

19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 991 049**

51 Int. Cl.:

G01N 33/68 (2006.01)

G01N 33/62 (2006.01)

G01N 33/66 (2006.01)

G01N 33/92 (2006.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

86 Fecha de presentación y número de la solicitud internacional: **21.06.2017 PCT/JP2017/022927**

87 Fecha y número de publicación internacional: **04.01.2018 WO18003638**

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **21.06.2017 E 17819997 (2)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **04.09.2024 EP 3480599**

54 Título: **Método para evaluar la cetosis posparto**

30 Prioridad:

30.06.2016 JP 2016130927

45 Fecha de publicación y mención en BOPI de la traducción de la patente:
02.12.2024

73 Titular/es:

**AJINOMOTO CO., INC. (100.0%)
15-1, Kyobashi 1-chomeChuo-ku
Tokyo 104-8315, JP**

72 Inventor/es:

**MIKAMI, TAKASHI;
IMAIZUMI, AKIRA;
TANAKA, TAKAYUKI;
MIYAZAWA, YUKI;
NAKAMURA, MINA;
NAKAGAWA, KAZUKI y
FUJIEDA, TAKESHI**

74 Agente/Representante:

VALLEJO LÓPEZ, Juan Pedro

ES 2 991 049 T3

Aviso: En el plazo de nueve meses a contar desde la fecha de publicación en el Boletín Europeo de Patentes, de la mención de concesión de la patente europea, cualquier persona podrá oponerse ante la Oficina Europea de Patentes a la patente concedida. La oposición deberá formularse por escrito y estar motivada; sólo se considerará como formulada una vez que se haya realizado el pago de la tasa de oposición (art. 99.1 del Convenio sobre Concesión de Patentes Europeas).

DESCRIPCIÓN

Método para evaluar la cetosis posparto

5 **Campo técnico**

La presente invención se refiere a un método de predicción de la cetosis en vacas lecheras en el posparto, a un aparato de evaluación, a un producto de programa de evaluación, a un sistema de evaluación y a un aparato terminal.

10 **Antecedentes de la técnica**

El período llamado período perinatal de tres semanas después del parto es un período crítico para una vaca lechera. En el período, a menudo se desarrollan enfermedades, por ejemplo, cetosis, fiebre de la leche, retención placentaria, desplazamiento del abomaso. De estas enfermedades, la cetosis es una enfermedad crítica cuya relevancia se ha informado en la reducción del rendimiento reproductivo y de la producción de leche (bibliografía no relacionada con patentes 1).

El diagnóstico definitivo de cetosis se da basándose en la concentración sanguínea de ácido β -hidroxibutírico (BHBA). Un caso donde la concentración sanguínea de BHBA después del parto es de 3000 $\mu\text{mol/l}$ o más se diagnostica como cetosis clínica, y un caso donde la concentración sanguínea de BHBA después del parto es de 1200 $\mu\text{mol/l}$ o más se diagnostica como cetosis subclínica. En los últimos años, se ha prestado atención a los tratamientos para la cetosis subclínica que no muestra síntomas obvios pero tiene una concentración sanguínea de BHBA elevada hasta cierto punto, además de la cetosis clínica diagnostica claramente como cetosis por el síntoma clínico. Es porque, convencionalmente, la cetosis subclínica no ha sido sometida a tratamiento, pero por otra parte, la cetosis subclínica tiene un gran impacto en la reducción de la producción de leche y el rendimiento reproductivo.

Con el fin de diagnosticar definitivamente la cetosis y curar la enfermedad, se han desarrollado kits de medición sencillos para BHBA capaces de realizar una medición sencilla de la concentración sanguínea de BHBA después del parto, y se utilizan en granjas.

Existen algunos informes sobre técnicas para diagnosticar el riesgo de cetosis. Por ejemplo, se ha informado sobre la posibilidad de diagnosticar cetosis en vacas lecheras en el posparto basándose en la concentración sanguínea de ácido graso no esterificado (NEFA) antes del parto (bibliografía no relacionada con patentes 2). De forma adicional, se ha propuesto que el perfil metabólico ofrezca intervalos normales de indicadores en sangre para cada período desde el período seco hasta el período de lactancia tardía y extraiga a un individuo desviado del intervalo normal como una vaca con riesgo de cetosis (bibliografía no relacionada con patentes 3).

Además, las mediciones de las concentraciones de IGF-1 en sangre se han divulgado como marcador en el preparto de cetosis en vacas en el posparto (bibliografía no relacionada con patentes 4).

40 **Referencias de la técnica anterior****Bibliografía no de patentes**

- 45 Bibliografía no relacionada con patentes 1: T. F. Duffield, K. D. Lissemore, B. W. McBride y K. E. Leslie, Impact of hyperketonemia in early lactation dairy cows on health and production. J. Dairy. Sci. 92: 571-580 (2009)
 Bibliografía no relacionada con patentes 2: P. A. Ospina, D. V. Nydam, T. Stokol y T. R. Overton, Evaluation of nonesterified fatty acids and β -hydroxybutyrate in transition dairy cattle in the northeastern United States: Clinical thresholds for prediction of clinical diseases. J. Dairy. Sci. 93: 546-554 (2010)
 50 Bibliografía no relacionada con patentes 3: K. Kida, The metabolic profile test: Its practicability in assessing feeding management and periparturient diseases in high yielding commercial dairy herds. J. Vet. Med. Sci. 64: 557-563 (2002)
 Bibliografía no relacionada con patentes 4: M. Piechotta, et. al, Antepartal insulin-like growth factor 1 and insulin-like growth factor binding protein 2 concentrations are indicative of ketosis in dairy cows", J. Dairy Sci. 98(5): 3100-3109(01-05-2015).

Divulgación de la invención**Problema que debe resolver la invención**

60 Si es posible diagnosticar con antelación antes del parto el riesgo de desarrollar cetosis después del parto, por ejemplo, se considera que la intervención nutricional profiláctica antes del parto puede reducir el desarrollo de cetosis y contribuir así a una producción eficiente para los productores lecheros.

65 En cuanto al diagnóstico prenatal del riesgo de desarrollar cetosis después del parto, sin embargo, el problema es que no existe ninguna técnica que se utilice realmente en las granjas para diagnosticar el riesgo. Cabe señalar que los kits

mencionados anteriormente se han desarrollado con el propósito de diagnosticar definitivamente la cetosis y curar la enfermedad, y por lo tanto, los kits no se pueden utilizar para reconocer con antelación antes del parto el riesgo de desarrollar cetosis después del parto. Además, si los kits mencionados anteriormente se utilizan para fines de reconocimiento, no se pueden obtener resultados fiables.

La presente invención se ha realizado en vista de las descripciones anteriores, y un objetivo de la presente invención es proporcionar un método de predicción, un aparato de evaluación, un programa de evaluación, un sistema de evaluación y un aparato terminal como se define en las reivindicaciones, que pueden proporcionar información fiable sobre el estado de cetosis en vacas lecheras en el posparto antes del parto.

Medios para resolver problemas

Para resolver el problema y lograr el objetivo descrito anteriormente, un método de predicción implementado por computadora de acuerdo con un aspecto de la presente invención incluye una etapa de evaluación para evaluar un estado de cetosis en vacas lecheras posparto para una vaca lechera utilizando un valor de concentración de albúmina (ALB) en sangre de la vaca lechera antes del parto.

En la presente descripción, diversos aminoácidos y parámetros de la química sanguínea se escriben principalmente en abreviaturas, sus nombres formales son los siguientes.

(Abreviatura de aminoácido) (Nombre formal)

Ala	alanina
Arg	arginina
Asn	asparagina
Asp	ácido aspártico
BCAA	aminoácidos de cadena ramificada
Cit	citrulina
Cys	cistina
Gln	glutamina
Glu	ácido glutámico
Gly	glicina
His	histidina
Ile	isoleucina
Leu	leucina
Lys	lisina
Met	metionina
3MeHis	3-metil histidina
Orn	ornitina
Phe	fenilalanina
Pro	prolina
Ser	serina
Tau	taurina
Thr	treonina
Trp	triptófano
Tyr	tirosina
Val	valina

(Abreviatura de bioquímica sanguínea) (Nombre formal)

ALB	albúmina
ALT	alanina transaminasa
AST	aspartato aminotransferasa
BHBA	ácido β -hidroxibutírico
BUN	nitrógeno ureico sanguíneo
Ca	calcio
gGTP	γ -glutamilttransferasa
Glc	glucosa
NEFA	ácido graso no esterificado
T-Bil	bilirrubina total
TCHO	colesterol total
TG	triglicérido
TP	proteína total

El método de predicción de acuerdo con otro aspecto de la presente invención es el método de evaluación, en donde la etapa de evaluación evalúa el estado de cetosis en vacas lecheras en el posparto para la vaca lechera calculando

un valor de una fórmula utilizando además la fórmula que incluye una variable explicativa que se sustituirá por el al menos un valor.

El método de predicción de acuerdo con otro aspecto más de la presente invención es el método de evaluación, en donde la fórmula incluye además una variable explicativa que se sustituirá por un valor para identificar una vaca parida que haya tenido una experiencia de parto antes del parto mencionado anteriormente o un valor para identificar una vaca nulípara que no haya tenido ninguna experiencia de parto distinta del parto mencionado anteriormente.

Un aparato de evaluación de acuerdo con un aspecto de la presente invención es un aparato de evaluación que incluye una unidad de control. La unidad de control incluye una unidad de evaluación que está configurada para predecir un estado de cetosis en vacas lecheras en el posparto para una vaca lechera utilizando un valor de concentración de ALB en sangre de la vaca lechera antes del parto.

Un método de predicción de acuerdo con un aspecto de la presente invención es un método de evaluación ejecutado por un aparato de procesamiento de información que incluye una unidad de control. El método de predicción incluye una etapa para predecir el estado de cetosis en vacas lecheras en el posparto para una vaca lechera utilizando un valor de concentración de ALB en sangre de la vaca lechera antes del parto. La etapa de evaluación es ejecutada por la unidad de control.

Un programa de evaluación de acuerdo con un aspecto de la presente invención es un programa de evaluación que incluye instrucciones programadas para hacer que un aparato de procesamiento de información que incluye una unidad de control ejecute un método de evaluación. El método de evaluación comprende una etapa para predecir un estado de cetosis en vacas lecheras en el posparto para una vaca lechera utilizando un valor de concentración de ALB en sangre de la vaca lechera antes del parto.

Un sistema de evaluación de acuerdo con un aspecto de la presente invención es un sistema de evaluación que incluye un aparato de evaluación que incluye una unidad de control y un aparato terminal que incluye una unidad de control que están conectados entre sí de manera comunicativa a través de una red. La unidad de control del aparato terminal incluye (i) una unidad de envío de datos configurada para transmitir datos sanguíneos sobre un valor de concentración de ALB en sangre de una vaca lechera antes del parto al aparato de evaluación y (ii) una unidad de recepción de resultados configurada para recibir un resultado de evaluación sobre un estado de cetosis en vacas lecheras en el posparto transmitido desde el aparato de evaluación. La unidad de control del aparato de evaluación incluye (i) una unidad de recepción de datos configurada para recibir los datos sanguíneos transmitidos desde el aparato terminal, (ii) una unidad de evaluación configurada para predecir el estado de cetosis en vacas lecheras en el posparto para la vaca lechera utilizando el valor de concentración de ALB incluido en los datos sanguíneos recibidos por la unidad de recepción de datos, y (iii) una unidad de envío de resultados configurada para transmitir el resultado de evaluación obtenido por la unidad de evaluación al aparato terminal.

Un aparato terminal de acuerdo con un aspecto de la presente invención es un aparato terminal que incluye una unidad de control. La unidad de control incluye una unidad de obtención de resultados configurada para obtener un resultado de evaluación sobre un estado de cetosis en vacas lecheras en el posparto. El resultado de la evaluación es el resultado de predecir el estado de cetosis en vacas lecheras en el posparto para una vaca lechera utilizando un valor de concentración de ALB en sangre de la vaca lechera antes del parto.

Un aparato de evaluación de acuerdo con un aspecto de la presente invención es un aparato de evaluación que incluye una unidad de control, que está conectado a un aparato terminal de manera comunicativa a través de una red. La unidad de control incluye (i) una unidad de recepción de datos configurada para recibir datos sanguíneos sobre un valor de concentración de ALB en sangre de una vaca lechera antes del parto transmitido desde el aparato terminal, (ii) una unidad de evaluación configurada para predecir un estado de cetosis en vacas lecheras en el posparto para la vaca lechera utilizando el valor de concentración de ALB en la sangre de la vaca lechera antes del parto incluido en los datos sanguíneos recibidos por la unidad de recepción de datos, y (iii) una unidad de envío de resultados que transmite un resultado de evaluación obtenido por la unidad de evaluación al aparato terminal.

Efectos de la invención

De acuerdo con la presente invención, el estado de cetosis en vacas lecheras en el posparto se predice utilizando el valor de concentración de ALB en sangre de la vaca lechera antes del parto, mediante el cual se puede proporcionar antes del parto información fiable sobre el estado de cetosis en vacas lecheras en el posparto. De forma adicional, los productores lecheros pueden lograr la reducción de la cetosis en vacas lecheras en el posparto mediante una intervención nutricional profiláctica antes del parto basándose en la información proporcionada por la presente invención. Es decir, la presente invención puede contribuir a una producción eficiente para los productores lecheros.

Breve descripción de los dibujos

La FIG. 1 es un diagrama configuracional de principio que muestra un principio básico de una primera realización; la FIG. 2 es un diagrama configuracional de principio que muestra un principio básico de una segunda realización;

la FIG. 3 es un diagrama que muestra un ejemplo de una configuración completa de un presente sistema;
 la FIG. 4 es un diagrama que muestra otro ejemplo de una configuración completa del presente sistema;
 la FIG. 5 es un diagrama de bloques que muestra un ejemplo de una configuración de un aparato de evaluación
 100 en el presente sistema;
 5 la FIG. 6 es una tabla que muestra un ejemplo de información almacenada en un archivo de datos sanguíneos
 106a;
 la FIG. 7 es una tabla que muestra un ejemplo de información almacenada en un archivo de información del estado
 de BHBA 106b;
 la FIG. 8 es una tabla que muestra un ejemplo de información almacenada en un archivo de información del estado
 10 de BHBA designada 106c;
 la FIG. 9 es una tabla que muestra un ejemplo de información almacenada en un archivo de fórmula 106d1;
 la FIG. 10 es una tabla que muestra un ejemplo de información almacenada en un archivo de resultados de
 evaluación 106e;
 la FIG. 11 es un diagrama de bloques que muestra una configuración de una parte de evaluación 102d;
 15 la FIG. 12 es un diagrama de bloques que muestra un ejemplo de una configuración de un aparato del cliente 200
 en el presente sistema; y
 la FIG. 13 es un diagrama de bloques que muestra un ejemplo de una configuración de un aparato de base de
 datos 400 en el presente sistema.

20 Mejor(es) modo(s) de llevar a cabo la invención

En lo sucesivo en el presente documento, una realización (primera realización) del método predictivo de acuerdo con
 la presente invención y una realización (segunda realización) del aparato de evaluación, el programa de evaluación,
 el sistema de evaluación y el aparato terminal de acuerdo con la presente invención se describen en detalle con
 25 referencia a los dibujos.

Primera divulgación

1-1. Esquema de la primera realización (que no forma parte de la presente invención ya que se refiere al uso de valores
 30 de concentración de 25 tipos de aminoácidos y los valores de concentración de 13 tipos de parámetros de química
 sanguínea). En la invención se utiliza un valor de concentración de ALB.

En este caso, un esquema de la primera realización se describirá con referencia a la FIG. 1. La FIG. 1 es un diagrama
 35 configuracional de principio que muestra un principio básico de la primera realización.

En primer lugar, se obtienen datos sanguíneos que incluyen al menos un valor de los valores de concentración de los
 25 tipos de aminoácidos y valores de concentración de los 13 tipos de parámetros de química sanguínea (uno o dos
 o más valores seleccionados arbitrariamente de los valores de concentración de los 25 tipos de aminoácidos y los
 40 valores de concentración de los 13 tipos de parámetros de química sanguínea) contenidos en la sangre (incluyendo,
 por ejemplo, plasma o suero) extraída de una vaca lechera que será objeto de evaluación antes del parto (por ejemplo,
 un período determinado antes de la fecha prevista del parto) (Etapa S11).

En la etapa S11, por ejemplo, pueden obtenerse los datos sanguíneos medidos por una empresa u otra organización
 45 que mide los valores de concentración. De forma adicional, por ejemplo, el siguiente método de medición de (A), (B)
 o (C) se puede utilizar para medir los valores de concentración de la sangre extraída del sujeto que se va a evaluar
 antes del parto para obtener los datos sanguíneos. En este caso, la unidad del valor de concentración puede ser la
 concentración molar, concentración en peso, actividad enzimática o una obtenida mediante adición, sustracción,
 multiplicación y división de cualquier constante con estas concentraciones.

50 (A) El plasma se separa de la sangre centrifugando la muestra de sangre recogida. Todas las muestras de plasma
 se congelan y se almacenan a -80°C hasta que se mide el valor de concentración. En el momento de la medición
 del valor de concentración, se añade acetonitrilo para realizar un tratamiento de eliminación de proteínas, luego se
 realiza la derivatización pre-columna utilizando un reactivo marcado (carbamato de 3-aminopiridil-N-
 55 hidroxisuccinimido) y el valor de concentración se analiza mediante un espectrómetro de masas con cromatógrafo
 de líquidos (CL/EM) (véase la Publicación Internacional WO 2003/069328 y Publicación Internacional WO
 2005/116629).

60 (B) El plasma se separa de la sangre centrifugando la muestra de sangre recogida. Todas las muestras de plasma
 se congelan y se almacenan a -80°C hasta que se mide el valor de concentración. En el momento de la medición
 del valor de concentración, se añade ácido sulfosalicílico para realizar un tratamiento de eliminación de proteínas
 y el valor de concentración se analiza mediante un analizador de aminoácidos basado en la derivatización post-
 columna utilizando un reactivo de ninhidrina.

65 (C) La separación de células sanguíneas se realiza en la muestra de sangre recogida mediante el uso de una
 membrana, tecnología MEMS (sistemas microelectromecánicos) o principio de centrifugación, mediante lo cual se
 separa el plasma o suero de la sangre. Una muestra de plasma o suero, cuyo valor de concentración no se mide
 inmediatamente después de obtener el plasma o el suero, se congela y se almacena a -80°C hasta que se mida
 el valor de concentración. En el momento de la medición del valor de concentración, una molécula que reacciona

con o se une a un aminoácido o bioquímica objetivo, como una enzima o un aptámero, y similares, se utiliza para realizar análisis cuantitativos y similares sobre una sustancia creciente o decreciente o un valor espectroscópico mediante reconocimiento de sustrato, mediante lo cual se analiza el valor de concentración.

- 5 El estado de cetosis en vacas lecheras en el posparto para el sujeto que se va a evaluar (por ejemplo, un período determinado después de la fecha del parto) se evalúa (predice/estima) utilizando el al menos un valor de los valores de concentración de los 25 tipos de aminoácidos y los valores de concentración de los 13 tipos de parámetros de química sanguínea incluidos en los datos sanguíneos obtenidos en la etapa S11 (etapa S12). Antes de que se ejecute la etapa S12, se pueden eliminar datos como defectuosos y valores atípicos de los datos sanguíneos obtenidos en la etapa S11.

Por lo tanto, se puede proporcionar antes del parto información fiable sobre el estado de cetosis en vacas lecheras en el posparto.

- 15 En la etapa S12, el estado de cetosis en vacas lecheras en el posparto del sujeto a evaluar se puede evaluar calculando un valor de una fórmula que utiliza (i) el al menos un valor de los valores de concentración de los 25 tipos de aminoácidos y los valores de concentración de los 13 tipos de parámetros de química sanguínea y (ii) una fórmula que incluye una variable explicativa que va a sustituirse por el al menos un valor. La variable explicativa que va a sustituirse por el valor de concentración puede sustituirse por un valor obtenido convirtiendo el valor de concentración mediante el método que se describe más adelante.

25 Cuando se evalúa el estado de cetosis en vacas lecheras en el posparto, por ejemplo, además del al menos un valor de los valores de concentración de los 25 tipos de aminoácidos y los valores de concentración de los 13 tipos de parámetros de química sanguínea, se puede utilizar además un valor relacionado con los factores enumerados a continuación que tienen un impacto en el desarrollo de la cetosis. Por ejemplo, además de la variable explicativa que va a sustituirse por al menos un valor de los valores de concentración de los 25 tipos de aminoácidos y los valores de concentración de los 13 tipos de parámetros de química sanguínea, se puede incluir en la fórmula una variable explicativa que va a sustituirse por un valor relacionado con los factores enumerados a continuación que tienen un impacto en el desarrollo de la cetosis.

- término de paridad para indicar vaca parida o vaca nulípara (variable binaria); y
- peso corporal, ingesta de alimento, puntuación de condición corporal (BCS), temperatura del aire, humedad, densidad de reproducción y temporada

- 35 El valor de concentración o el valor de la fórmula se pueden convertir, por ejemplo, mediante los métodos que se enumeran a continuación, y el estado de cetosis en vacas lecheras en el posparto del sujeto a evaluar puede evaluarse utilizando el valor convertido.

40 El valor de concentración o el valor de la fórmula se pueden convertir de manera que un intervalo posible del valor de concentración o el valor de la fórmula caiga dentro de un intervalo predeterminado (por ejemplo, el intervalo de 0,0 a 1,0, el intervalo de 0,0 a 10,0, el intervalo de 0,0 a 100,0, o el intervalo de -10,0 a 10,0), por ejemplo, mediante adición, sustracción, multiplicación y división de cualquier valor dado con el valor de concentración o el valor de la fórmula, mediante conversión del valor de concentración o del valor de la fórmula mediante un método de conversión predeterminado (por ejemplo, transformación exponencial, transformación logarítmica, transformación angular, transformación de raíz cuadrada, transformación probit, transformación recíproca, transformación de Box-Cox o transformación de potencia), o realizando una combinación de estos cálculos sobre el valor de concentración o el valor de la fórmula. Por ejemplo, un valor de una función exponencial con el valor de concentración o el valor de la fórmula como exponente y la constante de Napier como base se puede calcular además (específicamente, un valor de $p/(1-p)$ donde un logaritmo natural $\ln(p/(1-p))$ es igual al valor de concentración o el valor de la fórmula cuando se define la probabilidad p de que el estado de cetosis en vacas lecheras en el posparto tiene el estado predeterminado (por ejemplo, el estado donde la concentración en sangre de BHBA excede el valor del criterio)), y el valor (específicamente, el valor de la probabilidad p) se puede calcular además dividiendo el valor calculado de la función exponencial por la suma de 1 y el valor de la función exponencial.

