers in der Probe kann durch jedes im Stand der Technik bekannte Verfahren, das zur Messung von Polypeptidmarkern geeignet ist, bestimmt werden. Dem Fachmann sind solche Verfahren bekannt. Grundsätzlich kann die An- oder Abwesenheit eines Polypeptidmarkers durch direkte Verfahren, wie z.B. Massenspektrometrie, oder indirekte Verfahren, wie z.B. mittels Liganden oder spezifischer Sonden wie Antikörper, bestimmt werden.

Falls erforderlich oder wünschenswert kann die Probe des Individuums, z.B. die Urinprobe, vor der Messung der An- oder Abwesenheit des oder der Polypeptidmarker durch jedes geeignete Mittel vorbehandelt und z.B.

aufgereinigt oder aufgetrennt werden. Die Behandlung kann z.B. eine Aufreinigung, Trennung, Verdünnung oder Konzentrierung umfassen. Die Verfahren können beispielsweise eine Zentrifugation, Filtration, Ultrafiltration, Dialyse, eine Fällung oder chromatographische Verfahren wie Affinitätstrennung oder Trennung mittels Ionenaustauscherchromatographie, oder eine elektrophoretische Trennung sein. Besondere Beispiele hierfür sind Gelelektrophorese, zweidimensionale Polyacrylamidgelelektrophorese (2D-PAGE), Kapillarelektrophorese, Metallaffinitätschromatographie, immobilisierte Metallaffinitätschromatographie (IMAC), Affinitätschromatographie auf der Basis von Lektinen, Flüssigchromatographie, Hochleistungsflüssigchromatographie (HPLC), Normal- und Umkehrphasen-HPLC, Kationenaustauscherchromatographie und selektive Bindung an Oberflächen. Alle diese Verfahren sind dem Fachmann gut bekannt und der Fachmann wird das Verfahren in Abhängigkeit von der verwendeten Probe und dem Verfahren zur Bestimmung der An- oder Abwesenheit des oder der Polypeptidmarker auswählen können.

Vorzugsweise wird ein massenspektrometrisches Verfahren verwendet, um die An- oder Abwesenheit oder Amplitude eines Polypeptidmarkers zu bestimmen, wobei diesem Verfahren eine Aufreinigung oder Auftrennung der Probe vorgeschaltet werden kann. Die massenspektrometrische Analyse besitzt gegenüber den derzeit gängigen Verfahren den Vorteil, dass die Konzentration vieler (>100) Polypeptide einer Probe mittels einer einzigen Analyse bestimmt werden kann. Jeder Typ eines Massenspektrometers kann verwendet werden. Mit der Massenspektrometrie ist es möglich, routinemäßig 10 fmol eines Polypeptidmarkers, also 0.1 ng eines 10 kDa Proteins mit einer Messgenauigkeit von ca. $\pm 0.01\%$ aus einem komplexen Gemisch zu vermessen. Bei Massenspektrometern ist eine Ionen-bildende Einheit mit einem geeigneten Analysegerät gekoppelt. Zum Beispiel werden meistens Elektrospray-Ionisations (ESI) Interfaces verwendet, um Ionen aus Flüssigproben zu vermessen, wohingegen die Matrix-assisted-laser-desorption/ionisation (MALDI) Technik verwendet wird, um Ionen aus mit einer Matrix kristallisierten Probe zu vermessen. Zur Analyse der entstandenen Ionen können z.B. Quadrupole, Ionenfallen oder Time-of-flight (TOF) Analysatoren verwendet werden.

Bei der Elektrosprayionisation (ESI) werden die in Lösung vorliegenden Moleküle u.a. unter dem Einfluss von Hochspannung (z.B. 1-8 kV) versprüht, wobei sich geladene Tröpfchen bilden, die durch Verdampfen des Lösungsmittels kleiner werden. Schließlich kommt es durch sog. Coulomb-Explosionen zur
5 Bildung freier Ionen, die dann analysiert und detektiert werden können.

Bei der Analyse der Ionen mittels TOF wird eine bestimmte Beschleunigungsspannung angelegt, die den Ionen eine gleich große kinetische Energie verleiht. Dann wird sehr genau die Zeit gemessen, die die jeweiligen Ionen benötigen, um eine Driftstrecke durch das Flugrohr zurückzulegen. Da bei gleicher
10 kinetische Energie die Geschwindigkeit der Ionen von Ihrer Masse abhängt, kann diese somit bestimmt werden. TOF-Analysatoren haben eine sehr hohe Scan-Geschwindigkeit und erreichen eine sehr hohe Auflösung.

Bevorzugte Verfahren zur Bestimmung der An- oder Abwesenheit von Polypeptidmarkern schließen Gasphasenionenspektrometrie, wie Laserdesorptions/Ionisations-Massenspektrometrie, MALDI-TOF-MS, SELDI-TOF-MS
15 (Surface enhanced laser desorption ionisation), LC-MS (Liquid chromatography- mass spectrometry), 2D-PAGE-MS und Kapillarelektrophorese-Massenspektrometrie (CE-MS) ein. Alle genannten Verfahren sind dem Fachmann bekannt.

Ein besonders bevorzugtes Verfahren ist CE-MS, in welchem die Kapillarelektrophorese mit Massenspektrometrie gekoppelt wird. Dieses Verfahren ist ausführlich z.B. in der deutschen Patentanmeldung DE 10021737, bei Kaiser et al. (*J. Chromatogr. A*, 2003, Bd. 1013:157-171, sowie *Electrophoresis*, 2004, 25:2044-2055), bei Wittke et al. (*J. Chromatogr. A*, 2003, 1013:173-181) und
25 in Ref. 2 beschrieben. Die CE-MS Technik erlaubt, das Vorhandensein einiger Hunderter Polypeptidmarker einer Probe gleichzeitig in kurzer Zeit, einem geringen Volumen und hoher Sensitivität zu bestimmen. Nachdem eine Probe vermessen wurde, wird ein Muster der gemessenen Polypeptidmarker hergestellt (siehe unten). Dieses kann mit Referenzmustern von kranken bzw. ge-
30 sunden Individuen verglichen werden. In den meisten Fällen ist es ausreichend, eine begrenzte Anzahl von Polypeptidmarkern für die Diagnostik von

Erkrankungen zu verwenden. Weiter bevorzugt ist ein CE-MS Verfahren, das CE online an ein ESI-TOF-MS gekoppelt, einschließt.

Für CE-MS ist die Verwendung von flüchtigen Lösungsmitteln bevorzugt, außerdem arbeitet man am besten unter im Wesentlichen salzfreien Bedingungen. Beispiele geeigneter Lösungsmittel umfassen Acetonitril, Methanol und
5 ähnliche. Die Lösungsmittel können mit Wasser verdünnt und mit einer Säure (z.B. 0,1% bis 1% Ameisensäure) versetzt sein, um den Analyten, vorzugsweise die Polypeptide, zu protonieren.

Mit der Kapillarelektrophorese ist es möglich, Moleküle nach ihrer Ladung und
10 Größe zu trennen. Neutrale Teilchen wandern beim Anlegen eines Stromes mit der Geschwindigkeit des elektroosmotischen Flusses, Kationen werden zur Kathode beschleunigt und Anionen verzögert. Der Vorteil von Kapillaren in der Elektrophorese besteht im günstigen Verhältnis von Oberfläche zu Volumen, was einen guten Abtransport der beim Stromfluss entstehenden Jouleschen
15 Wärme ermöglicht. Dies wiederum erlaubt das Anlegen hoher Spannungen (üblicherweise bis 30 kV) und damit eine hohe Trennleistung und kurze Analysezeiten.

Bei der Kapillarelektrophorese werden normalerweise Quarzglaskapillaren mit Innendurchmessern von typischerweise 50 bis 75 μm eingesetzt. Die verwendeten Längen betragen 30-100 cm. Darüber hinaus bestehen die Kapillaren in
20 der Regel aus kunststoffumhüllten Quarzglas. Die Kapillaren können sowohl unbehandelt sei, d.h. auf der Innenseite ihre hydrophilen Gruppen zeigen, als auch auf der Innenseite beschichtet sein. Eine hydrophobe Beschichtung kann verwendet werden, um die Auflösung zu verbessern. Zusätzlich zur Spannung
25 kann auch ein Druck angelegt werden, der typischerweise im Bereich von 0-1 psi liegt. Der Druck kann dabei auch erst während der Trennung angelegt oder währenddessen verändert werden.