- 55 El valor de concentración o el valor de la fórmula se pueden convertir de modo que el valor convertido sea un valor particular cuando se cumpla una condición particular. Por ejemplo, el valor de concentración o el valor de la fórmula se pueden convertir de manera que el valor convertido sea 5,0 cuando la sensibilidad es del 95 % y el valor convertido sea 8,0 cuando la sensibilidad es del 80 %.

60 En cuanto al valor de concentración, para cada aminoácido, después de distribuir normalmente la distribución de concentración, el valor de concentración se puede normalizar con una media de 50 una desviación estándar de 10. En cuanto al valor de la fórmula, el valor de la fórmula se puede normalizar con una media de 50 y una desviación estándar de 10.

- 65 Estas conversiones se pueden aplicar al valor de concentración.

La información posicional sobre una posición de una marca predeterminada en una escala predeterminada presentada visualmente en un dispositivo de visualización tal como un monitor o un medio físico tal como papel se puede generar utilizando (i) el al menos un valor de los valores de concentración de los 25 tipos de aminoácidos y los valores de concentración de los 13 tipos de parámetros de química sanguínea (si el valor se convierte, el valor convertido) o (ii) el valor de la fórmula (si el valor de la fórmula se convierte, el valor convertido), y la información posicional generada puede tratarse como un resultado de evaluación sobre el estado de cetosis en vacas lecheras en el posparto para el sujeto a evaluar. La escala predeterminada es para evaluar el estado de cetosis en vacas lecheras en el posparto y es, por ejemplo, una escala graduada al menos marcada con graduaciones correspondientes al valor límite superior y al valor límite inferior en "un intervalo posible del valor de concentración, el valor de la fórmula, o el valor convertido" o "parte del intervalo". La marca predeterminada corresponde al valor de concentración, el valor de la fórmula, o el valor convertido, y es, por ejemplo, un signo circular o un signo de estrella.

Si el al menos un valor de los valores de concentración de los 25 tipos de aminoácidos y los valores de concentración de los 13 tipos de parámetros de química sanguínea o el valor de la fórmula es inferior a un valor predeterminado (por ejemplo, media $\pm$ 1 DE, 2 DE, 3 DE, N cuantil, N percentil, o un valor de corte cuya significancia clínica se reconoce) o es igual o inferior al valor predeterminado o es igual o superior al valor predeterminado o es superior al valor predeterminado, se puede evaluar el estado de cetosis en vacas lecheras en el posparto del sujeto a evaluar. En este caso, en lugar del valor de concentración o el valor de la fórmula en sí, puede usarse una puntuación estándar. Por ejemplo, si la puntuación estándar es inferior a la media -2 DE (cuando la puntuación estándar <30) o si la puntuación estándar es superior a la media +2 DE (cuando la puntuación estándar >70), se puede evaluar el estado de cetosis en vacas lecheras en el posparto del sujeto a evaluar.

El riesgo (posibilidad) de que el sujeto a evaluar desarrolle cetosis después del parto puede evaluarse cualitativamente. Específicamente, el sujeto puede clasificarse en una cualquiera de una pluralidad de categorías definidas al menos considerando el riesgo de desarrollar cetosis después del parto utilizando (i) el al menos un valor de los valores de concentración de los 25 tipos de aminoácidos y los valores de concentración de los 13 tipos de parámetros de química sanguínea y (ii) uno o más umbrales preestablecidos o utilizando (i) el al menos un valor, (ii) la fórmula que incluye la variable explicativa que va a sustituirse por el al menos un valor, y (iii) uno o más umbrales preestablecidos. Las categorías pueden incluir (i) una categoría a la que pertenece un sujeto con un alto riesgo de desarrollar cetosis después del parto (por ejemplo, un sujeto que tiene la concentración sanguínea de BHBA después del parto igual o mayor que el valor del criterio (por ejemplo, 1200 $\mu\text{mol/l}$)) y (ii) una categoría a la que pertenece un sujeto con un bajo riesgo de desarrollar cetosis después del parto (por ejemplo, un sujeto que tiene la concentración sanguínea de BHBA después del parto menor que el valor del criterio (por ejemplo, 1200 $\mu\text{mol/l}$)). Las categorías pueden incluir (i) la categoría a la que pertenece un sujeto con alto riesgo de desarrollar cetosis después del parto, (ii) la categoría a la que pertenece un sujeto con un bajo riesgo de desarrollar cetosis después del parto, y (iii) una categoría a la que pertenece un sujeto con un riesgo intermedio de desarrollar cetosis después del parto.

Por ejemplo, un valor de concentración sanguínea de BHBA en sangre del sujeto que se va a evaluar después del parto se puede estimar utilizando (i) el al menos un valor de los valores de concentración de los 25 tipos de aminoácidos y los valores de concentración de los 13 tipos de parámetros de química sanguínea y (ii) el uno o más umbrales preestablecidos o utilizando (i) el al menos un valor, (ii) la fórmula que incluye la variable explicativa que va a sustituirse por el al menos un valor y (iii) los uno o más umbrales preestablecidos.

El valor de concentración o el valor de la fórmula se puede convertir mediante el método predeterminado y el sujeto a evaluar se puede clasificar en una cualquiera de las categorías utilizando el valor convertido.

En cuanto a la fórmula utilizada para la evaluación, la forma de la fórmula no se designa específicamente, sin embargo, por ejemplo, pueden ser las siguientes formas.

- modelo lineal como la ecuación de regresión múltiple, discriminante lineal, análisis de componentes principales y análisis discriminante canónico que se basan en el método de mínimos cuadrados;
- modelo lineal generalizado como la regresión logística y la regresión de Cox que se basan en el método de máxima verosimilitud;
- modelo lineal mixto generalizado que considera efectos aleatorios debidos a diferencias individuales, diferencias de instalaciones y otros factores además del modelo lineal generalizado
- expresión generada por análisis de conglomerados, como el método K-means y el análisis de conglomerados jerárquicos;
- expresión generada basándose en las estadísticas bayesianas como la cadena de Markov Monte Carlo (MCMC), la red bayesiana y el método bayesiano jerárquico;
- expresión generada por la clasificación de clases como la máquina de vectores de soporte y el árbol de decisión;
- expresión generada por un método tal como expresión fraccionaria que no pertenece a las categorías citadas anteriormente; y
- expresión representada como, por ejemplo, la suma de expresiones de diferentes formas

La fórmula utilizada para la evaluación puede prepararse mediante un método descrito en el documento WO 2004/052191 presentado por el presente solicitante o mediante un método descrito en el documento WO 2006/098192

presentado por el presente solicitante. Cualquier fórmula obtenida por estos métodos se puede utilizar preferiblemente en la evaluación del estado de cetosis en vacas lecheras en el posparto, independientemente de las unidades de los valores de concentración de los aminoácidos o de los valores de concentración de los parámetros de química sanguínea en los datos sanguíneos como datos de entrada.

En la ecuación de regresión múltiple, la ecuación de regresión logística múltiple y la función discriminante canónica, a cada variable explicativa se le añade un coeficiente y un término constante, y el coeficiente y el término constante pueden ser preferiblemente números reales, más preferiblemente valores en el rango del intervalo de confianza del 99 % para el coeficiente y el término constante obtenidos a partir de datos para los diversos tipos de clasificaciones descritas anteriormente, más preferiblemente valores en el rango del intervalo de confianza del 95 % para el coeficiente y el término constante obtenidos a partir de datos para los diversos tipos de clasificaciones descritas anteriormente. El valor de cada coeficiente y su intervalo de confianza pueden ser aquellos multiplicados por un número real, y el valor del término constante y su intervalo de confianza pueden ser aquellos a los que se les suma o resta una constante real arbitraria o aquellos multiplicados o divididos por una constante real arbitraria. Cuando una expresión como la regresión logística, el discriminante lineal y la ecuación de regresión múltiple se utilizan para la evaluación, una transformación lineal de la expresión (suma de una constante y multiplicación por una constante) y una transformación creciente (decreciente) monótona (por ejemplo, una transformación logit) de la expresión no alteran el rendimiento de la evaluación y, por lo tanto, el rendimiento de la evaluación después de la transformación es equivalente al de antes de la transformación. Por lo tanto, la expresión incluye una expresión que está sujeta a la transformación lineal y a la transformación monótona creciente (decreciente).

En la expresión fraccionaria, el numerador de la expresión fraccionaria se expresa por la suma de las variables explicativas A, B, C etc. y el denominador de la expresión fraccionaria se expresa por la suma de las variables explicativas a, b, c, etc. La expresión fraccionaria también incluye la suma de las expresiones fraccionarias α , β , γ , etc. (por ejemplo, $\alpha + \beta$) que tiene dicha constitución. La expresión fraccionaria también incluye expresiones fraccionarias divididas. Las variables explicativas utilizadas en el numerador o denominador podrán tener coeficientes adecuados respectivamente. Las variables explicativas utilizadas en el numerador o denominador pueden aparecer repetidamente. Cada expresión fraccionaria puede tener un coeficiente adecuado. Un valor de un coeficiente para cada variable explicativa y un valor para un término constante pueden ser cualquier número real. En una expresión fraccionaria y aquella en la que las variables explicativas en el numerador y las variables explicativas en el denominador en la expresión fraccionaria se intercambian entre sí, los signos positivos y negativos generalmente se invierten en correlación con las variables explicativas objetivas, pero debido a que su correlación se mantiene, se puede suponer que el rendimiento de la evaluación es equivalente. Por lo tanto, la expresión fraccionaria también incluye aquella en la que las variables explicativas en el numerador y las variables explicativas en el denominador en la expresión fraccionaria se intercambian entre sí.

Segunda divulgación

2-1. Descripción de la segunda realización que forma parte de la presente invención en lo que se refiere al uso de valores de concentración de 25 tipos de aminoácidos y los valores de concentración de 13 tipos de parámetros de química sanguínea). En la invención se utiliza un valor de concentración de ALB.

En este caso, esquemas de la segunda realización se describirán en detalle con referencia a la FIG. 2. La FIG. 2 es un diagrama configuracional de principio que muestra un principio básico de la segunda realización. En la descripción de la presente segunda realización, a veces se omite la descripción que duplica la de la primera realización. En particular, en el presente documento, cuando se evalúa el estado de cetosis en vacas lecheras en el posparto, se describe como ejemplo un caso de utilización del valor de la fórmula o del valor convertido de la misma. Sin embargo, por ejemplo, se puede utilizar (i) el al menos un valor de los valores de concentración de los 25 tipos de aminoácidos y los valores de concentración de los 13 tipos de parámetros de química sanguínea o (ii) el valor convertido de los mismos.

Un dispositivo de control evalúa el estado de cetosis en vacas lecheras en el posparto para el sujeto a evaluar calculando el valor de la fórmula utilizando (i) el al menos un valor incluido en los datos sanguíneos obtenidos previamente que incluyen el al menos un valor de los valores de concentración de los 25 tipos de aminoácidos y los valores de concentración de los 13 tipos de parámetros de química sanguínea en sangre de la vaca lechera como sujeto a evaluar antes del parto y (ii) la fórmula almacenada previamente en un dispositivo de memoria que incluye la variable explicativa que va a sustituirse por el al menos un valor (etapa S21).

Por lo tanto, se puede proporcionar antes del parto información fiable sobre el estado de cetosis en vacas lecheras en el posparto.

La fórmula utilizada en la etapa S21 puede generarse basándose en el procesamiento de preparación de fórmula (etapa 1 a etapa 4) que se describe a continuación. En este caso, se describe el resumen del proceso de preparación de fórmula.

En primer lugar, el dispositivo de control prepara una fórmula candidata (por ejemplo, $y = a_1x_1 + a_2x_2 + \dots + a_nx_n$, y: datos

de BHBA, x_i : datos sanguíneos, a_i : constante, $i = 1, 2, \dots, n$), basándose en un método de preparación de fórmula predeterminado a partir de la información del estado de BHBA (datos tales como defectuosos y valores atípicos pueden eliminarse de la información del estado de BHBA con anticipación) previamente almacenada en el dispositivo de memoria que contiene los datos sanguíneos sobre al menos un valor de los valores de concentración de los 25 tipos de aminoácidos y los valores de concentración de los 13 tipos de parámetros de química sanguínea en la sangre antes del parto y los datos de BHBA sobre el valor de concentración de BHBA en la sangre después del parto (etapa 1).

En la etapa 1, se pueden preparar una pluralidad de las fórmulas candidatas a partir de la información del estado de BHBA utilizando una pluralidad de los diferentes métodos de preparación de fórmula (incluidos aquellos para análisis multivariantes, como el análisis de componentes principales, el análisis discriminante, la máquina de vectores de soporte, el análisis de regresión múltiple, el análisis de regresión de Cox, el análisis de regresión logística, el método K-means, el análisis de conglomerados y el árbol de decisiones). Específicamente, se puede preparar una pluralidad de grupos de fórmulas candidatas de manera simultánea y concurrente utilizando una pluralidad de algoritmos diferentes con la información del estado de BHBA, que son datos multivariantes compuestos por los datos sanguíneos antes del parto y los datos de BHBA después del parto obtenidos de una gran cantidad de vacas lecheras. Por ejemplo, las dos fórmulas candidatas diferentes se pueden formar realizando el análisis discriminante y el análisis de regresión logística simultáneamente con los diferentes algoritmos. Como alternativa, la fórmula candidata se puede formar convirtiendo la información del estado de BHBA con la fórmula candidata preparada realizando el análisis de componentes principales y luego realizando el análisis discriminante de la información del estado de BHBA convertida. De esta manera, es posible preparar finalmente la fórmula más adecuada para la evaluación.

La fórmula candidata preparada por el análisis de componentes principales es una expresión lineal que incluye cada variable explicativa que maximiza la varianza de todos los datos sanguíneos. La fórmula candidata preparada por el análisis discriminante es una expresión de alta potencia (que incluye expresiones exponenciales y logarítmicas) que incluye cada variable explicativa que minimiza la relación entre la suma de las varianzas en los respectivos grupos y la varianza de todos los datos sanguíneos. La fórmula candidata preparada utilizando la máquina de vectores de soporte es una expresión de alta potencia (que incluye la función kernel) que incluye cada variable explicativa que maximiza el límite entre los grupos. La fórmula candidata preparada utilizando el análisis de regresión múltiple es una expresión de alta potencia que incluye cada variable explicativa que minimiza la suma de las distancias de todos los datos sanguíneos. La fórmula candidata preparada utilizando el análisis de regresión de Cox es un modelo lineal que incluye un cociente de riesgo logarítmico y es una expresión lineal que incluye cada variable explicativa con un coeficiente de la misma que maximiza la probabilidad del modelo lineal. La fórmula candidata preparada utilizando el análisis de regresión logística es un modelo lineal que expresa probabilidades logarítmicas y una expresión lineal que incluye cada variable explicativa que maximiza la posibilidad de la probabilidad. El método K-means es un método de búsqueda de k piezas de datos sanguíneos vecinos en diversos grupos, designación del grupo que contiene el mayor número de puntos vecinos como su grupo de datos pertenecientes, y selección de la variable explicativa que hace que el grupo al que pertenecen los datos sanguíneos de entrada concuerde bien con el grupo designado. El análisis de conglomerados es un método de agrupamiento de los puntos más cercanos en datos sanguíneos completos. El árbol de decisiones es un método para ordenar variables explicativas y predecir el grupo de datos sanguíneos a partir del patrón posiblemente mantenido por la variable explicativa de orden superior.

Volviendo a la descripción del proceso de preparación de fórmula, el dispositivo de control verifica (verifica mutuamente) la fórmula candidata preparada en la etapa 1 basándose en un método de verificación particular (etapa 2). La verificación de la fórmula candidata se realiza una sobre otra para cada fórmula candidata preparada en la etapa 1. En la etapa 2, al menos uno de tasa de discriminación, sensibilidad, especificidad, criterio de información, ROC_AUC (área bajo la curva en una curva característica operativa del receptor) y similares de la fórmula candidata se pueden verificar mediante al menos uno de método bootstrap, método holdout, método N-fold, método leave-one-out y similares. De esta manera, es posible preparar la fórmula candidata con mayor predictibilidad o confiabilidad, tomando en consideración la información del estado de BHBA y la condición de evaluación.

En la presente descripción, la tasa de discriminación es, por ejemplo, una tasa en la que un sujeto a evaluar que desarrolló cetosis después del parto (específicamente, el sujeto a evaluar que tiene el valor de concentración de BHBA en la sangre después del parto igual o mayor que el valor de criterio (por ejemplo, que es igual o mayor que 1200 $\mu\text{mol/l}$)) se evalúa correctamente como que tiene "un riesgo alto (más específicamente, que es igual o mayor que el valor de criterio)" por el método de evaluación de acuerdo con la presente realización y un sujeto a evaluar que no desarrolló cetosis después del parto (específicamente, el sujeto a evaluar que tiene el valor de concentración de BHBA en la sangre después del parto menor que el valor de criterio (por ejemplo, que es menor que 1200 $\mu\text{mol/l}$)) se evalúa correctamente como que tiene "un riesgo bajo (más específicamente, que es menor que el valor de criterio)" por el método de evaluación de acuerdo con la presente realización. En la presente descripción, la sensibilidad es, por ejemplo, una tasa en la que un sujeto a evaluar que desarrolló cetosis después del parto (específicamente, el sujeto a evaluar que tiene el valor de concentración de BHBA en la sangre después del parto igual o mayor que el valor de criterio) se evalúa correctamente como que tiene "un alto riesgo (más específicamente, que es igual o mayor que el valor de criterio)" mediante el método de evaluación de acuerdo con la presente realización. En la presente descripción, la especificidad es, por ejemplo, una tasa en la que un sujeto a evaluar que no desarrolló cetosis después del parto (específicamente, el sujeto a evaluar que tiene el valor de concentración de BHBA en la sangre después del parto menor que el valor de criterio) se evalúa correctamente como que tiene "un riesgo bajo (más específicamente, que es

menor que el valor de criterio)" mediante el método de evaluación de acuerdo con la presente realización. El criterio de información de Akaike es un criterio que representa cómo los datos de observación concuerdan con un modelo estadístico, por ejemplo, en el análisis de regresión, y se determina que el modelo en el que el valor definido por $-2 \times (\text{máxima verosimilitud logarítmica del modelo estadístico}) + 2 \times (\text{el número de parámetros libres del modelo estadístico})$ es más pequeño es el mejor. ROC_AUC (el área bajo la curva de características operativas del receptor) se define como el área bajo la curva de características operativas del receptor (ROC) creada al trazar $(x, y) = (1 - \text{especificidad, sensibilidad})$ en coordenadas bidimensionales. El valor de ROC_AUC es 1 en discriminación perfecta, y cuanto más cercano sea este valor a 1, mayor será la característica discriminativa. La previsibilidad es el promedio de las tasas de discriminación, sensibilidades o especificidades obtenidas al repetir la validación de la fórmula candidata. La robustez se refiere a la varianza de las tasas de discriminación, sensibilidades o especificidades obtenidas al repetir la validación de la fórmula candidata.

Volviendo a la descripción del proceso de preparación de fórmula, el dispositivo de control selecciona una combinación de los datos sanguíneos contenidos en la información del estado de BHBA utilizada para preparar la fórmula candidata, seleccionando una variable explicativa de la fórmula candidata basándose en un método de selección de variable explicativa predeterminado (etapa 3). La selección de la variable explicativa se puede realizar en cada fórmula candidata preparada en la etapa 1. De esta manera, es posible seleccionar adecuadamente la variable explicativa de la fórmula candidata. La etapa 1 se ejecuta una vez más utilizando la información del estado de BHBA, incluidos los datos sanguíneos seleccionados en la etapa 3. En la etapa 3, la variable explicativa de la fórmula candidata puede seleccionarse basándose en al menos uno de método escalonado, método del mejor camino, método de búsqueda local y algoritmo genético a partir del resultado de verificación obtenido en la etapa 2. El método de la mejor ruta es un método para seleccionar una variable explicativa optimizando un índice de evaluación de la fórmula candidata mientras se eliminan las variables explicativas contenidas en la fórmula candidata una por una.

Volviendo a la descripción del proceso de preparación de fórmula, el dispositivo de control prepara la fórmula utilizada para la evaluación realizando repetidamente las etapas 1, 2 y 3, y basándose en los resultados de verificación así acumulados, seleccionando la fórmula candidata utilizada para la evaluación entre las fórmulas candidatas (etapa 4). En la selección de la fórmula candidata, hay casos donde la fórmula óptima se selecciona entre las fórmulas candidatas preparadas con el mismo método de preparación de fórmulas o la fórmula óptima se selecciona entre todas las fórmulas candidatas.

Como se ha descrito anteriormente, en el procesamiento de preparación de fórmulas, el procesamiento para la preparación de las fórmulas candidatas, la verificación de las fórmulas candidatas y la selección de las variables explicativas en las fórmulas candidatas se realizan basándose en la información del estado de BHBA en una serie de operaciones de manera sistematizada, con lo que se puede elaborar la fórmula más adecuada para evaluar el estado de cetosis en vacas lecheras en el posparto. En otras palabras, en el procesamiento de preparación de fórmulas, los valores de concentración de los 25 tipos de aminoácidos y los valores de concentración de los 13 tipos de parámetros de química sanguínea se utilizan en el análisis estadístico multivariante y para seleccionar la combinación óptima y robusta de las variables explicativas, el método de selección de variables explicativas se combina con la validación cruzada para extraer la fórmula que tiene un alto rendimiento de evaluación.

2-2. Configuración del sistema

En lo sucesivo en el presente documento, la configuración del sistema de evaluación de acuerdo con la segunda realización (en lo sucesivo en el presente documento denominado a veces el presente sistema) se describirá con referencia a las FIG. 3 a 13. Este sistema es sólo un ejemplo.