In einem bevorzugten Verfahren zur Messung von Polypeptidmarkern werden die Marker der Probe mittels Kapillarelektrophorese getrennt, anschließend
30 direkt ionisiert und online in ein daran gekoppeltes Massenspektrometer zur Detektion überführt. In dem erfindungsgemäßen Verfahren können in vorteilhafter Weise mehrere Polypeptidmarker zur Diagnostik verwendet werden.

Bevorzugt ist die Verwendung von mindestens 5, 6, 8, oder 10 Markern. In einer Ausführungsform werden 20 bis 50 Marker verwendet.

Um die Wahrscheinlichkeit für das Vorliegen einer Erkrankung bei Verwendung mehrerer Marker zu bestimmen, können dem Fachmann bekannte Verfahren verwendet werden. Beispielsweise kann das von Weissinger et al. (*Kidney Int.*, 2004, 65:2426-2434) beschriebene Random-Forests-Verfahren unter Verwendung eines Computerprogramms wie z.B. S-Plus oder die in der selben Veröffentlichung beschriebenen support-vector-machines verwendet werden. Weitere Informationen können beispielsweise Dakna et al. *BMC Bioinformatics* 11 (2010) 594 entnommen werden.

Diese Verfahren kombinieren mehrere Biomarker zu einer einzigen Variable, die sowohl mit der Wahrscheinlichkeit für das Vorliegen der Erkrankung assoziiert ist, als auch mit dem Schweregrad der Erkrankung. Diese Variable kann somit auch eingesetzt werden um die Ausprägung bzw. den Schweregrad der Erkrankung zu bestimmen (z.B. gezeigt in Schiffer et al., Prediction of muscle-invasive bladder cancer using urinary proteomics. *Clin. Cancer Res.* **15**, 4935-4943 (2009) für Blasenkarzinom), als auch um ein mögliches Ansprechen auf Therapie abzubilden (wie z.B. gezeigt in Haubitz et al., Identification and validation of urinary biomarkers for differential diagnosis and evaluation of therapeutic intervention in ANCA associated vasculitis. *Mol. Cell. Proteomics* **8**, 2296-2307 (2009) für ANCA-assoziierte Vasculitis, oder in Andersen et al., Urinary proteome analysis enables assessment of renoprotective treatment in type 2 diabetic patients with microalbuminuria. *BMC Nephrol.* **11**, 29 (2010) für diabetische Nephropathie).

25 **Beispiel 1:**

1. Probenvorbereitung:

Zur Detektion der Polypeptidmarker zur Diagnostik wurde Urin verwendet. Urin wurde von gesunden Spendern (Vergleichsgruppe) sowie Patienten, die an vaskulären Erkrankungen leiden, abgenommen. Für die nachfolgende CE-MS Messung mussten die auch in Urin von Patienten in höherer Konzentration vorkommenden Proteine wie Albumin und Immunglobuline durch Ultrafiltration abgetrennt werden. Dazu wurden 700 µl Urin entnommen und mit 700 µm

- 45 -

Filtrationspuffer (2M Harnstoff, 10mM Ammoniak, 0.02% SDS) versetzt. Diese 1.4 ml Probenvolumen wurden ultrafiltriert (20 kDa, Sartorius, Göttingen, DE). Die UF wurde bei 3000 U/min in einer Zentrifuge durchgeführt bis 1.1 ml Ultrafiltrat erhalten wurden.

- 5 Die erhaltenen 1.1 ml Filtrat wurden dann auf eine PD 10 Säule aufgetragen (Amersham Bioscience, Uppsala, Schweden) und mit 2.5 ml einer 0.01% NH₄OH eluiert und lyophilisiert. Zur CE-MS Messung wurden die Polypeptide dann mit 20 µl Wasser (HPLC-Reinheit, Merck) resuspendiert.

2. CE-MS Messung:

- 10 Die CE-MS Messungen wurden mit einem Kapillarelektrophoresesystem von Beckman Coulter (P/ACE MDQ System; Beckman Coulter Inc, Fullerton, USA) und einem ESI-TOF Massenspektrometer von Bruker (micro-TOF MS, Bruker Daltonik, Bremen, D) durchgeführt. Die CE Kapillaren wurden von New Objective bezogen, sie hatten einen ID/OD von 50/360 µm und eine Länge
15 von 90 cm. Die mobile Phase für die CE Trennung bestand aus 20% Acetonitril und 0.25% Ameisensäure in Wasser. Für den "Sheath-Flow" am MS wurde 30% Isopropanol mit 0.5% Ameisensäure verwendet, hier mit einer Flussrate von 20 µl/h. Die Kopplung von CE und MS wurde durch ein CE-ESI-MS Sprayer Kit (Agilent Technologies, Waldbronn, DE) realisiert. Um die Probe zu injizie-
20 ren, wurde 1 bis max. 6 psi Druck angelegt, die Dauer der Injektion betrug 99 Sekunden. Mit diesen Parametern wurden ca. 300 nl der Probe in die Kapillare injiziert, dieses entspricht ca. 10% des Kapillarvolumens. Um die Probe in der Kapillare aufzukonzentrieren wurde eine "Stacking"-Technik verwendet. Dabei wird vor der Probeninjektion für 7 Sek. (bei 1 psi) eine 1M NH₃ Lösung inji-
25 ziert.. Nach Anlegen der Trennungsspannung (25 kV) werden die Analyten zwischen diesen Lösungen automatisch aufkonzentriert. Die folgende CE-Trennung wurde mit einer Druckmethode durchgeführt: 30 Minuten mit 0 psi, dann für 1 min 0.1 psi, für 1 min 0.2 psi, für 1 min 0.3 psi, für 1 min 0.4 psi, abschließend 35 min bei 0.5 psi. Die Gesamtdauer eines Trennlaufes betrug
30 damit 70 Minuten.

Um auf der Seite des MS eine möglichst gute Signalintensität zu erhalten, wurde kein "Nebulizer Gas" eingesetzt. Die an der Spraynadel angelegte

Spannung zur Erzeugung des Elektrosprays betrug 4000 - 4800 V. Die übrigen Einstellungen am Massenspektrometer wurden gemäß Anweisung des Herstellers für Peptiddetektion optimiert. Die Spektren wurden über einen Massenbereich von m/z 400 bis m/z 3000 aufgenommen und alle 3 Sek. akkumuliert.

5 3. Standards für die CE-Messung

Zur Kontrolle und Kalibrierung der CE-Messung wurden die folgenden Proteine bzw. Polypeptide eingesetzt, welche unter den gewählten Bedingungen durch die unten aufgeführten CE-Migrationszeiten charakterisiert sind:

Protein/Polypeptid	Migrationszeit	Masse (Da)
Aprotinin, (SIGMA, Taufkirchen, DE; Kat.Nr. A1153)	19.3 min	6513,09
Ribonuclease, SIGMA, Taufkirchen, DE; Kat.Nr.; R4875	19.55min	13681,32
Lysozym, SIGMA, Taufkirchen, DE; Kat.Nr.; L7651	19.28 min	14303,88
"REV", Sequenz: REVQSKIGYGRQIIS	20.95 min	1732,96
"ELM", Sequenz: ELMTGELPYSHINNRDQIIFMVGR	23.49 min	2333,19
"KINCON", Sequenz: TGSLPYSHIGSRDQIIFMVGR	22.62 min	2832,41
"GIVLY" Sequenz: GIVLYELMTGELPYSHIN	32.2 min	2048,03

10 Die Proteine/Polypeptide werden jeweils in einer Konzentration von 10 pmol/ μ l in Wasser eingesetzt. "REV", "ELM", "KINCON" und "GIVLY" stellen synthetische Peptide dar.

Es ist dem Fachmann prinzipiell bekannt, dass bei kapillarelektrophoretischen Trennungen geringe Schwankungen der Migrationszeiten auftreten können.