En particular, en el presente documento, cuando se evalúa el estado de cetosis en vacas lecheras en el posparto, se describe como ejemplo un caso de utilización del valor de la fórmula o del valor convertido de la misma. Sin embargo, por ejemplo, se puede utilizar (i) el al menos un valor de los valores de concentración de los 25 tipos de aminoácidos y los valores de concentración de los 13 tipos de parámetros de química sanguínea o (ii) el valor convertido de los mismos.

En primer lugar, se describirá una configuración completa del presente sistema con referencia a las FIG. 3 y 4. La FIG. 3 es un diagrama que muestra un ejemplo de la configuración completa del presente sistema. La FIG. 4 es un diagrama que muestra otro ejemplo de la configuración completa del presente sistema. Como se muestra en la FIG. 3, el presente sistema está constituido en el que el aparato evaluador 100 que evalúa el estado de cetosis en vacas lecheras en el posparto y el aparato del cliente 200 (correspondiente al aparato terminal de la presente invención) que proporciona los datos sanguíneos están conectados de manera comunicativa entre sí a través de una red 300. En el presente sistema tal como se muestra en la FIG. 4, además del aparato de evaluación 100 y el aparato del cliente 200, el aparato de base de datos 400 que almacena, por ejemplo, la información del estado de BHBA utilizada para preparar la fórmula en el aparato de evaluación 100 y la fórmula utilizada para la evaluación pueden estar conectados de manera comunicativa a través de la red 300.

A continuación, la configuración del aparato de evaluación 100 en el presente sistema se describirá con referencia a las FIG. 5 a 11. La FIG. 5 es un diagrama de bloques que muestra un ejemplo de la configuración del aparato de

evaluación 100 en el presente sistema, que muestra conceptualmente sólo la región relevante para la presente invención.

El aparato de evaluación 100 incluye (i) un dispositivo de control 102, como CPU (unidad central de procesamiento), que controla integralmente el aparato de evaluación, (ii) una interfaz de comunicación 104 que conecta el aparato de evaluación a la red 300 de manera comunicativa a través de aparatos de comunicación tales como un enrutador y líneas de comunicación cableadas o inalámbricas tales como una línea privada, (iii) un dispositivo de memoria 106 que almacena diversas bases de datos, tablas, archivos y otros, y (iv) una interfaz de entrada/salida 108 conectada a un dispositivo de entrada 112 y a un dispositivo de salida 114, y estas partes están conectadas entre sí de manera comunicativa a través de cualquier canal de comunicación. El aparato de evaluación 100 puede estar presente junto con diversos analizadores (por ejemplo, un analizador de aminoácidos/bioquímica) en una misma carcasa. Por ejemplo, el aparato de evaluación 100 puede ser un dispositivo de análisis compacto que incluye componentes (hardware y software) que calculan (miden) el al menos un valor de los valores de concentración de los 25 tipos de aminoácidos y los valores de concentración de los 13 tipos de parámetros de química sanguínea en la sangre y generan (por ejemplo, imprimen o muestran en un monitor) el valor calculado, en donde el dispositivo de análisis compacto se caracteriza por incluir además la parte de evaluación 102d descrita más adelante, y utilizar los componentes para generar resultados obtenidos por la parte de evaluación 102d.

La interfaz de comunicación 104 permite la comunicación entre el aparato de evaluación 100 y la red 300 (o un aparato de comunicación tal como un enrutador). Por tanto, la interfaz de comunicación 104 tiene una función para comunicar datos a través de una línea de comunicación con otros terminales.

La interfaz de entrada/salida 108 está conectada al dispositivo de entrada 112 y al dispositivo de salida 114. Se pueden utilizar un monitor (incluido un televisor doméstico), un altavoz o una impresora como dispositivo de salida 114. Se pueden utilizar como dispositivo de entrada 112 un teclado, un ratón, un micrófono o un monitor que funcione como dispositivo señalador junto con un ratón.

El dispositivo de memoria 106 es un medio de almacenamiento, y ejemplos del mismo incluyen un aparato de memoria tal como RAM (memoria de acceso aleatorio) y ROM (memoria de solo lectura), una unidad de disco fija como un disco duro, un disco flexible y un disco óptico. El dispositivo de memoria 106 almacena programas informáticos que dan instrucciones a la CPU para diversos procesamiento, junto con el SO (sistema operativo). Como se muestra en la figura, el dispositivo de memoria 106 almacena el archivo de datos sanguíneos 106a, el archivo de información del estado de BHBA 106b, el archivo de información del estado de BHBA designada 106c, una base de datos de información relacionada con fórmula 106d y el archivo de resultados de evaluación 106e.

El archivo de datos sanguíneos 106a almacena el al menos un valor de los valores de concentración de los 25 tipos de aminoácidos y los valores de concentración de los 13 tipos de parámetros de química sanguínea en sangre. La FIG. 6 es una tabla que muestra un ejemplo de información almacenada en el archivo de datos sanguíneos 106a. Como se muestra en la FIG. 6, la información almacenada en el archivo de datos sanguíneos 106a incluye un número individual para identificar de forma única a un individuo (muestra) como el sujeto a evaluar y los datos sanguíneos que están correlacionados entre sí. En la FIG. 6, se supone que los datos sanguíneos son valores numéricos, es decir, en una escala continua, pero los datos sanguíneos pueden expresarse en una escala nominal o en una escala ordinal. En el caso de la escala nominal u ordinal, se puede asignar cualquier número a cada estado para su análisis. Los datos sanguíneos pueden combinarse con el valor relacionado con los factores descritos anteriormente que inciden en el desarrollo de la cetosis.

Volviendo a la FIG. 5, el archivo de información del estado de BHBA 106b almacena la información del estado de BHBA utilizada para preparar la fórmula. La FIG. 7 es una tabla que muestra un ejemplo de información almacenada en el archivo de información del estado de BHBA 106b. Como se muestra en la FIG. 7, la información almacenada en el archivo de información del estado de BHBA 106b incluye el número individual, los datos de BHBA (T) que representan el valor de concentración de BHBA en sangre después del parto y los datos sanguíneos que están correlacionados entre sí. En la FIG. 7, se supone que los datos de BHBA y los datos sanguíneos son valores numéricos, es decir, en una escala continua, pero los datos de BHBA y los datos sanguíneos pueden expresarse en una escala nominal o en una escala ordinal. En el caso de la escala nominal u ordinal, se puede asignar cualquier número a cada estado para su análisis.

Volviendo a la FIG. 5, el archivo de información del estado de BHBA designada 106c almacena la información del estado de BHBA designada en una parte de designación 102b descrita a continuación. La FIG. 8 es una tabla que muestra un ejemplo de información almacenada en el archivo de información del estado de BHBA designada 106c. Como se muestra en la FIG. 8, la información almacenada en el archivo de información del estado de BHBA designada 106c incluye el número individual, los datos de BHBA designados y los datos sanguíneos designados que están correlacionados entre sí.

Volviendo a la FIG. 5, la base de datos de información relacionada con fórmula 106d está compuesta por el archivo de fórmula 106d1 que almacena la fórmula preparada en una parte de preparación de fórmula 102c descrita a continuación. El archivo de fórmula 106d1 almacena las fórmulas utilizadas para la evaluación. La FIG. 9 es una tabla

que muestra un ejemplo de información almacenada en el archivo de fórmula 106d1. Como se muestra en la FIG. 9, la información almacenada en el archivo de fórmula 106d1 incluye una clasificación, la fórmula (por ejemplo, F_p (Gly,...), F_p (Gly, Leu, Phe), F_k (Gly, Leu, Phe,...) en la FIG. 9), un umbral correspondiente a cada método de preparación de fórmula y el resultado de verificación de cada fórmula (por ejemplo, el valor de cada fórmula) que están correlacionados entre sí.

Volviendo a la FIG. 5, el archivo de resultados de evaluación 106e almacena los resultados de evaluación obtenidos en la parte de evaluación 102d descrita a continuación. La FIG. 11 es una tabla que muestra un ejemplo de información almacenada en un archivo de resultados de evaluación 106e. La información almacenada en el archivo de resultados de evaluación 106e incluye el número de individuo para identificar de manera única al (a la muestra del) individuo como el sujeto a evaluar, los datos sanguíneos obtenidos previamente y el resultado de evaluación del estado de cetosis en vacas lecheras en el posparto (por ejemplo, el valor de la fórmula calculada por una parte de cálculo 102d1 descrita a continuación, el valor convertido obtenido mediante una parte de conversión 102d2 descrita a continuación, la información posicional generada por una parte de generación 102d3 descrita a continuación, o el resultado de clasificación obtenido por una parte de clasificación 102d4 descrita a continuación), que están correlacionados entre sí.

El dispositivo de control 102 tiene una memoria interna que almacena, por ejemplo, programas de control como el SO (Sistema Operativo), programas para diversos procedimientos de procesamiento y otros datos necesarios, y realiza diversos procesamientos de información de acuerdo con estos programas. Como se muestra en la figura, el dispositivo de control 102 incluye principalmente una parte de recepción 102a, la parte de designación 102b, la parte de preparación de fórmula 102c, la parte de evaluación 102d, una parte de emisión de resultado 102e y una parte de envío 102f. El dispositivo de control 102 realiza procesamientos de datos tales como la eliminación de datos, incluidos los defectuosos, eliminación de datos que incluyen muchos valores atípicos y eliminación de variables explicativas para los datos que incluyen defectuosos en la información del estado de BHBA transmitida desde el aparato de base de datos 400 y en los datos sanguíneos transmitidos desde el aparato del cliente 200.

La parte de recepción 102a recibe, a través de la red 300, información (específicamente, los datos sanguíneos, la información del estado de BHBA, la fórmula, etc.) transmitida desde el aparato del cliente 200 y el aparato de base de datos 400. La parte de designación 102b designa los datos de BHBA objetivos y datos sanguíneos objetivos para preparar la fórmula.

La parte de preparación de fórmula 102c genera la fórmula basándose en la información del estado de BHBA recibida en la parte de recepción 102a o la información del estado de BHBA designada en la parte de designación 102b. Si las fórmulas se almacenan previamente en una región predeterminada del dispositivo de memoria 106, la parte de preparación de fórmula 102c puede generar la fórmula seleccionando la fórmula deseada del dispositivo de memoria 106. Como alternativa, la parte de preparación de fórmula 102c puede generar la fórmula seleccionando y descargando la fórmula deseada desde otro aparato informático (por ejemplo, el aparato de base de datos 400) en el que las fórmulas están almacenadas previamente.

La parte de evaluación 102d evalúa el estado de cetosis en vacas lecheras en el posparto para el individuo calculando el valor de la fórmula utilizando (i) la fórmula obtenida previamente (por ejemplo, la fórmula preparada por la parte de preparación de fórmula 102c o la fórmula recibida por la parte de recepción 102a) y (ii) el al menos un valor de los valores de concentración de los 25 tipos de aminoácidos y los valores de concentración de los 13 tipos de parámetros de química sanguínea incluidos en los datos sanguíneos recibidos por la parte de recepción 102a. La parte de evaluación 102d puede evaluar el estado de cetosis en vacas lecheras en el posparto para el individuo utilizando (i) el al menos un valor de los valores de concentración de los 25 tipos de aminoácidos y los valores de concentración de los 13 tipos de parámetros de química sanguínea o (ii) el valor convertido del al menos un valor.

En lo sucesivo en el presente documento, una configuración de la parte de evaluación 102d se describirá con referencia a la FIG. 11. La FIG. 11 es un diagrama de bloques que muestra la configuración de la parte de evaluación 102d, y sólo se muestra conceptualmente una parte en la configuración relacionada con la presente invención. La parte de evaluación 102d incluye la parte de cálculo 102d1, la parte de conversión 102d2, la parte de generación 102d3 y la parte de clasificación 102d4, adicionalmente.

La parte de cálculo 102d1 calcula el valor de la fórmula utilizando (i) el al menos un valor de los valores de concentración de los 25 tipos de aminoácidos y los valores de concentración de los 13 tipos de parámetros de química sanguínea y (ii) la fórmula que incluye la variable explicativa que se sustituirá por el al menos un valor. La parte de evaluación 102d puede almacenar el valor de la fórmula calculada por la parte de cálculo 102d1 como resultado de evaluación en una región predeterminada del archivo de resultados de evaluación 106e.

La parte de conversión 102d2 convierte el valor de la fórmula calculada por la parte de cálculo 102d1, por ejemplo, mediante el método de conversión descrito anteriormente. La parte de conversión 102d2 puede convertir el al menos un valor de los valores de concentración de los 25 tipos de aminoácidos y los valores de concentración de los 13 tipos de parámetros de química sanguínea incluidos en los datos sanguíneos, por ejemplo, mediante el método de conversión descrito anteriormente. La parte de evaluación 102d puede almacenar el valor convertido por la parte de

conversión 102d2 como resultado de evaluación en una región predeterminada del archivo de resultados de evaluación 106e.

La parte de generación 102d3 genera la información posicional sobre la posición de la marca predeterminada en la escala predeterminada presentada visualmente en el dispositivo de visualización tal como un monitor o el medio físico tal como papel, utilizando el valor de la fórmula calculado por la parte de cálculo 102d1 o el valor convertido por la parte de conversión 102d2 (también se puede utilizar el valor de concentración o el valor convertido del valor de concentración). La parte de evaluación 102d puede almacenar la información posicional generada por la parte de generación 102d3 como el resultado de evaluación en una región predeterminada del archivo de resultados de evaluación 106e.

La parte de clasificación 102d4 clasifica al individuo en una cualquiera de las categorías definidas al menos considerando el grado de riesgo de desarrollar cetosis después del parto, utilizando el valor de la fórmula calculado por la parte de cálculo 102d1 o el valor convertido por la parte de conversión 102d2 (también se puede utilizar el valor de concentración o el valor convertido del valor de concentración).

La parte de emisión de resultado 102e emite, en el dispositivo de salida 114, por ejemplo, los resultados del procesamiento en cada parte de procesamiento en el dispositivo de control 102 (incluidos los resultados de evaluación obtenidos por la parte de evaluación 102d).

La parte de envío 102f transmite los resultados de evaluación al aparato del cliente 200 que es un emisor de los datos sanguíneos del individuo, y transmite las fórmulas preparadas en el aparato de evaluación 100 y los resultados de evaluación al aparato de base de datos 400.

En lo sucesivo en el presente documento, se describirá a continuación una configuración del aparato del cliente 200 en el presente sistema con referencia a la FIG. 12. La FIG. 12 es un diagrama de bloques que muestra un ejemplo de la configuración del aparato del cliente 200 en el presente sistema, y sólo la parte en la configuración relevante para la presente invención se muestra conceptualmente.

El aparato del cliente 200 incluye un dispositivo de control 210, ROM 220, HD (disco duro) 230, RAM 240, un dispositivo de entrada 250, un dispositivo de salida 260, una IF de entrada/salida 270 y una IF de comunicación 280 que están conectados de manera comunicativa entre sí a través de un canal de comunicación. El aparato del cliente 200 puede realizarse basándose en un aparato de procesamiento de información (por ejemplo, un terminal de procesamiento de información tal como una computadora personal conocida, una estación de trabajo, una computadora familiar, TV por Internet (televisión), terminal PHS (sistema de teléfono personal), un terminal de telefonía móvil, un terminal de comunicación de unidad móvil, o PDA (asistente digital personal) conectado según sea necesario con dispositivos periféricos como una impresora, un monitor y un escáner de imágenes.

El dispositivo de entrada 250 es, por ejemplo, un teclado, un ratón o un micrófono. El monitor 261 que se describe a continuación también funciona como dispositivo señalador junto con un ratón. El dispositivo de salida 260 es un medio de salida para emitir información recibida a través de la IF de comunicación 280, e incluye el monitor 261 (incluida la televisión doméstica) y una impresora 262. De forma adicional, el dispositivo de salida 260 puede tener adicionalmente un altavoz o similar. La IF de entrada/salida 270 está conectada al dispositivo de entrada 250 y al dispositivo de salida 260.

La IF de comunicación 280 conecta el aparato del cliente 200 a la red 300 (o aparato de comunicación tal como un enrutador) de manera comunicativa. En otras palabras, el aparato del cliente 200 está conectado a la red 300 a través de un aparato de comunicación tal como un módem, TA (adaptador de terminal) o un enrutador y una línea telefónica, o a través de una línea privada. De esta manera, el aparato del cliente 200 puede acceder al aparato de evaluación 100 utilizando un protocolo particular.

El dispositivo de control 210 tiene una parte de recepción 211 y una parte de envío 212. La parte de recepción 211 recibe diversos tipos de información, tal como los resultados de evaluación transmitidos desde el aparato de evaluación 100, a través de la IF de comunicación 280. La parte de envío 212 envía diversos tipos de información tal como los datos sanguíneos del individuo, a través de la IF de comunicación 280, al aparato de evaluación 100.

La totalidad o parte de los procesamientos del dispositivo de control 210 en el aparato del cliente 200 pueden ser realizados por la CPU y los programas pueden ser leídos y ejecutados por la CPU. Los programas informáticos para dar instrucciones a la CPU y ejecutar diversos procesamientos junto con el SO (sistema operativo) se graban en la ROM 220 o HD 230. Los programas informáticos, que se ejecutan a medida que se cargan en la RAM 240, constituyen el dispositivo de control 210 con la CPU. Los programas informáticos pueden almacenarse en servidores de programas de aplicación conectados a través de cualquier red al aparato del cliente 200, y el aparato del cliente 200 puede descargar todos ellos o parte de ellos según sea necesario. Todo o parte de los procesamientos del dispositivo de control 210 pueden realizarse mediante hardware tal como lógica cableada.

El dispositivo de control 210 puede incluir una parte de evaluación 210a (que incluye una parte de cálculo 210a1, una

parte de conversión 210a2, una parte de generación 210a3 y una parte de clasificación 210a4) que tienen las mismas funciones que las funciones de la parte de evaluación 102d en el aparato de evaluación 100. Cuando el dispositivo de control 210 incluye la parte de evaluación 210a, la parte de evaluación 210a puede convertir el valor de la fórmula (también se puede utilizar el valor de concentración) en la parte de conversión 210a2, generar la información posicional correspondiente al valor de la fórmula o al valor convertido (también se puede utilizar el valor de concentración o el valor convertido del valor de concentración) en la parte de generación 210a3, y clasificar al individuo en una cualquiera de las categorías utilizando el valor de la fórmula o el valor convertido (también se puede utilizar el valor de concentración o el valor convertido del valor de concentración) en la parte de clasificación 210a4, de acuerdo con la información incluida en el resultado de evaluación transmitido desde el aparato de evaluación 100.

En lo sucesivo en el presente documento, la red 300 en el presente sistema se describirá con referencia a las FIG. 3 y 4. La red 300 tiene una función para conectar el aparato de evaluación 100, los aparatos del cliente 200 y el aparato de base de datos 400 mutuamente, de manera comunicativa entre sí, y es por ejemplo Internet, una intranet o LAN (red de área local (que incluye tanto las cableadas como las inalámbricas)). La red 300 puede ser VAN (red de valor agregado), una red de comunicación de computadoras personales, una red telefónica pública (tanto analógica como digital), una red de líneas arrendadas (tanto analógicas como digitales), red de CATV (televisión por antena comunitaria), una red conmutada portátil o una red portátil de conmutación de paquetes (incluido el sistema IMT2000 (Telecomunicaciones Móviles Internacionales 2000), sistema GSM (marca registrada) (Sistema Global para Comunicaciones Móviles), sistema PDC (Personal Digital Cellular)/PDC-P y similares), una red de llamadas inalámbricas, una red inalámbrica local como Bluetooth (marca registrada), red PHS, una red de comunicaciones por satélite (incluido CS (satélite de comunicaciones), BS (satélite de radiodifusión), ISDB (servicios integrados de radiodifusión digital), y similares), o similares.

En lo sucesivo en el presente documento, la configuración del aparato de base de datos 400 en el presente sistema se describirá con referencia a la FIG. 13. La FIG. 13 es un diagrama de bloques que muestra un ejemplo de la configuración del aparato de base de datos 400 en el presente sistema, que muestra conceptualmente sólo la región relevante para la presente invención.

El aparato de base de datos 400 tiene funciones para almacenar, por ejemplo, la información del estado de BHBA utilizada para preparar las fórmulas en el aparato de evaluación 100 o el aparato de base de datos, las fórmulas de evaluación preparadas en el aparato de evaluación 100 y los resultados de evaluación obtenidos en el aparato de evaluación 100. Como se muestra en la FIG. 13, el aparato de base de datos 400 incluye (i) un dispositivo de control 402, tal como CPU, que controla integralmente el aparato de base de datos, (ii) una interfaz de comunicación 404 que conecta el aparato de base de datos a la red 300 de manera comunicativa a través de aparatos de comunicación tales como un enrutador y circuitos de comunicación cableados o inalámbricos tales como una línea privada, (iii) un dispositivo de memoria 406 que almacena diversas bases de datos, tablas, archivos, y otros, y (iv) una interfaz de entrada/salida 408 conectada a un dispositivo de entrada 412 y a un dispositivo de salida 414, y estas partes están conectadas de manera comunicativa entre sí a través de cualquier canal de comunicación.

El dispositivo de memoria 406 es un medio de almacenamiento, y, ejemplos del mismo incluyen un aparato de memoria tal como RAM o ROM, una unidad de disco fija como un disco duro, un disco flexible y un disco óptico. El dispositivo de memoria 406 almacena, por ejemplo, diversos programas utilizados en diversos procesamiento. La interfaz de comunicación 404 permite la comunicación entre el aparato de base de datos 400 y la red 300 (o un aparato de comunicación tal como un enrutador). Por tanto, la interfaz de comunicación 404 tiene una función para comunicar datos a través de una línea de comunicación con otros terminales. La interfaz de entrada/salida 408 está conectada al dispositivo de entrada 412 y al dispositivo de salida 414. Se pueden utilizar un monitor (incluido un televisor doméstico), un altavoz o una impresora como dispositivo de salida 414. Se pueden utilizar como dispositivo de entrada 412 un teclado, un ratón, un micrófono o un monitor que funcione como dispositivo señalador junto con un ratón.