15 Unter den beschriebenen Bedingungen ändert sich jedoch die Migrationsreihenfolge nicht. Es ist für den Fachmann in Kenntnis der angegebenen Massen und CE-Zeiten problemlos möglich, eigene Messungen den erfindungsgemäßen Polypeptidmarkern zuzuordnen. Hierzu kann er beispielsweise wie folgt vorgehen: zunächst wählt er eines der in seiner Messung gefundenen Polypeptide

20 (Peptid 1) aus und versucht, innerhalb eines Zeitfensters der angegebenen CE-Zeit (beispielsweise \pm 5 min) eine oder mehrere übereinstimmende Massen zu finden. Findet er innerhalb dieses Intervalls nur eine übereinstimmende Masse, ist die Zuordnung fertig gestellt. Findet er mehrere passende Massen, muss noch eine Entscheidung über die Zuordnung gefällt werden. Hierzu wird

25 ein weiteres Peptid (Peptid 2) aus der Messung ausgewählt und versucht,

hierfür einen passenden Polypeptidmarker zu identifizieren, wobei wieder ein entsprechendes Zeitfenster berücksichtigt wird. Lassen sich nun wiederum mit einer entsprechenden Masse mehrere Marker finden, ist die wahrscheinlichste Zuordnung die, bei der zwischen der Verschiebung für das Peptide 1 und für das Peptid 2 ein im Wesentlichen linearer Zusammenhang besteht. In Abhängigkeit von der Komplexität des Zuordnungsproblems bietet es sich für den Fachmann an, gegebenenfalls weitere Proteine aus seiner Probe für die Zuordnung zu verwenden, beispielsweise zehn Proteine. Typischerweise sind die Migrationszeiten entweder um gewisse absolute Werte verlängert oder verkürzt oder es treten Stauchungen oder Strickungen des gesamten Verlaufs auf. Co-migrierende Peptide co-migrieren aber auch unter solchen Bedingungen.

Zudem kann der Fachmann sich die von Zuerbig et al. in Electrophoresis 27 (2006), Seiten 2111 - 2125 beschriebenen Migrationsmuster zu nutze machen. Wenn er mit Hilfe eines einfachen Diagramms seine Messung in Form von m/z versus Migrationszeit aufträgt, werden ebenfalls die beschriebenen Linienmuster sichtbar. Durch Abzählen der Linien ist nun eine einfache Zuordnung der einzelnen Polypeptide möglich. Auch andere Vorgehensweisen zur Zuordnung sind möglich. Grundsätzlich könnte der Fachmann auch die oben genannten Peptide als internen Standard verwenden, um seine CE-Messungen zuzuordnen.

4. Sequenzierung von Polypeptiden

Die Sequenzierung der durch dieses Verfahren ermittelten Polypeptide ist dem Fachmann grundsätzlich bekannt. Es kann folgendes Verfahren verwendet werden.

Die Urinproben wurden gemäß Carty DM et al. (Urinary proteomics for prediction of preeclampsia. Hypertension. 2011;57:561-9) mit einem Dionex-Ultimate-3000-RSLS-Nanoflusssystem (Dionex, Camberley, UK) (LC/MS) analysiert. Die Proben (5 μ l) wurden mit einer Fließgeschwindigkeit von 5 μ l/min in 0,1% Ameisensäure und 2% Acetonitril auf eine Dionex-C18-Nano-Trap-Säule (0.1 x 20 mm, 5 μ m) aufgegeben. Die Probe wurde mit einer Fließgeschwindigkeit von 0,3 μ l/min auf eine Acclaim-PepMap-C18-Nanosäule (75 μ m

- 48 -

x 15cm, 2µm, 100 Å) eluiert. Die Trap- und die Nanoflusssäule wurden auf 35 °C gehalten. Die Proben wurden über 100 min mit einem Gradienten von Lösungsmittel A, 0,1% Ameisensäure, gegen Lösungsmittel B, Acetonitril, beginnend mit 5% B und ansteigend auf 50% B, eluiert. Die Säule wurde mit 90% B gewaschen, bevor sie vor der nächsten Probe äquilibriert wurde. Der Eluent aus der Säule wurde unter Verwendung einer Proxeon-Nanospray-ESI-Quelle (Thermo Fisher, Hemel Hempstead, UK), die im positive-Ionen-Modus arbeitete, in ein Orbitrap-Velos-FTMS hinein ionisiert. Die Ionisierungsspannung betrug 2,5 kV, und die Kapillartemperatur betrug 200 °C. Das Massenspektrometer wurde im MS/MS-Modus mit einem Scanbereich von m/z 380 bis 2000 amu betrieben. Die 10 größten mehrfach geladenen Ionen wurden aus jedem Scan für die MS/MS-Analyse ausgewählt; bei dem Fragmentierungsverfahren handelte es sich um HCD mit 35% Kollisionsenergie. Die Ionen wurden mit Hilfe eines datenabhängigen Verfahrens mit einer Wiederholungszahl von 1 und Ausschlusszeit von 15 s für MS2 ausgewählt. Die Ionenauflösung betrug 60000 in MS1 und 7500 für HCD-MS2. Die Dateien wurden für eine Recherche gegen die humane nichtredundante Datenbank IPI unter Verwendung des Open Mass Spectrometry Search Algorithm (OMSSA, <http://pubchem.ncbi.nlm.nih.gov/omssa>) und SEQUEST (unter Verwendung des Thermo Proteome Discoverer) verwendet, ohne jede Enzymspezifität. Es wurden keine festgelegte Modifikation und Oxidation von Methionin und Prolin als variable Modifikationen gewählt. Das zulässige Massenfehlerfenster für MS bzw. MS/MS betrug 10 ppm bzw. 0.05 Da. Im Falle von SEQUEST wurden die Peptiddaten unter Verwendung von hoher Peptidkonfidenz- und Top-One-Peptidrangfilter herausgezogen. 1% FDR wurde als Schwellenwert für die Angabe identifizierter Peptide verwendet. Die Korrelation zwischen Peptidladung beim Arbeits-pH von 2 und CE-Migrationszeit wurde ausgenutzt, um das Auftreten falsch positive Identifikationen zu minimieren (Zürbig,P. *et al.* Biomarker discovery by CE-MS enables sequence analysis via MS/MS with platform-independent separation. *Electrophoresis* **27**, 2111-2125 (2006)). Die auf der Basis der Zahl der basischen Aminosäuren berechnete CE-Migrationszeit wurde mit der experimentellen Migrationszeit verglichen. Akzeptiert wurden nur diejenigen Peptide, die mit beiden Suchalgorithmen (OMSSA und

SEQUEST) gefunden wurden und die eine Masseabweichung von unter ± 10 ppm aufwiesen, Fragmentionen mit einer Masseabweichung von unter ± 0.05 Da und einer Abweichung der CE-Migrationszeit von unter ± 2 min.

Beispiel 2

5 Aus der FLEMENGHO Studie wurden 16 Patienten mit symptomatischem Herzversagen und 16 gesunde Kontrollen ausgewählt und Urinproben verblindet vermessen. Unter Zugrundelegung der Marker ergab sich eine Genauigkeit der Klassifikation von 0,84 (95% Intervall 0,70 bis 0,98, $p = 0,001$; siehe Figur 1).

10 **Beispiel 3**

Figur 2 zeigt Messwerte der erfindungsgemäßen Biomarker für zwei unbekann-
te Proben. Eine Amplitude von 0 bedeutet, dass der Marker nicht gefunden
wurde. Aus den Frequenz und Amplitudendaten wurde ein Scoring für die Zu-
gehörigkeit zu den Gruppen Herzinsuffizienz und Gesund abgeleitet. Ein Mess-
15 wert, der von der Frequenz/Amplitude zur Gruppe Herzinsuffizienz gehörte,
erhielt einen positiven Score; ein Messwert, der von der Frequenz/Amplitude
zur Gruppe Gesund gehörte, bekam einen negativen Score. Je dichter der
Wert an den Werten der Tabelle 2, desto (absolut) größer der Score. Anschlie-
ßend wurden die einzelnen Scorewerte kombiniert, wobei auch die Wilcox-p-
20 values und AUC Werte in die Beurteilung einfließen. Es ergab sich für Probe 1
ein Score-Wert: 1.701, für Probe 2 ein Score-Wert: Score: -0.853.