El dispositivo de control 402 tiene una memoria interna que almacena, por ejemplo, programas de control como el SO (Sistema Operativo), programas para diversos procedimientos de procesamiento y otros datos necesarios, y realiza diversos procesamiento de información de acuerdo con estos programas. Como se muestra en la figura, el dispositivo de control 402 incluye principalmente una parte de envío 402a y una parte de recepción 402b. La parte de envío 402a transmite diversos tipos de información, como la información del estado de BHBA y las fórmulas, al aparato de evaluación 100. La parte de recepción 402b recibe diversos tipos de información, como las fórmulas y los resultados de evaluación transmitidos desde el aparato de evaluación 100.

En la presente descripción, el aparato de evaluación 100 ejecuta la recepción de los datos sanguíneos, el cálculo del valor de la fórmula, la clasificación del individuo en la categoría y la transmisión del resultado de evaluación, mientras que el aparato del cliente 200 ejecuta la recepción del resultado de evaluación, descrito como ejemplo. Sin embargo, cuando el aparato del cliente 200 incluye la unidad de evaluación 210a, el aparato de evaluación 100 sólo tiene que ejecutar el cálculo del valor de la fórmula. Por ejemplo, la conversión del valor de la fórmula, la generación de la información posicional y la clasificación del individuo en la categoría pueden ser compartidas apropiadamente entre el aparato de evaluación 100 y el aparato del cliente 200.

Por ejemplo, cuando el aparato del cliente 200 recibe el valor de la fórmula del aparato de evaluación 100, la unidad

de evaluación 210a puede convertir el valor de la fórmula en la unidad de conversión 210a2, generar la información posicional correspondiente al valor de la fórmula o al valor convertido en la unidad de generación 210a3, y clasificar al individuo en una cualquiera de las categorías utilizando el valor de la fórmula o el valor convertido en la unidad de clasificación 210a4.

5 Cuando el aparato del cliente 200 recibe el valor convertido del aparato de evaluación 100, la unidad de evaluación 210a puede generar la información posicional correspondiente al valor convertido en la unidad de generación 210a3, y clasificar al individuo en una cualquiera de las categorías utilizando el valor convertido en la unidad de clasificación 210a4.

10 Cuando el aparato del cliente 200 recibe el valor de la fórmula o el valor convertido y la información posicional del aparato de evaluación 100, la unidad de evaluación 210a puede clasificar al individuo en una cualquiera de las categorías utilizando el valor de la fórmula o el valor convertido en la unidad de clasificación 210a4.

15 2-3. Otras realizaciones

Además de la segunda realización descrita anteriormente, el aparato de evaluación, el método de evaluación, el programa de evaluación, el sistema de evaluación y el aparato terminal de acuerdo con la presente invención pueden ponerse en práctica en diversas realizaciones diferentes dentro del alcance tecnológico de las reivindicaciones.

20 De los procesamiento descritos en la segunda realización, la totalidad o parte de los procesamiento descritos como realizados automáticamente pueden realizarse manualmente, o la totalidad o parte de los procesamiento descritos como realizados manualmente pueden realizarse también automáticamente mediante métodos conocidos.

25 De forma adicional, los procedimientos de procesamiento, los procedimientos de control, los nombres específicos, la información que incluye parámetros como datos registrados de diversos procesamiento y condiciones de recuperación, los ejemplos de pantalla y la configuración de bases de datos que se muestran en la descripción y los dibujos pueden modificarse arbitrariamente a menos que se especifique lo contrario.

30 Los componentes del aparato de evaluación 100 que se muestran en las figuras son funcionalmente conceptuales y, por lo tanto, no pueden configurarse físicamente como se muestra en las figuras.

35 Por ejemplo, para las funciones operativas previstas en el aparato de evaluación 100, en particular, para las funciones operativas realizadas en el dispositivo de control 102, todo o parte de ello puede ser implementado por la CPU (Unidad Central de Procesamiento) y los programas pueden ser interpretados y ejecutados en la CPU, o pueden ser implementados por hardware de lógica cableada. El programa se graba en un medio de grabación tangible, no transitorio y legible por computadora, que incluye instrucciones programadas para hacer que un aparato de procesamiento de información ejecute el método de evaluación de acuerdo con la presente invención, y es leído mecánicamente según sea necesario por el aparato de evaluación 100. Más específicamente, los programas informáticos que dan instrucciones a la CPU en cooperación con el SO (sistema operativo) para realizar diversos procesos se graban en el dispositivo de memoria 106, como una ROM o un HDD (unidad de disco duro). Los programas informáticos se ejecutan al cargarse en la RAM y forman la unidad de control en cooperación con la CPU.

45 Los programas de computadora pueden almacenarse en un servidor de programas de aplicación conectado al aparato de evaluación 100 a través de una red arbitraria, y todos o parte de ellos pueden descargarse según sea necesario.

50 El programa de evaluación de acuerdo con la presente invención puede almacenarse en un medio de registro tangible, no transitorio y legible por computadora, o puede configurarse como un producto de programa. El "medio de grabación" mencionado aquí incluye cualquier "medio físico portátil", como una tarjeta de memoria, una memoria USB (bus serie universal), una tarjeta SD (digital segura), un disco flexible, un disco magneto-óptico, ROM, EPROM (memoria de sólo lectura programable y borrrable), EEPROM (marca registrada) (memoria de sólo lectura programable y borrrable electrónicamente), CD-ROM (disco compacto de memoria de sólo lectura), MO (disco magneto-óptico), disco DVD (disco versátil digital) y Blu-ray (marca registrada).

55 El "programa" mencionado en este caso es un método de procesamiento de datos descrito en un lenguaje arbitrario o método de descripción y, por lo tanto, cualquier forma, como un código fuente y un código binario, es aceptable. El "programa" no se limita necesariamente a un programa configurado como una sola unidad y, por consiguiente, incluye aquellos configurados de forma dispersa como una pluralidad de módulos y bibliotecas y aquellos en los que la función del programa se logra en cooperación con programas separados representados como SO (sistema operativo).
60 Cualquier configuración y procedimiento conocido se puede utilizar como una configuración y procedimiento de lectura específicos para leer un medio de grabación mediante cada aparato mostrado en las realizaciones, un procedimiento de instalación después de la lectura, y similares.

65 Las diversas bases de datos y similares almacenadas en el dispositivo de memoria 106 son una unidad de almacenamiento tal como un dispositivo de memoria como RAM y ROM, una unidad de disco fija como un disco duro, un disco flexible o un disco óptico. El dispositivo de memoria 106 almacena en él diversos programas, tablas, bases

de datos, archivos para páginas Web (World Wide Web) y similares, utilizados para realizar diversos procesos y proporcionar sitios Web.

El aparato de evaluación 100 puede configurarse como un aparato de procesamiento de información, tal como una computadora personal y una estación de trabajo conocidas, o puede configurarse como el aparato de procesamiento de información conectado a un dispositivo periférico arbitrario. El aparato de evaluación 100 puede proporcionarse instalando software (incluidos los programas y los datos, etc.) para hacer que el aparato de procesamiento de información implemente el método de evaluación de acuerdo con la presente invención.

Ejemplo 1

En una empresa lechera ordinaria, se recogieron un total de 686 muestras de sangre de un total de 343 vacas Holstein el día 21 antes de la fecha prevista del parto y el día 7 después del parto. Las 343 vacas incluyen vacas paridas que han tenido una experiencia de parto además del parto actual (282) y vacas nulíparas que no han tenido ninguna experiencia de parto aparte del parto actual (61).

Las muestras de sangre recogidas el día 21 antes de la fecha prevista del parto se midieron para determinar las concentraciones sanguíneas de los 25 tipos de aminoácidos (Ala, Arg, Asn, Asp, BCAA, Cit, Cys, Glu, Gln, Gly, His, Ile, Leu, Lys, Met, 3MeHis, Orn, Phe, Pro, Ser, Tau, Thr, Trp, Tyr y Val). Se midieron las muestras de sangre recogidas el 7º día después del parto para determinar la concentración sanguínea de BHBA. Las concentraciones sanguíneas de los aminoácidos se midieron mediante el método de medición mencionado anteriormente (A).

En primer lugar, basándose en el valor de BHBA del 7º día después del parto, las 343 vacas fueron clasificadas en los dos grupos siguientes: un grupo sano ($BHBA < 1200 \mu\text{mol/l}$, incluidas 238 vacas paridas y 56 vacas nulíparas); y un grupo de cetosis ($BHBA \geq 1200 \mu\text{mol/l}$, incluidas 44 vacas paridas y 5 vacas nulíparas). Después, se buscó un índice que maximice la capacidad de discriminación para discriminar entre los dos grupos mediante el análisis logístico (método de cobertura de variable explicativa de acuerdo con el AIC mínimo) utilizando dos aminoácidos en la sangre recogida el día 21 antes de la fecha esperada del parto, y las fórmulas buscadas fueron evaluadas mediante el AUC de la curva ROC.

Las fórmulas de índice que tienen un ROC_AUC de 0,67 o superior se enumeran en [11. Fórmula con dos variables de aminoácido] detallada más adelante. En [11. Fórmula con dos variables de aminoácido], un valor de ROC_AUC, un valor obtenido mediante la conversión logit del valor de una fórmula de índice, y la fórmula de índice se enumeran en este orden (lo mismo se aplica de a continuación en el presente documento). Los coeficientes y las constantes enumerados en [11. Fórmula con dos variables de aminoácido] puede tener cualquier valor (lo mismo se aplica a continuación en el presente documento).

Además, las fórmulas de índice se buscaron y evaluaron de la misma manera utilizando de tres a seis aminoácidos en la sangre recogida el día 21 antes de la fecha prevista del parto. Las fórmulas de índice que tienen un alto grado de bondad de ajuste se enumeran en [12. Fórmula con tres variables de aminoácido], [13. Fórmula con cuatro variables de aminoácido], [14. Fórmula con cinco variables de aminoácido] y [15. Fórmula con seis variables de aminoácido] detalladas más adelante.

Se demostró que las fórmulas de índice en [11. Fórmula con dos variables de aminoácido] a [15. Fórmula con seis variables de aminoácido] tienen un ROC_AUC más alta que el del caso reportado por la bibliografía no relacionada con patentes 2 donde solo se utiliza NEFA como variable explicativa ($\text{ROC_AUC} = 0,665$), y por lo tanto las fórmulas de índice son valiosas para evaluar el estado de la enfermedad posparto en el período perinatal (cetosis) (más específicamente, las fórmulas de índice son valiosas para evaluar si la concentración sanguínea de BHBA después del parto es inferior a $1200 \mu\text{mol/l}$ o es igual a $1200 \mu\text{mol/l}$ o superior).

Ejemplo 2

Se utilizaron las muestras de sangre utilizadas en el ejemplo 1. Las muestras de sangre recogidas el día 21 antes de la fecha prevista del parto se midieron para determinar los valores de concentración de los 13 tipos de parámetros de química sanguínea (ALB (g/dl), ALT (U/l), AST (U/l), BHBA ($\mu\text{mol/l}$), BUN (mg/dl), Ca (mg/dl), gGTP (U/l), Glc (mg/dl), NEFA ($\mu\text{Eq/l}$), T-Bil (mg/dl), TCHO (mg/dl), TG (mg/dl), TP (g/dl)). Se midieron las muestras de sangre recogidas el 7º día después del parto para determinar la concentración sanguínea de BHBA. Los valores de concentración de los parámetros de química sanguínea se midieron mediante el método de medición mencionado anteriormente (C).

De manera similar al ejemplo 1, las 343 vacas fueron clasificadas en los dos grupos siguientes: un grupo sano ($BHBA < 1200 \mu\text{mol/l}$, incluidas 238 vacas paridas y 56 vacas nulíparas); y un grupo de cetosis ($BHBA \geq 1200 \mu\text{mol/l}$, incluidas 44 vacas paridas y 5 vacas nulíparas). Después, se buscó un índice que maximice la capacidad de discriminación para discriminar entre los dos grupos mediante el análisis logístico (método de cobertura de variable explicativa de acuerdo con el AIC mínimo) utilizando dos parámetros de química sanguínea en la sangre recogida el día 21 antes de la fecha esperada del parto, y las fórmulas buscadas fueron evaluadas mediante el AUC de la curva ROC.

Las fórmulas de índice que tienen un ROC_AUC de 0,7 o superior se enumeran en [21. Fórmula con dos variables de bioquímica] detallada más adelante. Además, las fórmulas de índice se buscaron y evaluaron de la misma manera utilizando de tres a seis parámetros de química sanguínea en la sangre recogida el día 21 antes de la fecha prevista del parto. Las fórmulas de índice que tienen un alto grado de bondad de ajuste se enumeran en [22. Fórmula con tres variables de bioquímica], [23. Fórmula con cuatro variables de bioquímica], [24. Fórmula con cinco variables de bioquímica] y [25. Fórmula con seis variables de bioquímica] detallada más adelante.

Se demostró que las fórmulas de índice en [21. Fórmula con dos variables de bioquímica] a [25. Fórmula con seis variables de bioquímica] tienen un ROC_AUC más alta que el del caso reportado por la bibliografía no relacionada con patentes 2 donde solo se utiliza NEFA como variable explicativa (ROC_AUC=0,665), y por lo tanto las fórmulas de índice son valiosas para evaluar el estado de la enfermedad posparto en el período perinatal (cetosis) (más específicamente, las fórmulas de índice son valiosas para evaluar si la concentración sanguínea de BHBA después del parto es inferior a 1200 $\mu\text{mol/l}$ o es igual a 1200 $\mu\text{mol/l}$ o superior).

Ejemplo 3

Se utilizaron las muestras de sangre utilizadas en el ejemplo 1. Se midieron las muestras de sangre recogidas el día 21 antes de la fecha prevista del parto para determinar las concentraciones sanguíneas de los 25 tipos de aminoácidos y los valores de concentración de los 13 tipos de parámetros de química sanguínea. Se midieron las muestras de sangre recogidas el 7º día después del parto para determinar la concentración sanguínea de BHBA. Las concentraciones sanguíneas de los aminoácidos se midieron mediante el método de medición mencionado anteriormente (A). Los valores de concentración de los parámetros de química sanguínea se midieron mediante el método de medición mencionado anteriormente (C).

De manera similar al ejemplo 1, las 343 vacas fueron clasificadas en los dos grupos siguientes: un grupo saludable; y un grupo de cetosis. Después, se buscó un índice que maximizase la capacidad de discriminación para discriminar entre los dos grupos mediante el análisis logístico (método de cobertura de variable explicativa de acuerdo con el AIC mínimo) utilizando una combinación de aminoácidos y bioquímica (dos sustancias seleccionadas arbitrariamente de las 38 sustancias que incluyen los 25 tipos de aminoácidos y los 13 tipos de parámetros de química sanguínea) en la sangre recogida el día 21 antes de la fecha prevista del parto, y las fórmulas buscadas se evaluaron utilizando el AUC de la curva ROC.

Las fórmulas de índice que tienen un ROC_AUC de 0,7 o superior se enumeran en [31. Fórmula con dos variables de aminoácido+bioquímica] detallada más adelante. Además, las fórmulas de índice se buscaron y evaluaron de la misma manera utilizando combinaciones de aminoácidos y parámetros de química sanguínea (seleccionados arbitrariamente de tres a seis sustancias de las 38 variables que incluyen los 25 tipos de aminoácidos y los 13 tipos de parámetros de química sanguínea) en la sangre recogida el día 21 antes de la fecha prevista del parto. Las fórmulas de índice que tienen un alto grado de bondad de ajuste se enumeran en [32. Fórmula con tres variables de aminoácido+bioquímica], [33. Fórmula con cuatro variables de aminoácido+bioquímica], [34. Fórmula con cinco variables de aminoácido+bioquímica] y [35. Fórmula con seis variables de aminoácido+bioquímica] detallada más adelante.

Se demostró que las fórmulas de índice en [31. Fórmula con dos variables de aminoácido+bioquímica] a [35. Fórmula con seis variables de aminoácido+bioquímica] tienen un ROC_AUC más alta que el del caso reportado por la bibliografía no relacionada con patentes 2 donde solo se utiliza NEFA como variable explicativa (ROC_AUC=0,665), y por lo tanto las fórmulas de índice son valiosas para evaluar el estado de la enfermedad posparto en el período perinatal (cetosis) (más específicamente, las fórmulas de índice son valiosas para evaluar si la concentración sanguínea de BHBA después del parto es inferior a 1200 $\mu\text{mol/l}$ o es igual a 1200 $\mu\text{mol/l}$ o superior).

Ejemplo 4

De manera similar, las fórmulas de índice se buscaron y evaluaron de la misma manera, utilizando además un término de paridad para indicar vaca parida o vaca nulípara (una variable binaria (por ejemplo, es una variable explicativa que se sustituye por 1 o 0, indicando 1 vaca parida, indicando 0 vaca nulípara)) además de aminoácidos y parámetros de química sanguínea en la sangre recogida el día 21 antes de la fecha prevista del parto.

Las fórmulas de índice con un ROC_AUC mejorada mediante un término de paridad agregado a de dos a seis variables de aminoácido se enumeran en [401. Fórmula (con dos variables de aminoácido) con precisión diagnóstica mejorada mediante la adición del término de paridad] a [405. Fórmula (con seis variables de aminoácido) con precisión diagnóstica mejorada mediante la adición del término de paridad] que se detalla más adelante. Obsérvese que [401. Fórmula (con dos variables de aminoácido) con precisión diagnóstica mejorada mediante la adición del término de paridad] omite un término de paridad (variable de nacimiento) (lo mismo se aplica en lo sucesivo en el presente documento).

Las fórmulas de índice con un ROC_AUC mejorada mediante un término de paridad agregado a dos a seis variables de bioquímica se enumeran en [406. Fórmula (con dos variables de bioquímica) con precisión diagnóstica mejorada

mediante la adición del término de paridad] a [410. Fórmula (con seis variables de bioquímica) con precisión diagnóstica mejorada mediante la adición del término de paridad] que se detalla más adelante.

Las fórmulas de índice con un ROC_AUC mejorada mediante una combinación agregada de aminoácidos y parámetros de química sanguínea (de dos a seis sustancias seleccionadas arbitrariamente de las 38 sustancias que incluyen los 25 tipos de aminoácidos y los 13 tipos de parámetros de química sanguínea) con un término de paridad se enumeran en [411. Fórmula (con dos variables de aminoácido+bioquímica) con precisión diagnóstica mejorada mediante la adición del término de paridad] a [415. Fórmula (con seis variables de aminoácido+bioquímica) con precisión diagnóstica mejorada mediante la adición del término de paridad] que se detalla más adelante.

Ejemplo 5

Se utilizaron las muestras de sangre utilizadas en el ejemplo 1. Se midieron las muestras de sangre recogidas el día 21 antes de la fecha prevista del parto para determinar las concentraciones sanguíneas de los 25 tipos de aminoácidos y los valores de concentración de los 13 tipos de parámetros de química sanguínea. Se midieron las muestras de sangre recogidas el 7º día después del parto para determinar la concentración sanguínea de BHBA. Las concentraciones sanguíneas de los aminoácidos se midieron mediante el método de medición mencionado anteriormente (A). Los valores de concentración de los parámetros de química sanguínea se midieron mediante el método de medición mencionado anteriormente (C).

De manera similar al ejemplo 1, las 343 vacas fueron clasificadas en los dos grupos siguientes: un grupo saludable; y un grupo de cetosis. Después, se buscó un índice que maximizase la capacidad de discriminación para discriminar entre los dos grupos mediante el análisis logístico (método de cobertura de variable explicativa de acuerdo con el AIC mínimo) utilizando una combinación de aminoácidos y bioquímica (una sustancia seleccionada arbitrariamente de las 38 sustancias que incluyen los 25 tipos de aminoácidos y los 13 tipos de parámetros de química sanguínea) en la sangre recogida el día 21 antes de la fecha prevista del parto, y las fórmulas buscadas se evaluaron utilizando el AUC de la curva ROC.

Se demostró que la fórmula del índice que incluye solo ALB como variable explicativa (más específicamente, "ALB+1" (los coeficientes y las constantes pueden ser cualquier valor)) tiene un ROC_AUC de 0,697 mayor que el del caso informado por la bibliografía no relacionada con patentes 2 donde solo se utiliza NEFA como variable explicativa (ROC_AUC=0,665), y por lo tanto la fórmula de índice es valiosa para evaluar el estado de la enfermedad posparto en el periodo perinatal (cetosis) (más específicamente, la fórmula de índice es valiosa para evaluar si la concentración sanguínea de BHBA después del parto es inferior a 1200 µmol/l o es igual a 1200 µmol/l o superior). El valor obtenido mediante la conversión logit del valor de la fórmula de índice fue 261,935.

Aplicabilidad industrial

Tal como se ha analizado anteriormente, la presente invención es muy valiosa en muchos campos industriales, en particular, ganadería lechera, desarrollo de medicamentos o alimentos para el ganado, atención veterinaria al ganado y similares.