Anschließend wurden die Patienten untersucht: Proband 1 hatte eine klinische
noch nicht sichtbare Herzinsuffizienz, während solche Anzeichen bei Proband 2
nicht gefunden wurden.

25 **Beispiel 4**

Figur 3 zeigt Messwerte für die gleichen Probanden, bei denen nur drei Marker
ausgewertet wurden.

Proband 1: Die Marker mit der ID 5675 und 14906 wurden in der Probe nicht
gefunden. Da diese Marker in der Herzinsuffizienzgruppe seltener auftreten,,
30 ist die Abwesenheit ein positiver Score für Herzinsuffizienz. Marker 17968 tritt
in der 'Gesunden'-Gruppe häufiger auf; daher ergibt sich ein negativer Score
aus der Anwesenheit des Markers. Allerdings liegt die Amplitude sehr dicht an

- 50 -

der mittleren Amplitude der Herzinsuffizienzgruppe, dies ist ein starker positiver Score; es ergibt sich ein Gesamtscore von 1.063.

Bei Proband 2 ergibt sich aus der Anwesenheit des Markers 5675 ein negativer Score. Die Amplitude von 2,34 liegt zwischen der Herzinsuffizienz- und der
5 Kontrollgruppe, aber geringfügig dichter an der Herzinsuffizienzgruppe, daraus ergibt sich ein kleiner positiver Score.

Für den Marker 14906 ergibt sich aus der Anwesenheit ein negativer Score, darüber hinaus ist die Amplitude dicht an der mittleren Amplitude der Kontrollgruppe, so dass sich insgesamt ein negativer Score gibt.

10 Aus der Anwesenheit des Markers 17968 ergibt sich aufgrund der Frequenzen ein negativer Score; darüber hinaus ergibt sich aus der Amplitude von 2,67 eine weitere Zuordnung zu Kontrollgruppe und damit ein weiterer negativer Score.

Insgesamt ergibt sich aus den drei Messwerten für Proband 2 ein Score von
15 -1,185.

Die Zuordnung der Probanden 1 und 2 konnte in einer klinischen Untersuchung bestätigt werden.

20

Patentansprüche

1. Verfahren zur Diagnose von Herzinsuffizienz umfassend den Schritt der Bestimmung einer An- oder Abwesenheit oder Amplitude von mindestens drei Polypeptidmarkern in einer Urinprobe, wobei der Polypeptidmarker ausgewählt sind aus den Markern, die in Tabelle 1 durch Werte für die Molekularmassen und die Migrationszeit charakterisiert sind.
5
2. Verfahren nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, dass eine Auswertung der bestimmten An- oder Abwesenheit oder Amplitude der Marker anhand der in Tabelle 2 aufgeführten Referenzwerte erfolgt.
10
3. Verfahren nach mindestens einem der Ansprüche 1 bis 2, wobei mindestens fünf, mindestens sechs, mindestens acht, mindestens zehn, mindestens 20 oder mindestens 50 Polypeptidmarker verwendet werden, wie sie in Anspruch 1 definiert sind.
- 15 4. Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 3, wobei die Probe eines Individuums eine Mittelstrahlurinprobe ist.
5. Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 4, wobei Kapillarelektrophorese, HPLC, Gasphasenionenspektrometrie und/oder Massenspektrometrie zur Bestimmung der An- oder Abwesenheit oder Amplitude der Polypeptidmarker verwendet wird.
20
6. Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 5, wobei vor einer Messung der Molekularmasse der Polypeptidmarker eine Kapillarelektrophorese durchgeführt wird.
7. Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 6, wobei Massenspektrometrie zum Nachweis der An- oder Abwesenheit des/der Polypeptidmarker verwendet wird.
25
8. Verwendung von mindestens drei Polypeptidmarker ausgewählt aus den Markern gemäß Tabelle 1, die durch die Werte für die Molekularmassen und die Migrationszeit charakterisiert ist, zur Diagnostik von Herzinsuffizienz.
30
9. Verfahren zur Diagnose von Herzinsuffizienz umfassend die Schritte
 - a) der Auftrennung einer Probe in mindestens fünf, bevorzugt 10 Teilproben,

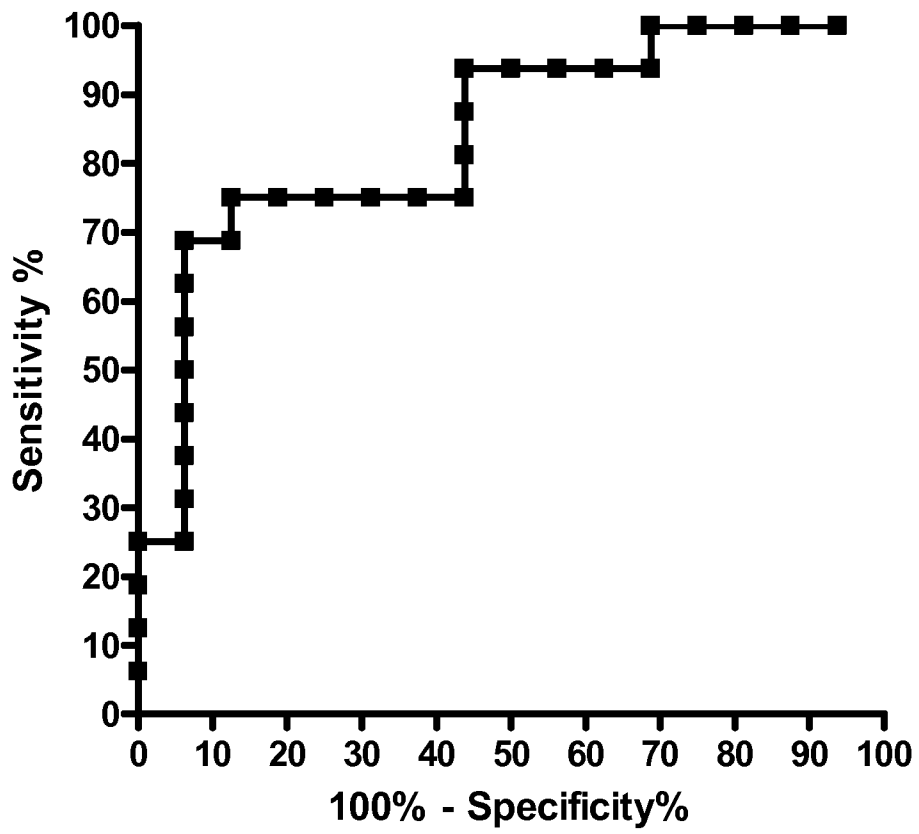
- 52 -

- b) Analyse von mindestens fünf Teilproben zur Bestimmung einer An- oder Abwesenheit oder Amplitude mindestens eines Polypeptidmarkers in der Teilprobe, wobei der Polypeptidmarker ausgewählt ist aus den Markern der Tabelle 1, die durch die Molekularmassen und Migrationszeit (CE-Zeit) charakterisiert sind.
- 5
10. Verfahren nach Anspruch 9, wobei mindestens 10 Teilproben gemessen werden.
11. Verfahren nach mindestens einem der Ansprüche 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, dass die CE-Zeit bezogen ist auf eine 90 cm lange
- 10 Glaskapillare mit einem inneren Durchmesser (ID) von 50 µm bei einer angelegten Spannung von 25 kV, wobei als Laufmittel 20% Acetonitril, 0,25% Ameisensäure in Wasser verwendet wird.
12. Verfahren nach mindestens einem der Ansprüche 1 bis 7 oder 9 bis 11, wobei die Sensitivität mindestens 60% und der Spezifität mindestens
- 15 40% beträgt.
13. Verfahren nach mindestens einem der Ansprüche 1 bis 12, wobei die Herzinsuffizienz eine linksventrikuläre Störung ist.
14. Verfahren nach mindestens einem der Ansprüche 1 bis 13, wobei die Herzinsuffizienz eine linksventrikuläre, diastolische Herzinsuffizienz ist.
- 20 15. Verfahren nach mindestens einem der Ansprüche 1 bis 14, wobei die Herzinsuffizienz asymptomatisch ist.
16. Verfahren zur Beurteilung der Entwicklung einer Herzinsuffizienz umfassend die Durchführung des Verfahrens gemäß einem der Ansprüche 1 bis 15 zu zwei verschiedenen Zeitpunkten.
- 25 17. Verfahren nach Anspruch 16 zur Beurteilung einer therapeutischen Intervention.
18. Verfahren zur Prognose der Entwicklung einer Herzinsuffizienz umfassend den Schritt der Bestimmung einer An- oder Abwesenheit oder Amplitude von mindestens drei Polypeptidmarkern in einer Urinprobe, wobei der Polypeptidmarker ausgewählt sind aus den Markern, die in
- 30 Tabelle 1 durch Werte für die Molekularmassen und die Migrationszeit charakterisiert sind.

- 53 -

19. Verfahren nach Anspruch 18, dadurch gekennzeichnet, dass die Herzinsuffizienz bereits klinisch relevant ist.

Figur 1



- 2/16 -

Figur 2

Pr_ID	Masse	CE-T	P1	P2
912	826,2	33,41	2,62	0
1495	838,4	35,06	0	0
1577	840,41	23,17	2,38	1,53
2505	858,39	23,24	2,3	0
2659	860,36	26,14	1,93	2,43
3052	868,41	23,31	2,35	0
3472	875,48	21,94	0	1,42
3608	879,5	19,88	3,07	0
3743	883,41	23,26	1,95	0
3796	884,29	43,81	0	0
4730	898,32	26,05	2,24	0
4845	900,27	43,66	1,98	0
4976	902,41	20,85	2,48	2,94
5184	906,18	34,26	3,07	0
5661	911,26	34,35	3,61	1,91
5675	911,43	25,88	0	2,34
6803	928,37	35,46	0	0
7408	935,45	23,68	0	0
7953	940,44	25,14	2,69	0
8390	945,42	25,72	0	2,69
8503	947,47	24,74	0	2,15
8695	949,22	34,33	3,86	0
8725	949,4	25,79	0	0
9930	963,49	21,81	0	2,38
11282	980,5	22,41	0	1,69
11413	981,59	24,8	1,96	2,32
12264	992,42	20,4	0	1,5
12380	994,43	25,07	0	0
12434	995,39	25,11	3,16	0
12993	1009,41	20,98	0	1,87
12998	1009,45	27,27	2,14	1,65
13145	1012,5	35,03	0	0
13342	1016,45	25,79	2,75	3,43
13429	1018,46	24,54	0	0
13746	1025,47	25	2,72	0
13747	1025,46	25,6	0	2,61
14047	1032,45	25,9	1,62	2,69
14071	1032,5	21,21	3,68	2,83
14478	1040,47	25,05	2,96	2,46
14751	1046,43	27,64	0	0
14763	1046,51	25,35	0	0
14906	1050,48	26,92	0	2,72
15216	1058,48	24,89	0	0
15296	1060,38	38,31	0	0
15561	1065,5	25,45	0	1,3
15776	1068,45	24,76	3,99	3,04

- 3/16 -

15887	1069,47	26,33	0	2,85
16059	1071,49	21,43	0	2,38
16168	1073,32	35,32	4,53	3,3
16773	1080,48	27,77	0	0
16779	1080,5	25,69	0	0
16976	1084,43	25,23	4,02	0
17045	1085,42	20,77	0	0
17694	1096,48	26,08	0	3,62
17830	1097,5	25,41	0	0
17899	1098,52	20,89	2,69	0
17968	1099,49	28,24	2,28	2,67
18029	1100,5	37,04	0	0
18077	1101,47	22,27	0	2,39
18358	1107,43	25,14	0	0
18604	1110,39	33,63	0	1,92
18833	1113,46	27,3	2,48	0
18939	1114,48	24,21	2,69	2,59
18943	1114,49	25,55	3,78	3,5
18988	1115,5	21,57	0	0
19046	1116,53	20,85	0	0
19137	1118,49	37,76	2,35	0
19284	1121,49	27,68	0	0
19655	1126,51	25,52	0	0
19773	1128,39	33,59	0	3,41
19791	1128,49	25,65	0	0
19828	1129,46	27,91	0	1,99
19871	1130,34	35,39	0	0
20072	1134,58	23,66	2	0
20204	1137,51	26,43	0	1,5
20457	1138,59	19,51	0	1,93
20659	1139,49	20,97	2,96	1,57
20700	1140,52	25,38	2,68	0
20750	1141,52	24,51	1,84	2,93
20756	1141,54	37,33	0	0
20862	1143,52	36,97	0	2,18
20896	1144,36	35,49	0	0
21641	1155,49	20,85	2,94	1,69
21747	1157,54	37,44	2,02	2,72
21972	1160,36	35,6	3,76	3,13
22089	1162,54	20,11	2,12	2,49
22725	1171,51	29,18	0	1,92
22835	1173,53	37,49	0	2,11
23224	1178,39	20,71	0	2,54
23356	1179,52	37,49	0	0
23409	1180,52	35,7	1,98	2,74
23423	1180,54	25,62	0	0
23518	1182,55	28,27	0	1,56
23628	1184,56	26,4	0	1,99

- 4/16 -

23697	1186,53	22,39	1,73	3,1
23724	1187,36	35,69	3,78	2,91
23968	1191,52	36,18	1,73	0
24113	1194,55	29,2	0	2,73
24168	1195,48	37,51	0	0
24291	1196,32	36,11	5,03	4,14
24308	1196,52	21	3,73	0
24449	1199,58	21,95	2,6	2,71
24510	1200,54	24,14	3,76	0
24660	1203,57	26,76	0	0
24958	1209,53	26,15	2,31	2,81
25053	1211,54	25,82	2,46	0
25099	1212,56	21,2	0	0
25294	1215,43	27,59	0	0
25295	1215,45	26,88	0	2,94
25363	1216,54	24,24	2,84	0
25429	1217,53	35,78	0	3,46
25866	1223,55	27,46	0	0
26098	1225,32	35,69	0	0
26163	1226,53	21,02	3,03	0
26412	1231,42	21,51	0	2,72
26670	1235,56	26,65	2,67	3,41
26879	1238,56	21,14	2,96	0
27350	1247,52	22	0	3,54
27742	1251,62	22,53	0	0
28005	1255,48	35,77	0	0
28103	1257,44	33,92	3,6	3,5
28132	1257,64	19,92	0	0
28281	1260,56	21,83	2,59	2,89
28385	1262,46	38,23	2,73	1,9
28466	1263,54	22,73	0	3,14
28561	1265,59	27,09	0	0
28669	1267,54	21,17	2,63	0
28747	1268,57	27,25	3,88	0
28850	1270,55	29,38	1,84	0
29279	1276,4	35,92	4,24	3,58
29538	1281,58	27,09	0	0
29685	1283,55	27,27	0	0
29823	1286,42	36,41	0	0
29840	1286,54	29,41	0	0
29906	1287,59	21,87	2,67	3,22
30136	1292,39	36,16	0	0
30524	1296,61	21,69	0	0
30575	1297,58	27,36	0	0
30699	1299,58	22,38	0	2,48
31275	1310,59	21,39	0	0
31480	1312,55	29,77	3,67	0
31524	1312,62	20,01	0	0

- 5/16 -

32022	1319,58	20,89	2,33	0
32171	1321,59	28,37	3,59	4,23
32336	1324,57	21,27	0	0
32343	1324,59	28,7	1,98	0
32470	1326,55	29,2	2,5	2,93
32471	1326,56	27,11	3,28	0
32481	1326,57	21,67	2,53	0
32823	1332,54	21,74	0	2,11
32874	1333,42	36,11	2,29	0
33135	1338,6	23,99	3,26	3,25
33209	1339,6	27,49	0	0
33238	1340,59	28,4	2,83	0
33812	1352,56	29,77	0	2,42
33938	1353,59	21,48	3,5	0
33973	1353,66	25,63	0	2,9
34009	1354,61	35,71	0	0
34017	1354,64	22,14	2,3	0
34267	1359,61	23,19	0	0
34339	1361,63	21,99	0	3,06
34432	1363,43	36,34	3,78	3,29
34766	1367,64	38,88	0	2,58
35204	1375,6	23,25	0	0
35339	1378,61	28,82	3,25	3,48
35424	1380,64	23,83	1,99	2,93
35550	1383,64	38,94	0	1,92
35979	1390,44	36,95	4,31	4,48
36500	1399,62	28,74	2,25	0
36566	1401,38	36,56	0	1,62
36586	1401,66	40,04	2,29	2,1
36759	1405,61	39,04	0	1,81
36769	1405,64	20,14	0	2,43
36868	1407,66	37,23	0	2,62
36988	1408,66	39,13	0	2,78
37056	1409,58	22,04	4,46	4,06
37124	1410,62	19,9	2,25	0
37340	1415,64	23,55	0	0
37603	1421,49	37,02	2,49	0
37610	1421,59	38,71	0	0
37662	1422,6	21,72	4,2	3,46
37903	1424,66	39,3	2,85	3,34
37949	1425,59	22,32	3,86	3,61
38011	1426,64	22,42	0	1,99
38586	1435,51	19,75	0	0
38752	1438,45	36,76	4,5	3,98
38780	1438,66	30,2	3,11	2,57
38790	1438,66	22,01	2,7	0
38798	1438,67	27,88	3,81	3,32
38879	1439,66	29,82	3,46	0