Explicación de letras o números

- 100 Aparato de evaluación
- 102 Dispositivo de control
- 102a Parte de recepción
- 102b Parte de designación
- 102c Parte de preparación de fórmula
- 102d Parte de evaluación
- 102d1 Parte de cálculo
- 102d2 Parte de conversión
- 102d3 Parte de generación
- 102d4 Parte de clasificación
- 102e Parte de emisión de resultado
- 102f Parte de envío
- 104 Interfaz de comunicación
- 106 Dispositivo de memoria
- 106a Archivo de datos sanguíneos
- 106b Archivo de información del estado de BHBA
- 106c Archivo de información del estado de BHBA designada
- 106d Base de datos de información relacionada con fórmula
- 106d1 Archivo de fórmula
- 106e Archivo de resultados de evaluación
- 108 Interfaz de entrada/salida
- 112 Dispositivo de entrada

114 Dispositivo de salida
 200 Aparato del cliente (aparato terminal (aparato terminal de comunicación de información))
 300 Red
 400 Aparato de base de datos

5

[11. Fórmula con dos variables de aminoácido] 0.687,269.675,1+His+Orn;0.672,270.428,1+His+Asn

[12. Fórmula con tres variables de aminoácido] 0.723,264.542,1+His+Asn+Orn;0.705,270.498,1+His+Ala+Orn;0.703,267.279,1+His+Orn+Phe;0.702,269.285,1+His+Orn+Cys

10

[13. Fórmula con cuatro variables de aminoácido] 0.735,264.504,1+His+Asn+Orn+Ile;0.732,263.944,1+His+Asn+Thr+Orn;0.732,265.541,1+His+Asn+Orn+Leu;0.730,265.947,1+His+Asn+Orn+BCAA;0.728,264.813,1+His+Asn+Ser+Orn;0.728,264.782,1+His+Asn+Gly+Orn;0.728,264.931,1+His+Asn+Orn+Cys;0.726,266.307,1+His+Asn+Pro+Orn;0.726,263.377,1+His+Asn+Asp+Orn;0.724,266.291,1+His+Asn+3MeHis+Orn;0.724,266.277,1+His+Asn+Gln+Orn;0.724,266.300,1+His+Asn+Orn+Met;0.724,265.906,1+His+Asn+Cit+Orn;0.723,266.489,1+His+Asn+Orn+Val;0.723,266.272,1+His+Asn+Tau+Orn;0.722,266.541,1+His+Asn+Ala+Orn;0.722,266.542,1+His+Asn+Orn+Lys;0.722,266.122,1+His+Asn+Arg+Orn;0.722,266.536,1+His+Asn+Orn+Tyr;0.721,266.378,1+His+Asn+Orn+Trp;0.721,266.490,1+His+Asn+Glu+Orn;0.721,265.091,1+His+Asn+Orn+Phe;0.719,265.976,1+His+Asn+Ser+Arg;0.716,262.212,1+His+Asn+Gly+Asp;0.716,267.350,1+His+Orn+Leu+Phe;0.715,260.861,1+His+Asn+Ser+Asp;0.714,271.453,1+His+Gly+Ala+Orn;0.714,271.120,1+His+3MeHis+Ala+Orn;0.713,266.685,1+His+Asn+Arg+Gly;0.712,268.002,1+His+Orn+Ile+Phe;0.712,268.333,1+His+Ser+Orn+Phe;0.710,270.200,1+His+Gln+Orn+Cys;0.710,266.501,1+His+Orn+Cys+Phe;0.710,268.430,1+His+Gly+Orn+Phe;0.710,267.764,1+His+Tau+Orn+Phe;0.709,268.397,1+His+Gln+Orn+Phe;0.709,267.492,1+His+Asp+Orn+Phe;0.709,268.445,1+His+Orn+Phe+BCAA;0.709,268.741,1+His+Ala+Orn+Phe;0.709,268.248,1+His+Asp+Orn+Cys;0.709,270.176,1+His+Ala+Orn+Cys;0.708,269.420,1+His+Arg+Orn+Cys;0.707,269.469,1+His+Orn+Cys+Tyr;0.707,271.883,1+His+Tau+Ala+Orn;0.707,267.914,1+His+3MeHis+Orn+Phe;0.707,272.015,1+His+Ser+Ala+Orn;0.707,264.324,1+Asn+Ser+Asp+Thr;0.706,268.898,1+His+Orn+Met+Phe;0.706,268.156,1+His+Asn+Arg+Ile;0.706,270.155,1+Asn+Thr+Orn+Ile;0.705,270.958,1+His+Tau+Orn+Cys;0.705,272.396,1+His+Ala+Orn+Ile;0.705,272.314,1+His+Cit+Ala+Orn;0.705,268.762,1+His+Asn+3MeHis+Arg;0.705,272.462,1+His+Ala+Orn+Leu;0.705,272.498,1+His+Ala+Orn+Met;0.705,269.197,1+His+Thr+Orn+Phe;0.705,272.494,1+His+Glu+Ala+Orn;0.705,272.493,1+His+Ala+Orn+BCAA;0.705,271.636,1+His+Arg+Ala+Orn;0.705,269.106,1+His+Cit+Orn+Phe;0.705,270.492,1+His+Asn+Lys+Ile;0.704,267.405,1+His+Asn+Gly+Cit;0.704,272.451,1+His+Thr+Ala+Orn;0.704,270.789,1+His+3MeHis+Orn+Cys;0.704,269.210,1+His+Glu+Orn+Phe;0.704,271.060,1+His+Cit+Orn+Cys;0.704,270.992,1+His+Gly+Orn+Cys;0.704,272.011,1+His+Gln+Ala+Orn;0.704,266.672,1+His+Asn+Arg+Asp;0.704,271.027,1+His+Glu+Orn+Cys;0.704,271.444,1+His+Ala+Orn+Tyr;0.704,272.326,1+His+Ala+Orn+Val;0.704,269.149,1+His+Orn+Val+Phe;0.703,270.942,1+His+Orn+Cys+Met;0.703,269.203,1+His+Pro+Orn+Phe;0.703,265.711,1+His+Asn+3MeHis+Asp;0.703,269.572,1+His+Asn+Gly+Lys;0.703,272.725,1+Asn+Orn+Cys+Ile;0.703,269.279,1+His+Orn+Tyr+Phe;0.703,272.332,1+His+Ala+Pro+Orn;0.703,269.277,1+His+Orn+Lys+Phe;0.702,271.252,1+His+Ser+Orn+Cys;0.702,270.495,1+His+Pro+Orn+Cys;0.702,269.249,1+His+Asn+Arg+Met;0.702,271.025,1+His+Orn+Cys+Val;0.702,271.703,1+His+Gln+Gly+Orn;0.702,266.722,1+His+Asn+Asp+Thr;0.702,271.284,1+His+Orn+Cys+Leu;0.702,271.280,1+His+Orn+Cys+Ile;0.701,269.319,1+His+Asn+Val+BCAA;0.701,268.037,1+His+Asn+Arg+Cys;0.701,271.226,1+His+Orn+Tyr+Leu;0.701,269.884,1+His+Orn+Cys+Lys;0.701,269.040,1+His+Asn+Thr+Lys;0.701,266.860,1+His+Asn+Asp+Lys;0.701,268.655,1+His+3MeHis+Asp+Orn;0.701,268.216,1+His+Asn+Arg+Thr;0.701,271.330,1+His+Ala+Orn+Trp;0.701,269.160,1+His+Arg+Orn+Phe;0.701,270.912,1+His+Thr+Orn+Cys;0.701,271.209,1+His+Orn+Cys+BCAA;0.701,272.252,1+Asn+Asp+Orn+Ile;0.701,268.848,1+His+Orn+Phe+Trp;0.701,271.956,1+Asn+Ser+Arg+Ile;0.701,272.447,1+Asn+Ser+Orn+Ile;0.701,269.827,1+His+Tau+Asp+Orn;0.700,270.470,1+His+Asp+Ala+Orn;0.700,270.716,1+Asn+3MeHis+Thr+Orn;0.700,270.363,1+His+Asn+Thr+Trp;0.700,272.229,1+His+Gly+Pro+Orn

65

[14. Fórmula con cinco variables de aminoácido] 0.746,262.572, 1+His+Asn+Orn+Ile+Phe;0.743,264.174, 1+His+Asn+Orn+Val+BCAA;0.741,263.058, 1+His+Asn+Gly+Thr+Orn;0.741,264.488, 1+His+Asn+Gly+Orn+Ile;0.741,264.806, 1+His+Asn+Orn+Cys+Ile; 0.741,258.537, 1+His+Asn+Ser+Arg+Asp; 5 0.741,262.801, 1+His+Asn+Asp+Orn+Ile;0.741,264.092, 1+His+Asn+Arg+Val+BCAA;0.740, 263.924, 1+His+Asn+Orn+Leu+Phe;0.739,263.622, 1+His+Asn+Thr+Orn+Phe;0.739,262.902, 1+His+Asn+Asp+Thr+Orn;0.739,264.814, 1+His+Asn+Thr+Orn+Ile;0.739,264.995, 1+His+Asn+Thr+Orn+Trp;0.739,264.923, 1+His+Asn+Thr+Orn+Cys;0.739,259.042, 1+His+Asn+Ser+Asp+Orn;0.738,263.969, 1+His+Asn+Arg+Val+Ile;0.738,264.035, 10 1+His+Asn+Ser+Thr+Orn;0.738,266.053, 1+His+Asn+Orn+Cys+Leu;0.737,265.999, 1+His+Asn+Orn+Val+Leu;0.737,264.916, 1+His+Asn+Gly+Orn+Leu;0.737,265.282, 1+His+Asn+Ser+Orn+Ile;0.737,265.398, 1+His+Asn+Arg+Orn+Ile;0.737,264.717, 1+His+Asn+Orn+Val+Ile; 0.737,265.937, 1+His+Asn+Orn+Ile+Trp; 15 0.737,266.494, 1+His+Asn+Pro+Orn+Ile;0.736,265.326, 1+His+Asn+Gly+Orn+BCAA;0.736,265.925, 1+His+Asn+Ser+Orn+Leu;0.736,265.408, 1+His+Asn+3MeHis+Thr+Orn;0.736,266.391, 1+His+Asn+Ala+Orn+Ile;0.736,267.042, 1+His+Asn+3MeHis+Orn+Leu;0.736,266.258, 1+His+Asn+3MeHis+Orn+Ile;0.736,266.504, 1+His+Asn+Orn+Met+Ile;0.736,265.064, 1+His+Asn+Orn+Phe+BCAA;0.735,265.781, 1+His+Asn+Orn+Tyr+Ile;0.735,261.542, 1+His+Asn+Gly+Asp+Orn;0.735,266.504, 1+His+Asn+Glu+Orn+Ile; 0.735,265.740, 1+His+Asn+Gln+Thr+Orn; 0.735,265.519, 1+His+Asn+Ser+Orn+Cys;0.735,266.443, 1+His+Asn+Gln+Orn+Ile;0.735,265.726, 1+His+Asn+Thr+Orn+Leu;0.734,265.735, 1+His+Asn+Thr+Orn+Val;0.734,266.209, 1+His+Asn+Ser+Gln+Orn;0.734,266.464, 1+His+Asn+Tau+Orn+Ile;0.734,265.585, 1+His+Asn+Gln+Gly+Orn;0.734,266.189, 1+His+Asn+Ser+Orn+BCAA;0.734,266.329, 1+His+Asn+Orn+Cys+BCAA;0.734,265.828, 1+His+Asn+Thr+Orn+Met;0.734,266.156, 1+His+Asn+Orn+Lys+Ile;0.734,267.149, 1+His+Asn+Orn+Leu+Trp;0.734,266.954, 1+His+Asn+Arg+Orn+Leu;0.734,260.995, 1+His+Asn+Gly+Asp+Thr;0.734,267.226, 1+His+Asn+Orn+Leu+BCAA;0.734,266.463, 1+His+Asn+Orn+Ile+Leu;0.734,264.475, 1+His+Asn+Asp+Orn+Leu;0.734,267.483, 1+His+Asn+3MeHis+Orn+BCAA;0.733,266.155, 1+His+Asn+Gly+Orn+Val;0.733,267.486, 1+His+Asn+Gln+Orn+Leu;0.733,265.812, 1+His+Asn+Thr+Orn+Tyr;0.733,265.944, 1+His+Asn+Glu+Thr+Orn;0.733,265.854, 1+His+Asn+Thr+Pro+Orn;0.732,265.912, 1+His+Asn+Thr+Orn+BCAA;0.732,267.214, 1+His+Asn+Orn+Tyr+Leu;0.732,267.518, 1+His+Asn+Pro+Orn+Leu;0.732,265.943, 1+His+Asn+Tau+Thr+Orn;0.732,265.944, 1+His+Asn+Thr+Ala+Orn;0.732,267.541, 1+His+Asn+Ala+Orn+Leu;0.732,267.515, 1+His+Asn+Tau+Orn+Leu;0.732,264.028, 1+His+Asn+3MeHis+Asp+Orn;0.732,265.610, 1+His+Asn+Cit+Thr+Orn;0.732,265.522, 1+His+Asn+Gly+Orn+Cys; 0.732,265.568, 1+His+Asn+Orn+Ile+BCAA; 0.732,265.729, 1+His+Asn+Cit+Orn+Ile;0.732,267.486, 1+His+Asn+Orn+Met+Leu;0.732,266.267, 1+His+Asn+Cit+Orn+Cys;0.732,265.775, 1+His+Asn+Thr+Orn+Lys;0.732,267.536, 1+His+Asn+Glu+Orn+Leu;0.732,264.507, 1+His+Asn+Ser+Orn+Phe;0.732,267.392, 1+His+Asn+Orn+Lys+Leu;0.732,266.758, 1+His+Asn+Cit+Orn+Leu;0.731,266.516, 1+His+Asn+Tau+Gly+Orn;0.731,266.789, 1+His+Asn+Pro+Orn+Cys;0.731,265.163, 1+His+Asn+Ser+Arg+Orn;0.731,265.583, 1+His+Asn+Arg+Thr+Orn;0.731,267.848, 1+His+Asn+Orn+Met+BCAA;0.731,264.683, 1+His+Asn+Asp+Pro+Orn;0.731,266.707, 1+His+Asn+Ser+Ala+Orn;0.731,263.240, 1+His+Asn+Asp+Orn+Cys;0.731,266.539, 1+His+Asn+Tau+Ser+Orn;0.731,267.872, 1+His+Asn+Pro+Orn+BCAA;0.731,267.421, 1+His+Asn+Arg+Orn+BCAA;0.731,264.869, 1+His+Asn+Asp+Orn+BCAA;0.731,258.875, 1+His+Asn+Ser+Asp+Cit;0.730,266.517, 1+His+Asn+Gln+Orn+Cys;0.730,267.543, 1+His+Asn+Orn+Trp+BCAA;0.730,266.654, 1+His+Asn+Ser+Orn+Val;0.730,266.641, 1+His+Asn+Gly+Pro+Orn;0.730,262.744, 1+His+Asn+Asp+Val+Ile;0.730,266.842, 1+His+Asn+Tau+Orn+Cys;0.730,267.850, 1+His+Asn+Gln+Orn+BCAA;0.730,266.792, 1+His+Asn+Ser+Pro+Orn;0.730,265.738, 1+His+Asn+Gly+Cit+Orn;0.730,267.946, 1+His+Asn+Ala+Orn+BCAA;0.729,266.858, 1+His+Asn+Orn+Cys+Val;0.729,265.404, 1+His+Asn+Ser+Cit+Orn;0.729,266.225, 1+His+Asn+Arg+Gly+Ile;0.729,267.947, 1+His+Asn+Glu+Orn+BCAA;0.729,266.693, 1+His+Asn+Gly+Ala+Orn;0.729,266.774, 1+His+Asn+Gly+Orn+Lys;0.729,267.885, 1+His+Asn+Tau+Orn+BCAA;0.729,265.117, 1+His+Asn+Gly+Orn+Phe;0.729,266.181, 1+His+Asn+Arg+Orn+Cys;0.729,267.253, 1+His+Asn+Cit+Orn+BCAA;0.729,266.3

29, 1+His+Asn+Gly+Glu+Orn; 0.729,266.797, 1+His+Asn+Ser+Orn+Met; 0.729,266.256, 1+His+Asn+Ser+Arg+Ile; 0.729,268.004, 1+His+Asn+Gln+Pro+Orn; 0.729,267.745, 1+His+Asn+Orn+Tyr+BCAA; 0.728,266.566, 1+His+Asn+Gly+Orn+Met; 0.728,266.849, 1+His+Asn+3MeHis+Orn+Cys; 0.728,266.812, 1+His+Asn+Ser+Orn+Lys; 0.728,267.861, 1+His+Asn+3MeHis+Gln+Orn; 0.728,267.753, 1+His+Asn+Arg+Pro+Orn; 0.728,266.735, 1+His+Asn+Ser+Orn+Trp; 0.728,266.762, 1+His+Asn+Gly+Orn+Trp; 0.728,266.301, 1+His+Asn+Ser+Gly+Orn; 0.728,266.809, 1+His+Asn+3MeHis+Ser+Orn; 0.728,266.772, 1+His+Asn+Gly+Orn+Tyr; 0.728,266.623, 1+His+Asn+Ser+Orn+Tyr; 0.728,268.134, 1+His+Asn+3MeHis+Orn+Val; 0.728,263.367, 1+His+Asn+Asp+Val+BCAA; 0.728,267.654, 1+His+Gly+Orn+Leu+Phe; 0.728,266.130, 1+His+Asn+Arg+Gly+Orn; 0.728,266.931, 1+His+Asn+Ala+Orn+Cys; 0.728,267.844, 1+His+Asn+Orn+Lys+BCAA; 0.728,266.896, 1+His+Asn+Orn+Cys+Met; 0.728,264.747, 1+His+Asn+Asp+Glu+Orn; 0.727,268.291, 1+His+Asn+Pro+Orn+Val; 0.727,265.139, 1+His+Asn+Orn+Cys+Phe; 0.727,268.078, 1+His+Asn+3MeHis+Pro+Orn; 0.727,266.671, 1+His+Asn+Glu+Orn+Cys; 0.727,266.145, 1+His+3MeHis+Orn+Leu+Phe; 0.727,264.949, 1+His+Asn+Asp+Orn+Met; 0.727,265.910, 1+His+Asn+Arg+Ile+BCAA; 0.727,267.973, 1+His+Asn+Tau+3MeHis+Orn; 0.727,266.738, 1+His+Asn+3MeHis+Gly+Orn; 0.727,266.888, 1+His+Ser+Asp+Orn+Phe; 0.727,266.720, 1+His+Asn+Ser+Glu+Orn; 0.727,268.108, 1+His+Asn+Tau+Pro+Orn; 0.727,264.806, 1+His+Asn+Tau+Asp+Orn; 0.727,266.308, 1+His+Asn+Orn+Met+Phe; 0.727,266.612, 1+His+Asn+Orn+Tyr+Phe; 0.727,267.531, 1+His+Asn+Arg+Orn+Met; 0.727,266.896, 1+His+Asn+Orn+Cys+Tyr; 0.727,266.615, 1+His+Asn+Orn+Val+Phe; 0.727,267.990, 1+His+Asn+Gln+Orn+Met; 0.727,264.981, 1+His+Asn+Asp+Cit+Orn; 0.727,268.286, 1+His+Asn+Ala+Pro+Orn; 0.727,268.041, 1+His+Asn+Tau+Orn+Met; 0.727,268.300, 1+His+Asn+Pro+Orn+Lys; 0.727,264.579, 1+His+Asn+Asp+Orn+Phe; 0.727,266.687, 1+His+Asn+Pro+Orn+Phe; 0.726,268.274, 1+His+Asn+Glu+Pro+Orn; 0.726,268.011, 1+His+Asn+Tau+Gln+Orn; 0.726,260.874, 1+His+Asn+Ser+Asp+Thr; 0.726,268.137, 1+His+Asn+Pro+Orn+Trp; 0.726,265.358, 1+His+Asn+Arg+Asp+Orn; 0.726,267.234, 1+His+Orn+Val+Leu+Phe; 0.726,266.896, 1+His+Asn+Orn+Cys+Lys; 0.726,268.137, 1+His+Asn+Pro+Orn+Met; 0.726,267.701, 1+His+Asn+3MeHis+Arg+Orn; 0.726,263.032, 1+His+Asn+Arg+Gly+Asp; 0.726,265.372, 1+His+Asn+Asp+Orn+Val; 0.726,267.060, 1+His+Orn+Val+Phe+BCAA; 0.726,267.416, 1+His+Asn+Cit+Pro+Orn; 0.726,265.377, 1+His+Asn+Asp+Orn+Lys; 0.726,265.184, 1+His+Asn+Asp+Orn+Tyr; 0.726,266.759, 1+His+Asn+Orn+Cys+Trp; 0.726,267.839, 1+His+Asn+Tau+Arg+Orn; 0.725,268.112, 1+His+Asn+3MeHis+Orn+Met; 0.725,261.976, 1+His+Asn+Gly+Asp+Cit; 0.725,261.496, 1+His+Asn+Ser+Asp+Lys; 0.725,266.389, 1+His+Asn+Ser+Arg+Thr; 0.725,267.496, 1+His+Asn+3MeHis+Cit+Orn; 0.725,260.778, 1+His+Asn+Ser+Asp+Phe; 0.725,268.068, 1+His+Asn+Arg+Orn+Val; 0.725,265.375, 1+His+Asn+Gln+Asp+Orn