- 6/16 -

38910	1440,56	24,3	2,09	0
38951	1440,66	39,28	0	0
39064	1442,63	27,63	0	0
39275	1445,62	37,36	0	0
39322	1446,64	39,43	0	0
39607	1447,7	19,47	2,89	2,35
40091	1449,64	21,86	3,27	3,68
40294	1452,66	23,61	2,4	3,16
40487	1457,6	21,93	2,41	0
40541	1458,63	27,94	0	2,49
40737	1462,62	39,42	0	0
41434	1466,65	28,52	2,9	2,9
41471	1467,67	21,29	2,22	0
41601	1469,67	23,69	3,71	3,35
41665	1470,68	21,08	0	1,99
41972	1478,61	39,3	0	1,33
42188	1483,66	22,59	0	0
42216	1483,7	20,65	1,89	3,18
42378	1486,68	21,15	0	2,75
42404	1487,65	29,62	2,53	2,71
42594	1491,74	39,83	1,76	2,65
42722	1493,63	21,84	2,31	0
42776	1494,66	30,4	2,76	2,12
42866	1496,68	30,37	0	2,1
42867	1496,63	22,34	0	1,97
43226	1503,66	29,68	0	0
43442	1507,74	40,02	3	3,41
43543	1508,68	29,33	2,62	3,36
43605	1509,79	29,5	4,07	0
43828	1512,69	26,62	1,78	0
43851	1513,44	36,79	0	2,01
43863	1513,63	29,51	0	1,86
44146	1518,6	19,37	0	0
44464	1521,69	30,53	2,42	0
44592	1523,67	21,97	0	0
44633	1523,84	29,75	2,82	0
44679	1524,65	20,03	2,55	2,57
44802	1526,69	23,92	0	2,33
45021	1532,62	26,35	0	2,43
45243	1535,68	22	0	0
45980	1552,5	37,21	3,61	3,62
46091	1554,66	28,59	0	2,03
46184	1556,74	40,03	0	0
46338	1560,58	21,77	0	2,76
46369	1560,7	29,79	0	0
46542	1561,45	36,96	2,95	2,84
46606	1562,69	22,46	0	3,14
46725	1564,72	28,37	0	0

- 7/16 -

46756	1565,69	26,3	2,43	0
47285	1575,75	30,2	0	0
47402	1576,67	43,3	3,81	2,43
47855	1576,74	19,51	2,84	2,61
48394	1583,7	23,27	0	2,79
48417	1584,51	37,5	3,46	3,13
48520	1586,74	28,88	1,73	2,04
48580	1588,71	30,15	2,59	3,02
48751	1592,7	22,18	0	2,84
49122	1592,73	19,52	0	2,54
49243	1593,69	22,38	0	0
49295	1594,73	23,05	3,08	2,28
49334	1595,69	20,15	2,98	0
49608	1602,74	28,97	2,16	2,01
49713	1604,73	30,34	0	0
49948	1608,68	22,35	0	2,62
49958	1608,73	30,93	2,19	0
50008	1609,75	30,2	0	3,18
50056	1610,87	30,29	3,44	0
50172	1612,76	23,38	0	2,07
50212	1613,82	23,99	2,33	2,16
50384	1616,73	40,25	0	0
50638	1620,7	22,66	0	2,72
50766	1622,7	30,44	0	0
50838	1623,73	29,86	1,55	0
50840	1623,73	24,12	4,18	3,79
50904	1624,55	37,73	3,36	3,29
51175	1630,74	20,65	0	2,15
51328	1632,71	40,15	0	0
51838	1635,65	37,38	0	0
51865	1635,76	30,34	3,31	0
51916	1636,7	20,03	0	1,88
52189	1640,58	23,24	3,59	4,08
52320	1643,74	29,53	2,21	2,23
52446	1645,76	20,61	0	2,61
52730	1649,71	19,58	0	1,61
52769	1649,73	22,64	0	2,98
53328	1657,72	22,9	0	1,32
53375	1658,59	21,46	0	2,5
53393	1658,73	29,94	0	0
53744	1666,78	30,66	2,11	0
53800	1667,79	40,56	2,45	2,5
53866	1668,81	40,47	0	0
53957	1669,69	21,46	2,63	0
54184	1673,76	40,72	0	0
54269	1675,71	29,2	2,33	0
54421	1679,7	22,6	0	0
54438	1679,95	23,82	3,96	3,92

- 8/16 -

54703	1684,71	29,65	0	0
55001	1689,8	27,55	0	2,29
55143	1692,8	30,89	0	3,43
55314	1693,76	20,51	1,95	0
55315	1693,76	23,48	0	1,8
55450	1694,78	23,59	0	2,3
55484	1695,73	23,18	0	0
55516	1696,72	23,95	0	1,39
55582	1697,74	30,88	3,05	3,42
55917	1703,84	33,58	2,99	0
56011	1705,73	40,44	0	0
56099	1707,81	23,59	0	0
56139	1708,79	30,59	2,7	0
56493	1716,66	20,18	0	2,75
56514	1716,77	28	0	3,04
56662	1720,69	19,67	0	0
56806	1723,52	37,74	2,4	1,53
56884	1725,59	38,32	3,07	3,44
56992	1728,77	36,77	0	2,21
57265	1732,77	28,18	3,03	3,78
57360	1734,66	19,9	0	0
57531	1737,78	31	3,48	3,56
57537	1737,78	23,73	3,81	3,83
57888	1746,59	38,21	0	2,07
58050	1749,81	30,61	0	2,87
58084	1750,78	23,83	0	3,3
58355	1754,9	31,26	3,3	3,65
58633	1761,69	19,37	0	0
58759	1761,83	21,65	0	2,38
58880	1764,68	19,91	0	2,63
58941	1765,81	31	3,06	3,69
59142	1769,71	28,14	3,3	1,33
59149	1769,78	30,98	0	0
59295	1773,82	34,6	1,67	0
59368	1775,79	31,48	0	0
59773	1783,79	39,82	2,28	2,47
59928	1788,84	29,87	2,82	0
60126	1793,88	32,37	2,12	2,6
60149	1794,8	23,92	3,88	3,45
60248	1796,77	30,92	0	0
60352	1798,72	36,95	0	2,8
60628	1806,83	23,06	0	1,59
60751	1807,81	20,65	3,25	3,18
60816	1808,79	23,72	2,25	2,72
60975	1812,79	24,14	0	0
61192	1816,9	33,75	0	0
61221	1817,69	20,23	2,99	3,75
61304	1818,83	30,95	0	2,05

- 9/16 -

61332	1819,8	23,36	4,02	3,76
61340	1819,83	32,13	0	0
61404	1821,82	31,78	0	3,02
61405	1821,81	30,17	3,14	0
61573	1825,79	20,14	3,57	3,48
61576	1825,8	31,93	0	3,12
61711	1828,85	21,2	3,21	2
61945	1834,82	31,09	3,07	3,31
61984	1835,71	19,91	0	3,09
62000	1835,84	24,04	0	0
62080	1837,8	30,56	0	2,43
62256	1841,75	35,66	0	0
62323	1842,85	24,07	0	0
62547	1847,89	43,67	0	0
62580	1848,81	30,81	2,77	2,01
62866	1854,81	40,92	4,2	3,91
63098	1858,84	24,26	2,74	0
63135	1859,8	31,39	0	3,05
63143	1859,83	24,41	2,87	2,56
63209	1860,83	21,4	3,44	3
63427	1865,81	32,98	0	0
63517	1867,95	25,15	3,7	0
63812	1874,83	30,82	0	2,68
63910	1876,87	22,2	3,31	2,89
64054	1878,79	20,72	0	2,39
64067	1878,85	32,18	1,5	2,09
64170	1880,9	43,91	0	0
64431	1885,65	38,82	2,64	2,58
64493	1886,86	27,3	0	0
64869	1892,77	40,25	0	2,06
64899	1892,97	24,56	0	2,91
65035	1895,07	21,4	3,51	0
65257	1899,85	24,83	2,07	2,08
65312	1900,87	32	0	2,59
65368	1901,82	43,83	0	0
65593	1907,77	23,78	0	1,4
66054	1915	33,63	0	0
66161	1916,77	20,32	0	3,51
66197	1916,95	34,19	0	2,29
67217	1933,88	21,62	2,94	3,04
67263	1934,79	19,94	0	2,78
67306	1935,81	20,66	0	2,55
67462	1938,88	21,39	0	0
67612	1942,84	30,96	1,94	2,18
67632	1943,01	24,94	4,48	0
67723	1945,88	41,9	0	0
67801	1947,88	31,61	0	0
67951	1950,85	35,77	1,77	2,55

- 10/16 -

68081	1954,01	32,41	0	0
68117	1954,97	25,36	3,18	2,28
68411	1962,83	21,97	0	3,05
68663	1968,88	25,2	2,4	2,78
69080	1976,88	32,38	0	2,76
69681	1989,88	32,44	2,09	2,87
69882	1993,88	32,19	2,6	2,1
69979	1996,79	20,98	0	3,3
70456	2008,9	32,29	0	2,81
70485	2009,88	32,29	2,94	0
70633	2013,89	31,76	0	0
70635	2013,91	25,19	3,56	3,33
70803	2017,88	30,77	0	0
71171	2023,91	21,48	2,34	1,61
71312	2025,87	32,23	3,17	2,88
71490	2029,85	20,39	0	2,38
71602	2030,93	32,61	3,25	3
71943	2034,88	19,52	0	0
72033	2034,94	25,45	2,63	0
72048	2034,99	40,19	0	2,42
72343	2042,07	25,14	4,24	0
72483	2045,86	34,17	0	3,54
72533	2046,92	32,58	3,41	0
72641	2048,93	24,46	3,65	2,9
72896	2055,94	25,44	3,32	2,96
73010	2058,94	23,15	0	2,6
73015	2059	33,08	2,85	2,2
73177	2062,93	26,58	2,58	2,72
73291	2064,92	24,46	3,31	1,64
73434	2067,82	20,62	0	3,44
73913	2076,95	21,78	1,59	3,35
73989	2077,96	22,48	0	0
74057	2079	24,68	1,78	1,96
74065	2078,93	26,67	3,95	3,82
74187	2080,94	20,2	0	3,14
74273	2081,94	33,66	2,76	2,77
74420	2085,93	22,07	0	4,28
74703	2087,84	19,42	0	0
74987	2089,96	39,52	0	2,35
75248	2096,92	33	2,43	2,94
75846	2103,96	33,04	3,34	3,47
76053	2108,93	32,93	0	0
76086	2109,92	24,07	0	0
76090	2109,96	21,09	0	0
76415	2117,93	32,97	0	2,42
76636	2124,84	20,37	0	0
76839	2128,98	26,97	1,52	1,71
77018	2133,96	27,77	3,76	0

- 11/16 -

77099	2135,96	25,8	2,89	2,5
77236	2138,95	24,24	0	0
77684	2148,02	26,04	2,69	0
77763	2149,96	27,76	3,72	3,1
78073	2156,97	22,22	0	3,54
78792	2168,97	32,91	2,29	2,54
79136	2175	33,28	3,66	3,77
79720	2187,95	39,78	3,47	3,68
79786	2189	26,89	2,42	1,26
79918	2190,99	25,82	0	0
80012	2191,99	22,39	0	3,26
80306	2194,97	20,17	0	3,16
80360	2196,02	33,16	3,78	0
80829	2203,64	35,26	0	0
81181	2210,76	37,06	1,87	0
81196	2210,95	33,61	4,06	4,03
81272	2211,98	33,23	0	0
81457	2216,03	33,83	0	0
82015	2226,97	33,46	2,48	2,61
82026	2226,99	26,28	0	4,33
82708	2235,04	34,17	0	3,09
82784	2236,98	27,14	2,56	2,14
83081	2243,97	21,16	0	2,27
83441	2248,97	33,69	0	0
84164	2257,87	35,93	0	3,85
84300	2261,03	27,15	0	0
84484	2264,94	43,29	2,21	0
84704	2269,03	39,33	2,77	0
84909	2274,04	33,51	2,16	0
85020	2276,02	27,23	0	3,56
85076	2277,01	27,22	0	0
85250	2280,94	36,22	0	0
85331	2282,02	22,24	0	2,56
85627	2289,04	33,59	0	0
85761	2292,02	27,28	3,16	3,73
86071	2298,99	27,08	0	0
86226	2302,9	43,13	0	0
86354	2305,06	34,91	0	0
86677	2308,02	27,34	0	2,05
86951	2314,01	33,66	1,67	2,92
87365	2320,07	20,73	0	2,02
87692	2327,91	21	0	2,73
88093	2336,04	26,66	1,73	0
88282	2339	34,01	0	3,55
88972	2349,04	27,37	0	2,6
89083	2352,05	26,75	3,09	1,93
89604	2360	33,92	0	2,15
89642	2361,11	20,79	1,83	2,49

- 12/16 -

89900	2368,04	26,75	2,97	0
90344	2377,1	20,8	2,11	3,68
90470	2380,08	36,51	0	2,04
90840	2389,24	22,4	0	0
91342	2403,19	24,94	2,57	0
91375	2404,01	20,27	2,53	2,93
91542	2407,09	27,67	2,37	2,11
91669	2411,08	26,8	2,37	0
92029	2414,63	35,62	0	0
92231	2421	34,86	0	2,87
92410	2423,09	27,67	2,17	2,4
92841	2430,1	28,33	2,33	2,02
92871	2430,59	35,54	3,19	0
93227	2442,07	34,1	2,7	2,92
93361	2445,1	28,24	0	1,73
93417	2446,09	28,37	0	0
95084	2490,23	24,68	2,68	0
96716	2525,2	27,74	0	0
96879	2529,17	26,99	0	0
97349	2541,19	27,89	0	1,99
97463	2544,13	28,26	0	2,34
97506	2545,12	28,2	2,14	0
97599	2547,99	21,44	0	3
97736	2551,15	34,72	2,23	0
97965	2557,17	28,25	0	0
98089	2559,18	19,41	3,37	0
98485	2560,12	34,15	0	0
98596	2563,15	21,21	3	2,93
98720	2565,14	23,74	2,54	0
98891	2567,13	34,8	2,29	2,62
99021	2570,19	42,56	4,41	0
99251	2574,01	32,81	0	0
99475	2577,25	24,67	2,93	0
99691	2582,17	23,67	2,38	2,25
99808	2584,23	35,18	0	3,01
99919	2587,2	21,1	0	3,23
100020	2589,06	22,56	0	2,16
100344	2599,19	28,28	2,14	1,81
101157	2616,16	28,39	0	2,25
101786	2627,23	34,99	1,35	0
101839	2628,22	34,97	3,46	2,93
102269	2638,18	28,42	0	0
102371	2639,29	21,42	0	0
102725	2642,21	27,7	0	2,53
102819	2644,22	21,15	0	2,95
103022	2649,2	34,85	0	0
103198	2654,19	23,92	2,81	2,66
103224	2655,14	22,33	0	0