[15. Fórmula con seis variables de aminoácido] 0.758,260.134, 1+His+Asn+Asp+Thr+Val+Ile; 0.758,262.965, 1+His+Asn+Thr+Orn+Val+BCAA; 0.757,260.870, 1+His+Asn+Orn+Val+Phe+BCAA; 0.755,261.881, 1+His+Asn+Gly+Orn+Ile+Phe; 0.753,260.987, 1+His+Asn+Arg+Asp+Val+Ile; 0.753,257.843, 1+His+Asn+Ser+Asp+Thr+Orn; 0.753,262.474, 1+His+Asn+Ser+Orn+Ile+Phe; 0.752,260.302, 1+His+Asn+Gly+Asp+Orn+Ile; 0.752,261.350, 1+His+Asn+Asp+Orn+Val+BCAA; 0.752,261.692, 1+His+Asn+Gly+Orn+Leu+Phe; 0.752,263.083, 1+His+Asn+Thr+Orn+Val+Ile; 0.752,263.546, 1+His+Asn+Gln+Gly+Thr+Orn; 0.752,262.034, 1+His+Asn+Arg+Thr+Val+Ile; 0.752,261.912, 1+His+Asn+Asp+Orn+Ile+Phe; 0.751,263.997, 1+His+Asn+Arg+Orn+Val+BCAA; 0.751,261.898, 1+His+Asn+Arg+Asp+Val+BCAA; 0.751,259.640, 1+His+Asn+Gly+Asp+Thr+Orn; 0.751,263.059, 1+His+Asn+Orn+Val+Ile+Phe; 0.751,262.228, 1+His+Asn+Orn+Cys+Ile+Phe; 0.751,262.417, 1+His+Asn+Thr+Orn+Ile+Phe; 0.750,262.708, 1+His+Asn+Arg+Thr+Val+BCAA; 0.750,261.282, 1+His+Asn+Asp+Thr+Val+BCAA; 0.750,265.277, 1+His+Asn+Thr+Orn+Val+Leu; 0.750,257.983, 1+His+Asn+Ser+Arg+Asp+Thr; 0.750,262.552, 1+His+Asn+Asp+Orn+Cys+Ile; 0.750,263.046, 1+His+Asn+Ser+Orn+Leu+Phe; 0.749,264.293, 1+His+Asn+Ala+Orn+Ile+Phe; 0.749,265.126, 1+His+Asn+Orn+Cys+Val+BCAA; 0.749,261.296, 1+His+Asn+Asp+Orn+Val+Ile; 0.749,265.170, 1+His+Asn+Gly+Orn+Cys+Ile; 0.749,259.007, 1+His+Asn+Ser+Asp+Glu+Orn; 0.749,262.924, 1+His+Asn+Gly+Orn+Phe+BCAA; 0.748,264.236, 1+His+Asn+Orn+Ile+Phe+Trp; 0.748,265.959, 1+His+Asn+Gly+Al

a+Orn+Ile;0.748,264.377,1+His+Asn+Orn+Met+Ile+Phe;0.748,262.
 460,1+His+Asn+Ser+Thr+Orn+Phe;0.748,263.692,1+His+Asn+Orn+V
 al+Leu+Phe;0.748,263.923,1+His+Asn+Ser+Orn+Phe+BCAA;0.748,2
 65.974,1+His+Asn+Ala+Orn+Val+BCAA;0.748,263.956,1+His+Asn+3
 5 MeHis+Orn+Leu+Phe;0.748,259.515,1+His+Asn+Ser+Asp+Orn+Ile;0. 748,258.828,1+His+Asn+Ser+Arg+Asp+Ile;
 0.748,263.806, 1+His+Asn+Gly+Thr+Orn+Ile;0.747,263.011,1+His+Asn+3MeHis+Asp+Thr+O
 rn;0.747,261.433,1+His+Asn+Gly+Asp+Orn+Leu;0.747,262.593,1+
 His+Asn+Asp+Thr+Ile+BCAA;0.747,264.112,1+His+Asn+Orn+Ile+Ph
 e+BCAA;0.747,263.870,1+His+Asn+Cit+Orn+Ile+Phe;0.747,263.34
 10 4,1+His+Asn+3MeHis+Asp+Orn+Ile;0.747,263.724,1+His+Asn+3MeH
 is+Orn+Ile+Phe;0.747,264.525,1+His+Asn+Thr+Orn+Ile+BCAA;0.7
 47,263.251,1+His+Asn+Asp+Glu+Orn+Ile;0.747,265.248,1+His+As
 n+Orn+Tyr+Val+BCAA;0.747,263.831,1+His+Asn+Arg+Cys+Val+Ile;
 0.747,264.508,1+His+Asn+Gln+Orn+Ile+Phe;0.746,262.199,1+His
 15 +Asn+Gly+Thr+Orn+Phe;0.746,263.375,1+His+Asn+Asp+Thr+Orn+Il
 e;0.746,264.571,1+His+Asn+Orn+Lys+Ile+Phe;0.746,265.380,1+H
 is+Asn+Gly+Orn+Val+BCAA;0.746,265.862,1+His+Asn+Gly+Orn+Cys
 +Leu;0.746,264.559,1+His+Asn+Pro+Orn+Ile+Phe;0.746,264.570,
 1+His+Asn+Orn+Tyr+Ile+Phe;0.746,259.022,1+His+Asn+Ser+Arg+A
 20 sp+Glu;0.746,265.388,1+His+Asn+Thr+Orn+Ile+Trp;0.746,264.55
 8,1+His+Asn+Glu+Orn+Ile+Phe;0.746,264.232,1+His+Asn+Arg+Orn
 +Ile+Phe;0.746,264.265,1+His+Asn+Tau+Orn+Ile+Phe;0.746,264.
 471,1+His+Asn+Orn+Ile+Leu+Phe;0.745,264.760,1+His+Asn+Arg+C
 ys+Val+BCAA;0.745,264.661,1+His+Asn+3MeHis+Asp+Orn+Leu;0.74
 25 5,261.802,1+His+Asn+Gly+Asp+Orn+BCAA;0.745,265.290,1+His+As
 n+Ser+Thr+Orn+Ile;0.745,265.195,1+His+Asn+Orn+Cys+Val+Ile;0.
 745,263.985,1+His+Asn+Thr+Orn+Leu+Phe;0.745,265.324,1+His+A
 sn+Arg+Gly+Val+BCAA;0.745,265.605,1+His+Asn+Arg+Glu+Val+BCA
 A;0.745,264.500,1+His+Asn+Gly+Thr+Orn+Cys;0.745,265.315,1+H
 30 is+Asn+Tau+Arg+Val+Ile;0.745,264.926,1+His+Asn+Arg+Gly+Orn+
 Ile;0.745,265.085,1+His+Asn+Arg+Orn+Cys+Ile;0.745,266.722,1
 +His+3MeHis+Ala+Orn+Leu+Phe;0.745,262.030,1+His+Asn+Arg+Gly
 +Asp+Ile;0.745,265.924,1+His+Asn+Orn+Lys+Val+BCAA;0.745,259.
 910,1+His+Asn+3MeHis+Ser+Arg+Asp;0.745,265.888,1+His+Asn+Se
 35 r+Orn+Val+BCAA;0.745,265.615,1+His+Asn+Thr+Orn+Cys+Ile;0.74
 5,259.531,1+His+Asn+Ser+Asp+Orn+Phe;0.744,265.919,1+His+Asn
 +Thr+Orn+Tyr+Ile;0.744,259.713,1+His+Asn+Ser+Arg+Asp+Orn;0.
 744,266.729,1+His+Asn+3MeHis+Orn+Cys+Ile;0.744,264.613,1+Hi
 s+Asn+Asp+Pro+Orn+Ile;0.744,264.681,1+His+Asn+Gly+Thr+Orn+B
 40 CAA;0.744,261.285,1+His+Asn+Gly+Asp+Thr+Lys;0.744,264.551,1
 +His+Asn+Ser+Arg+Val+Ile;0.744,260.327,1+His+Asn+Ser+Arg+As
 p+Leu;0.744,265.038,1+His+Asn+Arg+Val+Leu+BCAA;0.744,265.03
 8,1+His+Asn+Arg+Val+Ile+BCAA;0.744,265.038,1+His+Asn+Arg+Va
 l+Ile+Leu;0.744,265.038,1+His+Asn+Arg+Ile+Leu+BCAA;0.744,26
 45 2.602,1+His+Asn+Asp+Orn+Ile+BCAA;0.744,265.049,1+His+Asn+Th
 r+Orn+Phe+Trp;0.744,264.870,1+His+Asn+Cit+Orn+Val+BCAA;0.74
 4,266.066,1+His+Asn+Orn+Val+Trp+BCAA;0.744,265.910,1+His+As
 n+Tau+Orn+Val+BCAA;0.744,264.871,1+His+Asn+Gly+Thr+Ala+Orn; 0.744,265.877, 1+His+Asn+Orn+Cys +
 Tyr+Ile; 0.744,261.631,1+His +Asn+Arg+Gly+Asp+Thr;0.744,260.418,1+His+Asn+Ser+Arg+Asp+Pr o;
 50 0.744,264.903,1+His+Asn+Thr+Orn+Phe+BCAA; 0.744,264.039,1 +
 His+Asn+Orn+Cys+Leu+Phe;0.744,265.840,1+His+Asn+Orn+Cys+Ile
 +BCAA;0.744,265.487,1+His+Asn+Ser+Gln+Thr+Orn;0.744,265.447,
 1+His+Asn+Arg+Gly+Val+Ile;0.744,265.776,1+His+Asn+Gln+Gly+O
 rn+Ile;0.744,263.389,1+His+Asn+Arg+Val+Phe+BCAA;0.744,264.3
 55 73,1+His+Asn+Gly+Thr+Orn+Leu;0.744,265.544,1+His+Asn+Arg+Al
 a+Val+Ile;0.744,259.773,1+His+Asn+Ser+Arg+Asp+Phe;0.743,266.
 118,1+His+Asn+Gly+Orn+Cys+BCAA;0.743,263.400,1+His+Asn+Asp+ Thr+Orn+Cys; 0.743,259.444,
 1+His+Asn+Ser+Asp+Orn+Cys; 0.743,2 65.930,1+His+Asn+Orn+Val+Leu+BCAA;0.743,265.930,1+His+Asn+O
 rn+Val+Ile+BCAA;0.743,265.930,1+His+Asn+Orn+Val+Ile+Leu;0.7
 60 43,265.930,1+His+Asn+Orn+Ile+Leu+BCAA;0.743,260.600,1+His+A
 sn+Ser+Asp+Orn+BCAA;0.743,266.123,1+His+Asn+Orn+Met+Val+BCA A;
 0.743,265.843,1+His+Asn+Tau+Arg+Val+BCAA; 0.743,266.060,1 +
 His+Asn+Glu+Orn+Val+BCAA;0.743,264.035,1+His+Asn+Asp+Thr+Or
 n+Trp;0.743,260.473,1+His+Asn+Ser+Asp+Orn+Leu;0.743,263.884,
 65 1+His+Asn+Asp+Glu+Thr+Orn;0.743,266.036,1+His+Asn+Gln+Orn+V
 al+BCAA;0.743,266.150,1+His+Asn+Pro+Orn+Val+BCAA;0.743,266.

936, 1+His+Asn+Orn+Cys+Val+Leu; 0.743, 264.312, 1+His+Asn+Asp+Orn+Val+Leu; 0.743, 259.193, 1+His+Asn+Ser+Asp+Cit+Orn; 0.743, 265.285, 1+His+Asn+Ser+Thr+Orn+Cys; 0.743, 260.126, 1+His+Asn+Tau+Ser+Arg+Asp; 0.743, 260.241, 1+His+Asn+Ser+Arg+Asp+Tyr; 0.743, 266.943, 1+His+Asn+Arg+Orn+Val+Leu; 0.743, 261.867, 1+His+Asn+Gly+Asp+Orn+Cys; 0.743, 266.232, 1+His+Asn+Gly+Orn+Lys+Ile; 0.743, 266.644, 1+His+Asn+Thr+Orn+Leu+Trp; 0.743, 266.255, 1+His+Asn+Gln+Gly+Orn+Leu; 0.743, 264.324, 1+His+Asn+Arg+Orn+Val+Ile; 0.743, 265.239, 1+His+Asn+Arg+Cit+Val+BCAA; 0.743, 266.047, 1+His+Asn+Thr+Orn+Cys+Trp; 0.743, 266.314, 1+His+Asn+3MeHis+Thr+Orn+Ile; 0.743, 265.397, 1+His+Asn+3MeHis+Orn+Phe+BCAA; 0.743, 261.167, 1+His+Asn+Gly+Asp+Thr+Phe; 0.743, 266.174, 1+His+Asn+3MeHis+Orn+Val+BCAA; 0.743, 260.379, 1+His+Asn+Ser+Arg+Asp+BCAA; 0.743, 267.003, 1+His+Asn+3MeHis+Gln+Thr+Orn; 0.743, 258.560, 1+His+Asn+Ser+Arg+Asp+Cys; 0.743, 266.667, 1+His+Asn+Gln+Orn+Cys+Ile; 0.743, 266.405, 1+His+Asn+Gly+Orn+Val+Leu; 0.743, 263.166, 1+His+Asn+Asp+Lys+Val+Ile; 0.743, 265.477, 1+His+Asn+Orn+Met+Leu+Phe; 0.743, 265.159, 1+His+Asn+Arg+Glu+Val+Ile; 0.743, 264.223, 1+His+Asn+Asp+Orn+Ile+Trp; 0.743, 264.061, 1+His+Asn+Asp+Orn+Leu+Phe; 0.742, 266.443, 1+His+Asn+Tau+Gly+Orn+Ile; 0.742, 266.725, 1+His+Asn+Ser+Orn+Cys+Leu; 0.742, 265.138, 1+His+Asn+Asp+Glu+Orn+Leu; 0.742, 266.668, 1+His+Asn+Ala+Orn+Cys+Ile; 0.742, 265.998, 1+His+Asn+Arg+Tyr+Val+BCAA; 0.742, 267.133, 1+His+Asn+Thr+Orn+Leu+BCAA; 0.742, 266.755, 1+His+Asn+Gly+Ala+Orn+Leu; 0.742, 263.129, 1+His+Asn+Arg+Asp+Ile+BCAA; 0.742, 266.141, 1+His+Asn+Gln+Gly+Orn+Cys; 0.742, 265.885, 1+His+Asn+Ser+Orn+Cys+Ile; 0.742, 266.600, 1+His+Asn+Gln+Thr+Orn+Cys; 0.742, 264.486, 1+His+Asn+Asp+Thr+Pro+Orn; 0.742, 266.021, 1+His+Asn+Gly+Orn+Tyr+Ile; 0.742, 265.901, 1+His+Asn+Arg+Gly+Orn+Leu; 0.742, 265.440, 1+His+Asn+Orn+Leu+Phe+BCAA; 0.742, 266.123, 1+His+Asn+Ala+Orn+Val+Ile; 0.742, 266.063, 1+His+Asn+Gln+Arg+Val+BCAA; 0.742, 264.913, 1+His+Asn+Orn+Cys+Phe+BCAA; 0.742, 262.636, 1+His+Asn+Gly+Asp+Cit+Orn; 0.742, 265.267, 1+His+Asn+Ser+Thr+Orn+Trp; 0.742, 266.053, 1+His+Asn+3MeHis+Arg+Val+BCAA; 0.742, 264.812, 1+His+Asn+Ser+Arg+Val+BCAA; 0.742, 266.067, 1+His+Asn+Arg+Val+Trp+BCAA; 0.742, 266.418, 1+His+Asn+Gly+Orn+Ile+Leu; 0.742, 264.514, 1+His+Asn+Asp+Orn+Cys+Leu; 0.742, 264.686, 1+His+Asn+Asp+Orn+Tyr+Ile; 0.742, 260.144, 1+His+Asn+Ser+Arg+Gly+Asp; 0.742, 264.420, 1+His+Asn+Gly+Cit+Thr+Orn; 0.742, 265.977, 1+His+Asn+Arg+Met+Val+BCAA; 0.742, 264.485, 1+His+Asn+Gly+Thr+Orn+Trp; 0.742, 266.806, 1+His+Asn+Tau+Orn+Cys+Ile; 0.742, 266.008, 1+His+Asn+Cit+Orn+Cys+Ile; 0.742, 266.711, 1+His+Asn+Orn+Cys+Met+Ile; 0.742, 264.692, 1+His+Asn+Gln+Asp+Orn+Ile; 0.742, 268.009, 1+His+Asn+3MeHis+Ala+Orn+Ile; 0.742, 260.536, 1+His+Asn+Ser+Arg+Asp+Trp; 0.742, 265.045, 1+His+Asn+3MeHis+Gly+Thr+Orn; 0.742, 267.153, 1+His+Ala+Orn+Val+Phe+BCAA; 0.741, 266.089, 1+His+Asn+Arg+Pro+Val+BCAA; 0.741, 267.054, 1+His+Asn+3MeHis+Thr+Orn+Leu; 0.741, 260.532, 1+His+Asn+Ser+Arg+Asp+Lys; 0.741, 260.434, 1+His+Asn+Ser+Arg+Asp+Met; 0.741, 265.038, 1+His+Asn+Gly+Thr+Pro+Orn; 0.741, 258.973, 1+His+Asn+Ser+Arg+Asp+Cit; 0.741, 263.096, 1+His+Asn+Gln+Gly+Asp+Orn; 0.741, 266.723, 1+His+Asn+Glu+Orn+Cys+Ile; 0.741, 260.916, 1+His+Asn+Ser+Asp+Pro+Orn; 0.741, 266.487, 1+His+Asn+Gly+Pro+Orn+Ile; 0.741, 266.216, 1+His+Asn+Orn+Cys+Ile+Trp; 0.741, 266.895, 1+His+Asn+Ser+Ala+Orn+Ile; 0.741, 260.535, 1+His+Asn+Ser+Arg+Asp+Val; 0.741, 265.043, 1+His+Asn+Gly+Thr+Orn+Val; 0.741, 266.840, 1+His+Asn+Gln+Thr+Orn+Trp; 0.741, 266.262, 1+His+Asn+Gly+Glu+Orn+Ile; 0.741, 265.879, 1+His+Asn+Ser+Thr+Orn+Leu; 0.741, 265.026, 1+His+Asn+Gly+Thr+Orn+Tyr; 0.741, 263.441, 1+His+Asn+Asp+Thr+Orn+Phe; 0.741, 262.920, 1+His+Asn+Tau+Gly+Asp+Orn; 0.741, 264.338, 1+His+Asn+Asp+Cit+Orn+Ile; 0.741, 267.114, 1+His+Asn+Gly+Ala+Orn+BCAA; 0.741, 266.272, 1+His+Asn+Gly+Orn+Ile+Trp; 0.741, 265.050, 1+His+Asn+Tau+Gly+Thr+Orn; 0.741, 266.806, 1+His+Asn+Pro+Orn+Cys+Ile; 0.741, 264.766, 1+His+Asn+Asp+Orn+Met+Ile; 0.741, 267.845, 1+His+Gly+Ala+Orn+Leu+Phe; 0.741, 266.487, 1+His+Asn+Gly+Orn+Met+Ile; 0.741, 264.741, 1+His+Asn+Ser+Gly+Thr+Orn; 0.741, 264.324, 1+His+Asn+Thr+Orn+Cys+Phe; 0.741, 264.625, 1+His+Asn+Tau+Asp+Orn+Ile; 0.741, 264.996, 1+His+Asn+Gly+Thr+Orn+Met; 0.741,

267.757, 1+His+Asn+Ala+Orn+Ile+Trp; 0.741,266.079, 1+His+Asn+Arg+Ala+Val+BCAA; 0.741,266.379, 1+His+Asn+Arg+Gly+Orn+BCAA; 0.741,265.939, 1+His+Asn+3MeHis+Ser+Thr+Orn; 0.741,266.863, 1+His+Asn+3MeHis+Arg+Orn+Ile; 0.741,260.921, 1+His+Asn+Ser+Gln+Asp+Orn; 0.741,262.956, 1+His+Asn+Asp+Val+Ile+Phe; 0.741,266.563, 1+His+Asn+Gln+Gly+Orn+BCAA; 0.741,265.329, 1+His+Asn+Gln+Thr+Orn+Phe; 0.741,266.694, 1+His+Asn+Thr+Orn+Cys+Leu; 0.741,265.415, 1+His+Asn+Ser+Orn+Val+Phe; 0.741,265.853, 1+His+Asn+Arg+Lys+Val+BCAA; 0.741,260.218, 1+His+Asn+Tau+Ser+Asp+Orn; 0.741,265.878, 1+His+Asn+Orn+Lys+Leu+Phe; 0.741,262.531, 1+His+Asn+Asp+Val+Phe+BCAA; 0.741,266.643, 1+His+Asn+3MeHis+Thr+Orn+Cys; 0.741,260.223, 1+His+Asn+Ser+Asp+Thr+Lys; 0.741,264.911, 1+His+Asn+Gly+Thr+Orn+Lys; 0.741,265.095, 1+His+Asn+3MeHis+Asp+Orn+BCAA; 0.741,264.207, 1+His+Asn+Thr+Val+Phe+BCAA; 0.741,264.622, 1+His+Asn+Asp+Thr+Orn+Met; 0.741,259.759, 1+His+Asn+Ser+Asp+Thr+Phe; 0.740,264.613, 1+His+Asn+Ser+Arg+Orn+Ile; 0.740,265.697, 1+His+Asn+Orn+Leu+Phe+Trp; 0.740,266.013, 1+His+Asn+Gly+Orn+Val+Ile; 0.740,266.613, 1+His+Asn+3MeHis+Thr+Orn+Trp; 0.740,267.808, 1+His+Asn+3MeHis+Orn+Cys+Leu; 0.740,264.419, 1+His+Asn+Arg+Gly+Thr+Orn; 0.740,265.147, 1+His+Asn+Cit+Orn+Leu+Phe; 0.740,265.091, 1+His+Asn+Thr+Val+Ile+Phe; 0.740,266.862, 1+His+Asn+Thr+Orn+Trp+BCAA; 0.740,266.368, 1+His+Asn+Ser+Gly+Orn+Ile; 0.740,266.737, 1+His+Asn+Gly+Orn+Lys+Leu; 0.740,260.717, 1+His+Asn+Ser+Asp+Thr+Val; 0.740,262.971, 1+His+Asn+Gly+Asp+Pro+Orn; 0.740,267.306, 1+His+Asn+3MeHis+Thr+Orn+BCAA; 0.740,266.857, 1+His+Asn+Thr+Orn+Cys+BCAA; 0.740,266.892, 1+His+Asn+Cit+Orn+Val+Leu; 0.740,266.691, 1+His+Asn+Orn+Cys+Ile+Leu; 0.740,265.817, 1+His+Asn+Tau+Orn+Leu+Phe; 0.740,264.720, 1+His+Asn+Asp+Thr+Orn+Leu; 0.740,260.481, 1+His+Asn+Ser+Gln+Arg+Asp; 0.740,266.387, 1+His+Asn+Gly+Orn+Ile+BCAA; 0.740,265.401, 1+His+Asn+Thr+Pro+Orn+Phe; 0.740,266.183, 1+His+Asn+Orn+Cys+Lys+Ile; 0.740,262.850, 1+His+Asn+Gly+Asp+Orn+Val; 0.740,260.727, 1+His+Asn+3MeHis+Ser+Asp+Orn; 0.740,260.495, 1+His+Asn+Ser+Gly+Asp+Orn; 0.740,264.525, 1+His+Asn+Arg+Asp+Orn+Ile; 0.740,264.791, 1+His+Asn+Gly+Glu+Thr+Orn; 0.740,266.735, 1+His+Asn+Thr+Ala+Orn+Ile; 0.740,264.887, 1+His+Asn+Asp+Thr+Orn+BCAA; 0.740,266.299, 1+His+Asn+Arg+Thr+Orn+Cys; 0.740,264.501, 1+His+Asn+3MeHis+Thr+Orn+Phe; 0.740,265.272, 1+His+Asn+Gly+Cit+Orn+Ile; 0.740,266.870, 1+His+Asn+Thr+Pro+Orn+Cys; 0.740,265.863, 1+His+Asn+Orn+Tyr+Leu+Phe; 0.740,267.867, 1+His+Asn+Tau+Orn+Val+Leu; 0.740,263.833, 1+His+Asn+Asp+Lys+Val+BCAA; 0.740,265.910, 1+His+Asn+Gln+Orn+Leu+Phe; 0.740,265.919, 1+His+Asn+Ala+Orn+Leu+Phe; 0.740,266.407, 1+His+Asn+3MeHis+Gly+Orn+Ile; 0.740,266.794, 1+His+Asn+Glu+Thr+Orn+Ile; 0.740,264.923, 1+His+Asn+Thr+Orn+Met+Phe; 0.740,260.463, 1+His+Asn+Ser+Arg+Asp+Ala; 0.740,264.490, 1+His+Asn+Asp+Orn+Ile+Leu; 0.740,267.658, 1+His+Asn+Ser+Gln+Orn+Leu; 0.740,265.622, 1+His+Asn+Thr+Orn+Val+Phe; 0.740,266.887, 1+His+Asn+Ser+Orn+Cys+BCAA; 0.740,265.901, 1+His+Asn+Ser+Thr+Ala+Orn; 0.739,265.963, 1+His+Asn+Orn+Tyr+Val+Ile; 0.739,264.893, 1+His+Asn+Arg+Asp+Thr+Orn; 0.739,264.899, 1+His+Asn+Gln+Asp+Thr+Orn; 0.739,261.093, 1+His+Asn+Gly+Asp+Cit+Thr; 0.739,262.921, 1+His+Asn+Asp+Cit+Val+Ile; 0.739,262.358, 1+His+Asn+Gly+Asp+Val+Ile; 0.739,265.920, 1+His+Asn+Pro+Orn+Leu+Phe; 0.739,264.370, 1+His+Asn+Asp+Orn+Lys+Ile; 0.739,267.503, 1+His+Asn+3MeHis+Orn+Tyr+Ile; 0.739,267.908, 1+His+Asn+Gln+Orn+Cys+Leu; 0.739,267.256, 1+His+Asn+Cit+Orn+Cys+Leu; 0.739,265.892, 1+His+Asn+Arg+Orn+Leu+Phe; 0.739,263.018, 1+His+Asn+Asp+Cit+Val+BCAA; 0.739,266.193, 1+His+Asn+Tau+Orn+Val+Ile; 0.739,267.167, 1+His+Asn+Ser+Orn+Val+Leu; 0.739,264.402, 1+His+Asn+Arg+Val+Ile+Phe; 0.739,260.963, 1+His+Asn+Ser+Asp+Orn+Val; 0.739,265.998, 1+His+Asn+Ser+Thr+Orn+BCAA; 0.739,266.045, 1+His+Asn+Ser+Orn+Tyr+Ile; 0.739,265.621, 1+His+Asn+Glu+Thr+Orn+Phe; 0.739,264.735, 1+His+Asn+Asp+Thr+Orn+Lys; 0.739,264.878, 1+His+Asn+Asp+Thr+Orn+Tyr; 0.739,265.781, 1+His+Asn+Glu+Orn+Leu+Phe; 0.739,264.711, 1+His+Asn+Asp+Pro+Orn+Cys; 0.739,267.057, 1+His+Asn+Ser+Orn+Tyr+Leu; 0.739,266.813, 1+His+Asn+Thr+Pro+Orn+Ile; 0.739,265.858, 1+His+Asn+Arg+Val+Ile+Trp; 0.739,264.782, 1+His+Asn+Asp+Ala+Orn+Ile; 0.739,267.399, 1+His+Asn+Gln+Gly+Pro+Orn; 0.739,265.622, 1+His+Asn+Thr+Ala+Orn+Phe; 0.739,266.993, 1+His+Asn+Thr+Ala+Orn+Trp; 0.739,266.814, 1+His+Asn+Thr+Orn+Met+Ile; 0.739,267.690, 1+His+Asn+Ala+Orn+Tyr+Ile; 0.739,262.595, 1+His+Asn+Gly+Ala