- 13/16 -

103493	2658,22	19,5	0	0
104195	2663,2	23,51	3,4	2,94
104786	2679,2	23,53	3,89	3,43
104954	2682,14	22,49	2,94	3,02
105105	2687,22	28,99	0	0
105352	2695,2	23,52	3,96	3,6
105661	2702,21	38,08	0	0
106067	2713,23	29,22	2,14	2,27
106195	2716,36	20,19	4,19	0
106678	2726,25	28,92	0	0
107198	2736,4	21,3	4,42	0
107460	2742,25	28,98	3,03	3
107858	2751,34	29,23	2,68	2,36
108021	2754,27	29,68	0	2,64
108574	2764,21	42,63	0	0
108724	2767,32	21,67	1,73	1,71
110052	2799,08	25,07	3,7	3,69
110657	2816,33	28,4	0	0
110913	2823,33	29,12	0	2,68
111304	2834,19	22,47	1,92	0
111426	2837,36	23,87	3,49	0
111564	2841,26	24,54	3,08	2,67
112106	2854,36	34,86	3,75	3,27
112515	2864,25	20,15	0	3,22
113439	2889,38	28,65	0	0
113452	2889,35	24,08	0	2,58
113765	2898,31	29,25	0	0
114086	2907,35	35,96	2,38	2,08
114438	2917,36	29,04	3,44	1,96
114702	2923,43	36,92	0	0
114823	2926,3	22,22	0	0
115050	2932,32	34,15	0	2,32
115312	2939,15	33,77	0	2,33
116812	2977,18	19,52	2,05	0
117009	2977,37	29,12	0	2,59
117317	2987,35	38,55	0	0
117524	2994,38	29,6	0	2,24
117823	3002,24	23,8	0	1,93
118053	3007,41	20,95	0	2,42
118163	3011,39	29,75	0	3,29
118224	3013,29	22,29	2,84	4,4
118597	3021,35	23,42	3,37	3,13
119292	3035,19	42,02	2,93	0
119660	3044,42	34,29	0	0
120192	3058,38	24,82	1,95	2,66
120423	3064,32	20,57	0	3,31
121070	3076,23	19,58	2,94	2,85
121413	3080,41	29,98	0	2,6

- 14/16 -

121716	3091,44	28,4	1,73	3,02
121775	3092,46	31,25	2,49	2,78
121940	3098,44	30,06	2,79	2,9
121989	3100,42	29,96	2,91	0
122216	3106,19	19,58	0	0
122400	3108,45	31,28	2,28	2,52
122623	3114,43	30,29	2,61	0
123106	3130,43	30,82	0	0
123287	3137,41	30,35	3	2,65
123634	3148,28	24,16	0	2,79
123750	3152,34	24,55	3,01	0
123969	3158,44	29,71	3,65	2,7
124193	3166,27	22,06	0	3,29
124735	3187,36	35,62	0	0
124886	3193,38	22,64	2,4	0
124909	3194,42	30,4	2,98	0
125103	3202,43	30,6	0	2,43
125263	3205,27	19,66	3,19	3,09
125749	3223,31	21,61	0	2,65
125799	3223,42	39,13	2,8	2,46
126699	3248,53	30,66	3,19	0
126982	3256,53	33,03	0	3,12
127106	3260,49	41,62	0	0
127237	3261,5	22,19	0	0
127354	3264,53	30,66	2,38	3,12
127443	3266,48	30,07	0	0
127575	3271,49	30,7	3,27	3,09
127731	3276,24	33,38	0	2,2
127848	3280,46	22,73	0	0
127852	3280,56	25,82	2,57	2,77
128086	3286,55	30,92	0	0
128435	3295,53	25,45	0	2,14
128525	3298,46	36,05	0	0
128650	3302,59	23,29	2,49	2,32
128936	3311,48	24,33	0	0
129019	3314,43	20,14	2,59	3,03
129131	3318,55	30,99	2,36	2,19
129182	3320,51	24,25	0	0
129821	3333,36	19,42	0	0
130044	3336,5	39,38	0	3,51
130077	3337,45	22,81	0	0
130432	3349,42	35,89	1,8	2,83
130482	3350,55	31,02	2,18	2,17
130747	3359,58	31,9	0	3,18
130803	3361,56	24,24	2,11	0
131294	3375,57	31,92	2,69	3,22
131548	3384,57	30,83	2,11	0
131589	3385,55	25,49	3,53	3,23

- 15/16 -

131932	3399,35	42,1	0	2,07
132014	3400,58	31,18	0	0
132057	3401,66	23,49	0	3,25
133168	3432,59	32,05	2,53	3,16
133345	3439,59	39,22	2,29	0
134053	3462,35	19,37	0	0
134635	3478,43	41,74	2,43	2,21
135412	3510,6	40,24	2,71	2,49
135676	3520,61	30,8	0	0
136129	3536,46	20,24	1,83	1,53
136403	3546,67	26,22	0	0
136697	3556,59	23,95	0	3,19
136698	3556,6	22,64	4,27	0
136789	3559,71	26,52	0	0
136790	3559,71	24,92	0	0
137489	3582,7	19,47	3,66	0
137922	3583,64	41,47	2,66	1,84
138036	3589,68	25,03	0	2,68
138067	3590,7	29	0	1,69
138143	3593,47	20,2	0	2,52
138813	3605,57	21,19	2,73	0
139064	3616,72	33,19	2,31	0
139455	3630,44	21,78	2,59	2,81
139554	3632,74	33,23	0	2,87
140112	3657,67	40,71	3,4	3,43
140570	3677,77	24,5	0	0
140672	3681,72	32,02	0	2,06
140780	3685,83	22,2	3,01	3,36
141007	3696,76	26,94	0	0
141019	3697,56	23,7	0	2,96
141109	3701,74	32,44	1,92	0
141672	3718,72	32,48	1,99	2,94
142080	3734,72	32,5	2,19	2,92
142141	3737,66	37,21	0	2,41
143120	3765,6	20,17	0	0
143333	3774,72	22,94	4,25	0
143379	3775,75	25,59	3,73	3,2
143652	3788,82	25,19	0	1,94
143947	3801,77	33,46	1,97	3,14
144344	3817,79	33,54	0	2,61
144635	3831,81	28,48	2,06	3,05
145238	3858,84	25,85	0	0
145479	3871,79	27,57	0	1,98
146624	3927,82	33,6	0	2,16
146936	3943,83	33,63	2,3	2,43
146964	3944,71	24,55	2,15	2,84
147000	3945,91	22,03	0	2,9
147376	3959,69	19,9	0	0

- 16/16 -

147541	3968,6	21,09	1,7	3,88
148086	3986,65	20,6	3,41	3,74
148557	4002,62	20,66	0	2,23
148717	4008,81	23,42	4,03	0
149142	4025,6	20,78	0	2,72
149624	4043,64	20,38	2,55	3,15
149760	4044,92	26,37	3,08	3,57
150139	4059,65	20,45	0	0
150441	4062,8	33,14	2,83	0
150781	4078,81	33,14	2,63	1,8
151244	4097,87	24,61	2,71	3,27
152744	4160,92	25,82	2,31	0
152967	4169,93	33,58	2,89	3,23
153832	4196,75	20,84	1,96	2,53
155132	4251,98	28,77	2,08	2,77
156081	4289,93	28,78	3,35	3,51
156445	4305,94	28,83	3,34	3,47
156878	4321,94	25,2	0	0
157882	4352,86	20,17	3,05	3,76
158341	4368,9	20,21	0	0
159259	4404,84	20,67	0	3,16
159396	4409,89	20	1,94	3,01
160089	4436,08	26,32	1,25	3,68
167786	4771,07	20,2	0	0
173077	5213,09	22,43	2,13	0
174387	5427,17	22,93	0	0
174987	5511,28	22,46	1,8	2,03
175094	5528,35	28	0	0
175343	5574,25	23,2	3,44	3,16
177848	6211,74	20,29	0	0
177971	6236,91	21,07	3,14	0
178819	6541,76	20,68	2,73	2,45
179035	6650,64	25,54	2,67	0
181018	7906,95	19,53	0	0
181250	7958,47	34,39	0	2,98
184099	8853,77	21,1	0	0
184206	8917,25	22,55	0	0
186609	10999,91	21,37	0	2,38
188895	11967,55	20,47	3,02	0
190524	14109,54	21,93	3,3	0

Figur 3

Pr_ID	Masse	CE-T	P1	P2
5675	911,43	25,88	0	2,34
14906	1050,48	26,92	0	2,72
17968	1099,49	28,24	2,28	2,67