sp+Val+BCAA;0.739,267.087,1+His+Asn+Ala+Orn+Ile+BCAA;0.739,
 267.594,1+His+Asn+Orn+Tyr+Val+Leu;0.739,265.093,1+His+Asn+G
 ly+Orn+Val+Phe;0.739,266.760,1+His+Asn+Ser+Gln+Orn+Cys;0.73
 9,267.272,1+His+3MeHis+Ala+Orn+Ile+Phe;0.739,262.366,1+His+
 5 Asn+Gly+Asp+Lys+Ile;0.739,267.924,1+His+Asn+Orn+Cys+Leu+BCA
 A;0.739,266.537,1+His+Asn+Orn+Met+Phe+BCAA;0.739,267.203,1+
 His+Asn+Gln+Gly+Orn+Val;0.739,266.923,1+His+Asn+Thr+Orn+Val
 +Trp;0.739,266.499,1+His+Asn+Thr+Orn+Ile+Leu;0.739,265.613,
 1+His+Asn+Arg+Thr+Orn+Phe;0.739,264.682,1+His+Asn+Asp+Thr+A
 10 la+Orn;0.739,265.415,1+His+Asn+Ser+Thr+Orn+Tyr;0.739,266.84
 3,1+His+Asn+Thr+Orn+Met+Trp;0.739,267.849,1+His+Asn+3MeHis+
 Orn+Val+Leu;0.739,267.977,1+His+Asn+Glu+Orn+Val+Leu;0.739,2
 65.589,1+His+Asn+Thr+Orn+Lys+Phe;0.739,265.680,1+His+Asn+As
 p+Glu+Orn+BCAA;0.739,265.336,1+His+Asn+Thr+Orn+Tyr+Phe;0.73
 15 9,265.404,1+His+Asn+Cit+Thr+Orn+Phe;0.739,261.039,1+His+Asn
 +Ser+Asp+Orn+Trp;0.739,268.301,1+His+Gly+Ala+Orn+Ile+Phe;0.739,267.344,1+His+Asn+Tau+Gln+Gly+Orn;
 0.739,264.484,1+His+Asn+Ser+Arg+Thr+Orn;0.739,266.754,1+His+Asn+Gln+Thr+Orn+Ile;0.739,266.784,
 1+His+Asn+Gly+Glu+Orn+Leu;0.739,265.543,1+His
 +Asn+Gly+Cit+Orn+Leu;0.739,266.893,1+His+Asn+Gly+Orn+Cys+Va
 20 1;0.739,267.146,1+His+Asn+Arg+Orn+Tyr+Ile;0.739,268.003,1+H
 is+Asn+Glu+Orn+Cys+Leu;0.739,261.041,1+His+Asn+Ser+Asp+Orn+
 Met;0.739,262.742,1+His+Asn+Gly+Asp+Glu+Thr;0.739,266.248,1
 +His+Asn+Thr+Lys+Val+BCAA;0.739,267.356,1+His+Asn+3MeHis+Th
 r+Ala+Orn;0.739,265.799,1+His+Asn+Ser+Arg+Ile+BCAA;0.739,26
 25 5.804,1+His+Asn+Arg+Lys+Val+Ile;0.739,265.921,1+His+Asn+Arg
 +Tyr+Val+Ile;0.739,266.756,1+His+Asn+Thr+Orn+Cys+Tyr;0.739,
 264.838,1+His+Asn+Tau+Asp+Thr+Orn;0.739,268.348,1+His+Asn+A
 la+Pro+Orn+Ile;0.738,264.795,1+His+Asn+Arg+Thr+Ile+BCAA;0.7
 38,266.910,1+His+Asn+Thr+Pro+Orn+Trp;0.738,266.188,1+His+As
 30 n+Asp+Pro+Orn+Leu;0.738,265.986,1+His+Asn+Thr+Lys+Val+Ile;0.738,265.954,1+His+Asn+Ser+Thr+Orn+Val;
 0.738,266.994,1+His+Asn+Glu+Thr+Orn+Trp;0.738,268.047,1+His+Asn+Pro+Orn+Cys+Leu;0.738,267.335,
 1+His+Asn+Arg+Ala+Orn+Ile;0.738,264.514,1+His
 +Asn+Asp+Thr+Orn+Val;0.738,261.036,1+His+Asn+Ser+Asp+Orn+Lys;0.738,266.396,1+His+Asn+Gln+Orn+Val+
 35 Ile;0.738,267.287,1+His+Asn+3MeHis+Glu+Thr+Orn;0.738,265.439,1+His+Asn+Ser+Arg+O
 rn+Cys;0.738,266.921,1+His+Asn+Thr+Ala+Orn+Cys;0.738,267.48
 1,1+His+Asn+Orn+Lys+Tyr+Ile;0.738,265.683,1+His+Asn+Arg+Orn
 +Ile+BCAA;0.738,267.906,1+His+Asn+Orn+Lys+Val+Leu;0.738,262.
 321,1+His+Asn+Gly+Asp+Thr+Trp;0.738,262.633,1+His+Asn+Gly+A
 40 sp+Thr+Val;0.738,266.326,1+His+Asn+Ser+Orn+Val+Ile;0.738,26
 8.118,1+His+Asn+3MeHis+Gln+Orn+Ile;0.738,266.787,1+His+Asn+
 Tau+Thr+Orn+Ile;0.738,266.856,1+His+Asn+Glu+Thr+Orn+Cys;0.7
 38,268.197,1+His+Asn+Tau+3MeHis+Orn+Ile;0.738,265.976,1+His
 +Asn+Arg+Thr+Orn+Ile;0.738,266.959,1+His+Asn+Tau+Thr+Orn+Tr
 45 p;0.738,265.618,1+His+Asn+Ser+Gln+Orn+Phe;0.738,266.851,1+H
 is+Asn+Gly+Orn+Leu+BCAA;0.738,266.870,1+His+Asn+Arg+Orn+Ile
 +Trp;0.738,266.035,1+His+Asn+Tau+Ser+Thr+Orn;0.738,267.005,
 1+His+Asn+Ser+Gln+Orn+Ile;0.738,267.902,1+His+Asn+Gln+Orn+V
 al+Leu;0.738,266.791,1+His+Asn+Gly+Orn+Leu+Trp;0.738,265.72
 9,1+His+Asn+Cit+Orn+Val+Ile;0.738,267.803,1+His+Asn+Tau+Orn
 50 +Ile+Trp;0.738,267.814,1+His+Asn+Ser+Orn+Leu+BCAA;0.738,268.
 051,1+His+Asn+Orn+Cys+Met+Leu;0.738,264.759,1+His+Asn+Asp+O
 rn+Cys+BCAA;0.738,267.335,1+His+Asn+Thr+Val+Ile+Trp;0.738,2
 65.147,1+His+Asn+Ser+Cit+Thr+Orn;0.738,266.803,1+His+Asn+Th
 r+Orn+Cys+Val;0.738,261.033,1+His+Asn+Ser+Asp+Orn+Tyr;0.738,
 55 262.168,1+His+Asn+Gln+Gly+Asp+Thr;0.738,266.912,1+His+Asn+T
 hr+Orn+Cys+Met;0.738,266.909,1+His+Asn+Tau+Thr+Orn+Cys;0.73
 8,266.547,1+His+Asn+Cit+Thr+Orn+Cys;0.738,265.513,1+His+Asn
 +Tau+Thr+Orn+Phe;0.738,267.812,1+His+Asn+3MeHis+Orn+Ile+Tr
 60 p;0.738,261.034,1+His+Asn+Ser+Asp+Ala+Orn;0.738,260.049,1+H
 is+Asn+Ser+Asp+Cit+Lys;0.738,266.491,1+His+Asn+Orn+Val+Ile+
 Trp;0.738,267.266,1+His+Asn+3MeHis+Ser+Orn+Ile;0.738,265.80
 2,1+His+Asn+Arg+Pro+Val+Ile;0.738,265.423,1+His+Asn+Arg+Cys
 +Ile+BCAA;0.738,266.963,1+His+Asn+Thr+Orn+Tyr+Trp;0.738,267.
 093,1+His+Asn+Arg+Orn+Cys+Leu;0.738,268.053,1+His+Asn+Ala+O
 65 rn+Cys+Leu;0.738,267.998,1+His+Asn+Ala+Orn+Val+Leu;0.738,26
 6.929,1+His+Asn+Thr+Orn+Lys+Trp;0.738,265.967,1+His+Asn+3Me

His+Arg+Val+Ile;0.738,265.858,1+His+Asn+Ser+Thr+Orn+Lys;0.738,266.353,1+His+Asn+Cit+Thr+Orn+Ile;0.738,267.812,1+His+Asn+Ser+Ala+Orn+Leu;0.738,267.321,1+His+Asn+3MeHis+Cit+Orn+Ile;0.738,267.997,1+His+Asn+Pro+Orn+Val+Leu;0.738,267.253,1+His+Asn+Arg+Orn+Met+Ile;0.738,264.736,1+His+Asn+Asp+Cit+Thr+Orn;0.738,263.304,1+His+Asn+Gly+Asp+Glu+Orn;0.738,265.051,1+His+Asn+Asp+Orn+Phe+BCAA;0.738,267.148,1+His+Asn+Ser+Gln+Gly+Orn;0.738,266.028,1+His+Asn+Ser+Glu+Thr+Orn;0.738,269.002,1+His+Asn+3MeHis+Ala+Orn+Leu;0.738,266.763,1+His+Asn+Ser+Gly+Orn+Leu;0.738,266.654,1+His+Asn+Gly+Orn+Tyr+Leu;0.738,268.104,1+His+3MeHis+Ala+Orn+Phe+BCAA;0.738,258.896,1+His+Asn+Ser+Asp+Cit+Phe;0.738,266.028,1+His+Asn+Ser+Thr+Orn+Met;0.738,266.147,1+His+Asn+Thr+Orn+Lys+Ile;0.738,266.746,1+His+Asn+Arg+Thr+Orn+Trp;0.737,268.902,1+His+Asn+3MeHis+Gln+Orn+Leu;0.737,265.802,1+His+Asn+Ser+Cit+Orn+Ile;0.737,266.861,1+His+Asn+Cit+Orn+Ile+Trp;0.737,267.686,1+His+Asn+Orn+Tyr+Met+Ile;0.737,267.353,1+His+Asn+Arg+Pro+Orn+Ile;0.737,267.220,1+His+Asn+Tau+Ser+Orn+Ile;0.737,266.513,1+His+Asn+Cit+Thr+Orn+Trp;0.737,268.050,1+His+Asn+Ala+Orn+Lys+Ile;0.737,262.757,1+His+Asn+Gly+Asp+Orn+Phe;0.737,266.993,1+His+Asn+Pro+Orn+Phe+BCAA;0.737,268.041,1+His+Asn+Ser+Ala+Orn+BCAA;0.737,268.052,1+His+Asn+Tau+Orn+Cys+Leu;0.737,268.128,1+His+Asn+3MeHis+Arg+Orn+Leu;0.737,267.397,1+His+Asn+Gln+Arg+Orn+Ile;0.737,267.269,1+His+Asn+Ser+Glu+Orn+Ile;0.737,261.664,1+His+Asn+Gly+Asp+Ile+Phe;0.737,267.932,1+His+Asn+Pro+Orn+Ile+Trp;0.737,266.115,1+His+Asn+Asp+Orn+Leu+BCAA;0.737,262.592,1+His+Asn+3MeHis+Gly+Asp+Thr;0.737,265.675,1+His+Asn+Asp+Glu+Pro+Orn;0.737,267.743,1+His+Asn+Pro+Orn+Tyr+Ile;0.737,268.595,1+His+Asn+3MeHis+Orn+Tyr+Leu;0.737,266.033,1+His+Asn+Ser+Thr+Pro+Orn;0.737,266.821,1+His+Asn+3MeHis+Arg+Thr+Orn;0.737,268.801,1+His+Asn+3MeHis+Orn+Leu+BCAA;0.737,268.134,1+His+Asn+Gln+Orn+Cys+BCAA;0.737,265.194,1+His+Asn+Asp+Thr+Val+Leu;0.737,267.279,1+His+Asn+Ser+Orn+Ile+Leu;0.737,266.915,1+His+Asn+Tau+Gly+Orn+Leu;0.737,266.949,1+His+Asn+3MeHis+Cit+Thr+Orn;0.737,268.108,1+His+Asn+3MeHis+Orn+Cys+BCAA;0.737,267.993,1+His+Asn+Orn+Met+Val+Leu;0.737,265.364,1+His+3MeHis+Asp+Orn+Leu+Phe;0.737,267.125,1+His+Asn+Gln+Arg+Gly+Orn;0.737,259.319,1+His+Asn+Ser+Asp+Cit+Thr;0.737,266.996,1+His+Asn+Ser+Orn+Lys+Ile;0.737,267.176,1+His+Asn+Gly+Orn+Lys+BCAA;0.737,267.909,1+His+Asn+Gln+Orn+Ile+Trp;0.737,267.611,1+His+Asn+Cit+Orn+Cys+BCAA;0.737,265.518,1+His+Asn+Arg+Cit+Val+Ile;0.737,267.335,1+His+Asn+3MeHis+Thr+Orn+Val;0.737,267.165,1+His+Asn+Gly+Glu+Orn+BCAA;0.737,266.909,1+His+Asn+Gly+Orn+Met+Leu;0.737,267.354,1+His+Asn+Thr+Orn+Tyr+Leu;0.737,266.957,1+His+Asn+Orn+Tyr+Phe+BCAA;0.737,267.090,1+His+Asn+Arg+Cit+Orn+Ile;0.737,262.255,1+His+Asn+Gly+Asp+Thr+Ile;0.737,267.361,1+His+Asn+3MeHis+Thr+Orn+Met;0.737,267.337,1+His+Asn+Ser+Orn+Cys+Val;0.737,267.889,1+His+Asn+Orn+Val+Leu+Trp;0.737,267.525,1+His+Asn+Gln+Gly+Orn+Tyr;0.737,268.986,1+His+Asn+3MeHis+Glu+Orn+Leu;0.737,266.463,1+His+Asn+Glu+Orn+Val+Ile;0.737,267.101,1+His+Asn+Ser+Gly+Orn+BCAA;0.737,269.010,1+His+Asn+Tau+3MeHis+Orn+Leu;0.737,268.361,1+His+Asn+Tau+Ala+Orn+Ile;0.737,266.905,1+His+Asn+3MeHis+Gly+Orn+Leu;0.737,268.003,1+His+Asn+3MeHis+Cit+Orn+Leu;0.737,267.937,1+His+Asn+Glu+Orn+Ile+Trp;0.737,267.421,1+His+Asn+Arg+Orn+Cys+BCAA;0.737,265.817,1+His+Asn+Arg+Met+Val+Ile;0.737,263.030,1+His+Asn+Tau+Asp+Val+Ile;0.737,267.393,1+His+Asn+Arg+Glu+Orn+Ile;0.737,268.156,1+His+Asn+Ser+Gln+Ala+Orn;0.737,267.345,1+His+Asn+3MeHis+Thr+Pro+Orn;0.737,267.851,1+His+Asn+Ser+Gln+Orn+BCAA;0.737,265.909,1+His+Asn+Ser+Arg+Orn+Leu;0.737,267.320,1+His+Asn+Tau+Gly+Orn+BCAA;0.737,266.601,1+His+Asn+Arg+Gly+Cys+Ile;0.737,263.119,1+His+Asn+Gly+Asp+Orn+Met;0.737,266.692,1+His+Asn+3MeHis+Orn+Val+Ile;0.737,268.015,1+His+Asn+Gly+Ala+Orn+Val;0.737,266.899,1+His+Asn+Gly+Pro+Orn+Leu;0.737,268.494,1+His+Asn+Pro+Orn+Met+Ile;0.737,266.098,1+His+Asn+Gly+Cit+Orn+BCAA;0.737,263.424,1+His+Asn+3MeHis+Gly+Asp+Orn;0.736,266.908,1+His+Asn+Orn+Tyr+Ile+BCAA;0.736,267.304,1+His+As

n+Gly+Orn+Met+BCAA;0.736,267.155,1+His+Asn+Gly+Orn+Trp+BCAA;0.736,267.315,1+His+Asn+3MeHis+Gly+Orn+BCAA;0.736,267.936,
 1+His+Asn+Orn+Met+Ile+Trp;0.736,263.483,1+His+Asn+Arg+Gly+Asp+Orn;0.736,266.205,1+His+Asn+Ser+Arg+Orn+BCAA;0.736,267.2
 5 39,1+His+Asn+3MeHis+Thr+Orn+Tyr;0.736,266.698,1+His+Asn+Pro+Orn+Val+Ile;0.736,267.205,1+His+Asn+Ser+Orn+Met+Ile;0.736,
 266.922,1+His+Asn+Ser+Orn+Ile+Trp;0.736,267.924,1+His+Asn+Ser+Glu+Orn+Leu;0.736,266.752,1+His+Asn+Cit+Orn+Ile+BCAA;0.7
 36,268.287,1+His+Asn+Ala+Orn+Ile+Leu;0.736,267.145,1+His+Asn+Gly+Orn+Tyr+BCAA;0.736,268.494,1+His+Asn+Glu+Pro+Orn+Ile;
 10 0.736,265.620,1+His+Asn+Gln+Gly+Orn+Phe;0.736,267.392,1+His+Asn+Orn+Tyr+Ile+Trp;0.736,267.591,1+His+Asn+Gln+Thr+Orn+Me
 t;0.736,267.619,1+His+Asn+Gln+Thr+Orn+Leu;0.736,267.326,1+His+Asn+Gly+Pro+Orn+BCAA;0.736,265.553,1+His+Asn+Arg+Gly+Ile
 15 +Phe;0.736,267.377,1+His+Asn+Tau+Arg+Orn+Ile;0.736,267.000,1+His+Asn+Glu+Orn+Phe+BCAA;0.736,267.646,1+His+Asn+Orn+Cys+
 Tyr+Leu;0.736,263.539,1+His+Asn+Gly+Asp+Orn+Trp;0.736,267.950,1+His+Asn+Tau+Ser+Gln+Orn;0.736,269.429,1+His+Asn+3MeHis
 +Ala+Orn+BCAA;0.736,267.214,1+His+Asn+Ser+Glu+Orn+Cys;0.736,264.184,1+His+Asn+Asp+Pro+Val+Ile;0.736,268.386,1+His+Asn+A
 20 la+Orn+Met+Ile;0.736,259.911,1+His+Asn+3MeHis+Ser+Asp+Cit;0.736,266.698,1+His+Asn+Orn+Met+Val+Ile;
 0.736,267.365,1+His+Asn+Gln+Thr+Orn+Val;0.736,266.714,1+His+Asn+Gly+Glu+Orn+Cys;
 0.736,267.405,1+His+Asn+Tau+3MeHis+Thr+Orn;0.736,268.360,1+His+Asn+Gln+Ala+Orn+Ile;0.736,266.735,1+His+Asn+Arg+Gly+Ile+BCAA;
 25 0.736,266.551,1+His+Asn+Arg+Gly+Orn+Cys;0.736,267.255,1+His+Asn+Arg+Orn+Ile+Leu;0.736,268.978,1+His+Gly+Ala+Orn+P
 he+BCAA;0.736,267.630,1+His+Asn+Gln+Thr+Pro+Orn;0.736,267.776,1+His+Asn+Orn+Cys+Lys+Leu;
 0.736,260.354,1+His+Asn+Ser+Asp+Glu+Thr;0.736,263.535,1+His+Asn+Gly+Asp+Orn+Lys;0.736,267.018,1+His+Asn+Orn+Lys+Phe+BCAA;0.736,267.414,1+His+Asn+Tau+
 30 Ser+Orn+Cys;0.736,268.197,1+His+Asn+3MeHis+Glu+Orn+Ile;0.736,267.239,1+His+Asn+Arg+Orn+Lys+Ile;0.736,267.076,1+His+Asn+Cit+Orn+Tyr+Ile;0.736,267.629,
 1+His+Asn+Gln+Thr+Orn+Tyr;0.736,267.769,1+His+Asn+Gln+Orn+Tyr+Ile;0.736,269.035,1+His+Asn+3MeHis+Orn+Met+Leu;0.736,267.411,1+His+Asn+Ser+Ala+Orn+C
 ys;0.736,267.775,1+His+Asn+Ser+Orn+Lys+Leu;0.736,268.969,1+His+Asn+Orn+Leu+Trp+BCAA;0.736,267.744,1+His+Asn+Tau+Orn+Ty
 35 r+Ile;0.736,267.083,1+His+Asn+3MeHis+Thr+Orn+Lys;0.736,267.371,1+His+Asn+Gln+Gly+Glu+Orn;0.736,267.843,1+His+Asn+3MeHis+Ser+Orn+Leu;0.736,267.198,1+His+Asn+Tau+Orn+Ile+BCAA;0.73
 6,265.841,1+His+Asn+Gln+Arg+Val+Ile;0.736,268.249,1+His+Asn+Glu+Orn+Cys+BCAA;0.736,266.440,1+His+Asn+Cit+Orn+Phe+BCAA;
 40 0.736,267.794,1+His+Asn+3MeHis+Orn+Lys+Ile;0.736,266.149,1+His+Asn+Ser+Cit+Orn+Cys;0.736,268.385,1+His+Asn+Glu+Ala+Orn+Ile;0.736,267.063,1+His+Asn+Ala+Orn+Phe+BCAA;0.736,267.682,
 1+His+Asn+Orn+Lys+Ile+Trp;0.736,265.691,1+His+Asn+Ser+Arg+Orn+Phe;0.736,265.657,1+His+Asn+Tau+Ser+Orn+Phe;0.736,268.299,1+His+Asn+Pro+Orn+Cys+BCAA;0.736,267.201,1+His+Asn+Orn+Ile+Trp+BCAA;0.736,268.345,1+His+Asn+Gln+Pro+Orn+Cys;0.736,268.504,1+His+Asn+Glu+Orn+Met+Ile;0.736,264.909,1+His+Asn+Ser+Orn+Cys+Phe;0.736,261.677,1+His+Asn+Ser+Asp+Thr+Trp;0.736,268.252,1+His+Asn+3MeHis+Pro+Orn+Ile;0.736,265.180,1+His+Asn+Tau+3MeHis+Asp+Orn;0.735,267.903,1+His+Asn+Ser+Orn+Met+Leu;0.735,267.710,1+His+Asn+Tau+Thr+Orn+Leu;0.735,269.183,1+His+Asn+Tau+Orn+Leu+BCAA;0.735,267.572,1+His+Asn+Thr+Orn+Met+Val;0.735,267.910,1+His+Asn+Orn+Ile+Leu+Trp;0.735,261.442,1+His+Asn+3MeHis+Ser+Asp+Thr;0.735,263.315,1+His+Asn+Arg+Gly+Asp+Cys;0.735,264.288,1+His+Asn+3MeHis+Asp+Orn+Cys;0.735,268.109,1+His+Asn+Tau+Gly+Orn+Val;0.735,267.738,1+His+Asn+Gln+Thr+Orn+BCAA;0.735,266.880,1+His+Asn+Tau+Orn+Phe+BCAA;0.735,268.261,1+Asn+3MeHis+Asp+Thr+Orn+Ile;0.735,268.771,1+His+Asn+3MeHis+Orn+Leu+Trp;0.735,267.261,1+His+Asn+Ser+Pro+Orn+Ile;0.735,269.286,1+His+Asn+3MeHis+Gln+Orn+BCAA;0.735,268.127,1+His+Asn+Tau+Ser+Orn+BCAA;0.735,268.925,1+His+Asn+Orn+Tyr+Leu+Trp;0.735,265.983,1+His+Asn+Asp+Cit+Orn+Leu;0.735,266.500,1+His+Asn+Orn+Lys+Val+Ile;0.735,267.528,1+His+Asn+Gln+Thr+Orn+Lys;0.735,269.037,1+His+Asn+3MeHis+Pro+Orn+Leu;0.735,265.519,1+His+Asn+Ser+Arg+Ile+Phe;0.735,267.672,1+His+Asn+

sn+Orn+Cys+Leu+Trp;0.735,266.785,1+His+Asn+Orn+Phe+Trp+BCA
A;0.735,263.519,1+His+Asn+Gly+Asp+Ala+Orn;0.735,262.576,1+H
is+Asn+Gly+Asp+Orn+Tyr;0.735,267.727,1+His+Asn+Gln+Glu+Thr+
Orn;0.735,268.438,1+His+Asn+Gln+Orn+Met+Ile;0.735,267.673,1
5 +His+Asn+Thr+Orn+Met+Leu;0.735,264.118,1+His+Asn+3MeHis+Asp
+Thr+Lys;0.735,267.026,1+His+Asn+Arg+Orn+Phe+BCAA;0.735,267.
549,1+His+Asn+Gln+Gly+Ala+Orn;0.735,268.458,1+His+Asn+Tau+P
ro+Orn+Ile;0.735,268.425,1+His+Asn+Gln+Pro+Orn+Ile;0.735,26
7.703,1+His+Asn+Thr+Pro+Orn+Leu;0.735,267.552,1+His+Asn+Arg
10 +Gly+Lys+Ile;0.735,268.256,1+His+Asn+3MeHis+Orn+Ile+Leu;0.735,267.009,1+His+Asn+Gln+Orn+Phe+BCAA;
0.735,262.779,1+His+Asn+Gly+Asp+Thr+Pro;0.735,267.889,1+His+Asn+Tau+Ser+Orn+Leu;0.735,267.681,
1+His+Asn+Ser+Orn+Leu+Trp;0.735,267.780,1+His
+Asn+Glu+Orn+Tyr+Ile;0.735,267.447,1+His+Asn+Gln+Cit+Thr+Or
n;0.735,269.165,1+His+Asn+Gln+Orn+Leu+BCAA;0.735,267.584,1+
15 His+Asn+Gln+Gly+Orn+Trp;0.735,267.505,1+His+Asn+Ser+Orn+Cys
+Met;0.735,268.081,1+His+Asn+Gln+Orn+Lys+Ile;0.735,267.740,
1+His+Asn+Tau+Gln+Thr+Orn;0.735,266.448,1+His+Asn+Ser+Pro+O
rn+Phe;0.735,268.018,1+His+Asn+Orn+Cys+Tyr+BCAA;0.735,265.7
50,1+His+Asn+3MeHis+Asp+Orn+Met;0.735,268.256,1+His+Asn+3Me
20 His+Orn+Met+Ile;0.735,266.426,1+His+Asn+Gln+Asp+Orn+Leu;0.7
35,267.572,1+His+Asn+3MeHis+Gln+Gly+Orn;0.735,261.433,1+His
+Asn+Ser+Asp+Val+Ile;0.735,269.090,1+His+Asn+Orn+Met+Leu+Tr
p;0.735,267.726,1+His+Asn+Thr+Ala+Orn+Leu;0.735,266.171,1+H
is+Asn+Gly+Orn+Tyr+Phe;0.735,268.441,1+His+Asn+Pro+Orn+Ile+
25 Leu;0.735,268.093,1+His+Asn+Tau+Orn+Lys+Ile;0.735,267.514,1
+His+Asn+Ser+Pro+Orn+Cys;0.735,267.422,1+His+Asn+Tau+Gly+Or
n+Cys;0.735,269.218,1+His+Asn+Ala+Orn+Leu+BCAA;0.735,264.57
1,1+His+Asn+Cit+Val+Phe+BCAA;0.735,264.986,1+His+Asn+Tau+As
p+Orn+Cys;0.735,262.431,1+His+Asn+Gly+Asp+Thr+Cys;0.735,268.
30 183,1+His+Asn+Ser+Glu+Orn+BCAA;0.735,268.180,1+His+Asn+Ser+
Orn+Met+BCAA;0.735,268.463,1+His+Asn+Tau+Orn+Met+Ile;0.735,
268.659,1+His+Asn+3MeHis+Arg+Orn+BCAA;0.735,268.127,1+His+A
sn+Cit+Orn+Leu+Trp;0.735,268.186,1+His+Asn+Ser+Gln+Pro+Orn;0.735,267.770,1+His+Asn+Orn+Tyr+Ile+Leu;
0.735,266.647,1+His+Asn+Thr+Orn+Cys+Lys;0.735,268.945,1+His+Asn+Gln+Arg+Orn+Le
35 u;0.735,269.220,1+His+Asn+Pro+Orn+Leu+BCAA;0.735,269.178,1+
His+Asn+Orn+Met+Leu+BCAA;0.735,268.326,1+His+Asn+Ala+Orn+Cy
s+BCAA;0.735,265.343,1+His+Asn+3MeHis+Asp+Pro+Orn;0.735,268.
464,1+His+Asn+Tau+Glu+Orn+Ile;0.735,267.734,1+His+Asn+Gln+T
hr+Ala+Orn;0.735,267.430,1+His+Asn+Gly+Ala+Orn+Cys;0.735,26
40 2.842,1+His+Asn+Gly+Asp+Thr+Ala;0.735,266.286,1+His+Asn+Asp
+Orn+Met+Leu;0.735,267.891,1+His+Asn+Ser+Pro+Orn+Leu;0.735,
269.407,1+His+Asn+Gln+Orn+Met+Leu;0.735,268.926,1+His+Asn+O
rn+Tyr+Leu+BCAA;0.735,268.440,1+His+Asn+Gln+Glu+Orn+Ile;0.7
35,268.599,1+His+Asn+Arg+Orn+Leu+BCAA;0.735,268.459,1+His+A
45 sn+Glu+Orn+Ile+Leu;0.735,263.358,1+Asn+Ser+Asp+Glu+Thr+Orn;
0.735,265.674,1+His+Asn+3MeHis+Arg+Asp+Ile;0.735,260.525,1+
His+Asn+Ser+Asp+Cit+Trp;0.735,266.515,1+His+Asn+Orn+Cys+Val
+Phe;0.734,267.584,1+His+Asn+Gln+Gly+Orn+Lys;0.734,267.265,
1+His+Asn+Gln+Gly+Orn+Met;0.734,267.841,1+His+Asn+Thr+Ala+P
ro+Orn;0.734,267.433,1+His+Asn+Ser+Orn+Tyr+BCAA;0.734,263.8
50 12,1+His+Asn+Arg+Gly+Asp+Leu;0.734,267.709,1+His+Asn+Glu+Th
r+Orn+Leu;0.734,265.353,1+His+Asn+3MeHis+Asp+Cit+Orn;0.734,
267.280,1+His+Asn+Arg+Thr+Orn+Leu;0.734,267.272,1+His+Asn+C
it+Orn+Lys+Ile;0.734,267.536,1+His+Gly+Asp+Orn+Leu+Phe;0.73
55 4,268.167,1+His+Asn+Ser+Gln+Orn+Val;0.734,267.303,1+His+Asn
+Gln+Orn+Ile+BCAA;0.734,267.824,1+His+Asn+Thr+Ala+Orn+Met;0.734,267.734,1+His+Asn+Thr+Ala+Orn+Val;
0.734,268.124,1+His+Asn+Gly+Pro+Orn+Val;0.734,267.448,1+His+Asn+Gln+Arg+Thr+Orn;
0.734,266.446,1+His+Asn+Asp+Pro+Orn+BCAA;0.734,267.011,1+Hi
s+Asp+Orn+Val+Phe+BCAA;0.734,268.200,1+His+Asn+Ser+Gln+Glu+
60 Orn;0.734,267.769,1+His+Asn+Thr+Pro+Orn+Met;0.734,268.884,1
+His+Asn+Arg+Pro+Orn+Leu;0.734,266.591,1+His+Asn+Gln+Gly+Ci
t+Orn;0.734,268.156,1+His+Asn+Glu+Orn+Lys+Ile;0.734,266.417,
1+His+Asn+Arg+Asp+Orn+Leu;0.734,268.159,1+His+Asn+3MeHis+Se
r+Gln+Orn;0.734,268.401,1+His+Asn+Tau+Gln+Orn+Ile;0.734,269.
65 399,1+His+Asn+3MeHis+Glu+Orn+BCAA;0.734,267.041,1+His+Asn+G
ly+Cit+Orn+Val;0.734,269.453,1+His+Asn+3MeHis+Orn+Met+BCAA;0.734,264.723,1+His+Asn+Asp+Lys+

Ile+BCAA; 0.734,267.828,1+His+Asn+Tau+Thr+Orn+Met;0.734,269.417,1+His+Asn+Tau+3MeHis+Orn+BCAA;0.734,269.067,1+His+Asn+Tau+Orn+Leu+Trp;0.734,266.86
 1,1+His+Asn+Ser+Orn+Ile+BCAA;0.734,267.509,1+His+Asn+3MeHis
 +Ser+Orn+Cys;0.734,269.443,1+His+Asn+3MeHis+Pro+Orn+BCAA;0.734,269.149,1+His+Asn+Ala+Orn+Leu+Trp;
 5 0.734,266.463,1+His+Asn+Gly+Cit+Orn+Cys;0.734,267.631,1+His+Asn+Cit+Ala+Orn+Ile;
 0.734,268.329,1+His+Asn+Orn+Cys+Met+BCAA;0.734,265.065,1+His+Asn+Ser+Cit+Orn+Phe;0.734,266.963,1+His+Tau+Orn+Val+Phe+BCAA;0.734,268.385,1+His+Gln+Gly+Orn+Leu+Phe;0.734,268.328,1+His+Asn+Tau+Orn+Cys+BCAA;0.734,268.664,1+His+Asn+Arg+Orn+Met+Leu;0.734,268.138,1+His+Asn+Pro+Orn+Lys+Ile;0.734,268.94
 10 0,1+His+Asn+Arg+Glu+Orn+Leu;0.734,268.440,1+His+Asn+Gly+Ala+Pro+Orn;0.734,268.696,1+His+Asn+3MeHis+Orn+Lys+Leu;0.734,267.574,1+His+Asn+Thr+Pro+Orn+Val;0.734,268.626,1+His+Asn+Cit+Pro+Orn+Leu;0.734,268.195,1+His+Asn+Cit+Orn+Cys+Val;0.734,268.087,1+His+Asn+3MeHis+Cit+Orn+Cys;0.734,269.012,1+His+Asn+Orn+Tyr+Met+Leu;0.734,267.828,1+His+Asn+Glu+Thr+Orn+Met;0.734,267.436,1+His+Asn+Gly+Pro+Orn+Cys;0.734,268.384,1+His+Asn+Tau+Orn+Ile+Leu;0.734,269.226,1+His+Asn+Glu+Orn+Leu+BCAA;0.734,268.144,1+His+Asn+Orn+Lys+Met+Ile;0.734,269.126,1+His+Asn+Orn+Lys+Leu+BCAA;0.734,266.149,1+His+Asn+Asp+Orn+Leu+Trp;0.734,262.967,1+His+Asn+Tau+Gly+Asp+Thr;0.734,269.123,1+His+Asn+Gln+Orn+Leu+Trp;0.734,267.715,1+His+Asn+Glu+Thr+Orn+Val;0.734,268.434,1+His+Asn+Tau+Gln+Orn+Cys;0.734,269.46
 20 9,1+His+Asn+Pro+Orn+Met+Leu;0.734,269.134,1+His+Asn+Pro+Orn+Leu+Trp;0.734,266.400,1+His+Asn+Ser+Ala+Orn+Phe;0.734,268.184,1+His+Asn+Ser+Gln+Orn+Met;0.734,267.333,1+His+Asn+Orn+Lys+Ile+BCAA;0.734,266.336,1+His+Asn+Ser+Cit+Orn+Leu;0.734,268.462,1+His+Asn+Orn+Met+Ile+Leu;0.734,266.475,1+His+Asn+Asp+Orn+Tyr+Leu;0.734,267.563,1+His+3MeHis+Gly+Orn+Leu+Phe;0.734,267.811,1+His+Asn+Thr+Ala+Orn+Tyr;0.734,268.368,1+His+Asn+Gln+Orn+Ile+Leu;0.734,265.865,1+His+Asn+3MeHis+Asp+Orn+Val;0.734,268.136,1+His+Asn+Orn+Lys+Ile+Leu;0.734,266.407,1+His+Asn+Asp+Pro+Orn+Met;0.734,265.559,1+His+Asn+Gly+Orn+Cys+Phe;0.734,266.820,1+His+Asn+Tau+Ser+Arg+Orn;0.734,267.401,1+His+Asn+Thr+Orn+Lys+Leu;0.734,267.688,1+His+Asn+Thr+Orn+Tyr+BCAA;0.734,267.910,1+His+Asn+Orn+Cys+Trp+BCAA;0.734,267.938,1+His+Asn+Gln+Cit+Orn+Cys;0.734,268.935,1+His+Asn+Tau+Arg+Orn+Leu;0.734,265.819,1+His+Asn+3MeHis+Asp+Glu+Orn;0.734,267.916,1+His+Asn+Cit+Pro+Orn+Cys;0.734,266.357,1+His+Asn+Asp+Orn+Lys+Leu;0.734,266.307,1+His+3MeHis+Orn+Cys+Leu+Phe;0.734,267.786,1+His+Asn+Ser+Gly+Orn+Val;0.734,269.201,1+His+Asn+Gln+Orn+Tyr+Leu;0.734,268.882,1+His+Asn+Arg+Orn+Tyr+Leu;0.734,266.864,1+His+Asn+Pro+Orn+Cys+Phe;0.734,267.707,1+His+Ser+Asp+Orn+Leu+Phe;0.734,268.180,1+His+Asn+Ser+Pro+Orn+BCAA;0.734,268.317,1+His+Asn+3MeHis+Gln+Orn+Cys;0.734,267.817,1+His+Asn+Thr+Orn+Met+BCAA;0.734,267.486,1+His+Asn+Ser+Orn+Cys+Lys;0.734,264.454,1+His+Asn+Tau+Asp+Val+BCAA;0.734,261.869,1+His+Asn+Gly+Asp+Cit+Ile;0.733,268.198,1+His+Asn+Ser+Gln+Orn+Lys;0.733,268.125,1+His+Asn+3MeHis+Ser+Orn+BCAA;0.733,261.567,1+His+Asn+Ser+Asp+Glu+Lys;0.733,268.328,1+His+Asn+Cit+Orn+Leu+BCAA;0.733,265.970,1+His+Asn+Asp+Cit+Pro+Orn;0.733,265.744,1+His+Asn+Asp+Pro+Orn+Phe;0.733,267.797,1+His+Ser+Asp+Ala+Orn+Phe;0.733,266.691,1+His+Asn+Ser+Cit+Orn+BCAA;0.733,267.458,1+His+Asn+Cit+Thr+Orn+Met;0.733,267.299,1+His+Asn+Cit+Thr+Orn+Leu;0.733,259.836,1+His+Asn+Ser+Asp+Glu+Cit;0.733,259.762,1+His+Asn+Ser+Gly+Asp+Cit;0.733,262.994,1+His+Asn+Gly+Asp+Thr+BCAA;0.733,266.587,1+His+Asn+Asp+Pro+Orn+Tyr;0.733,268.053,1+His+Asn+Gly+Orn+Met+Val;0.733,267.42
 55 7,1+His+Asn+Glu+Orn+Ile+BCAA;0.733,267.107,1+His+Asn+Ser+Gly+Orn+Cys;0.733,269.472,1+His+Asn+Gln+Glu+Orn+Leu;0.733,267.442,1+His+Asn+Arg+Gly+Orn+Val;0.733,267.664,1+His+Asn+Thr+Pro+Orn+Tyr;0.733,265.111,1+His+Asn+Asp+Orn+Cys+Tyr;0.733,267.469,1+His+3MeHis+Cit+Orn+Leu+Phe;0.733,267.984,1+His+Asn+3MeHis+Arg+Orn+Cys;0.733,269.176,1+His+Asn+Pro+Orn+Tyr+Leu;0.733,263.183,1+His+Asn+Gly+Asp+Ile+BCAA;0.733,267.383,1+His+Asn+Cit+Thr+Pro+Orn;0.733,268.939,1+His+Asn+Arg+Ala+Orn+Leu;0.733,266.290,1+His+Asn+Tau+Asp+Orn+Leu;0.733,264.826,1+His+Asn+Asp+Cit+Orn+Cys;0.733,268.044,1+His+Asn+Ser+Gln+Orn+Tyr;0.733,269.184,1+His+Asn+3MeHis+Orn+Trp+BCAA;0.733,267.534,1+His+Asn+Thr+Orn+Tyr+Met;0.733,269.177,1+His+Asn+3MeHis

s+Orn+Tyr+BCAA;0.733,267.902,1+His+Asn+Arg+Pro+Orn+Cys;0.73
 3,267.680,1+His+Asn+Thr+Orn+Tyr+Val;0.733,269.453,1+His+Asn
 +Tau+Orn+Met+Leu;0.733,269.446,1+His+Asn+Gln+Pro+Orn+Leu;0.
 733,268.564,1+His+Asn+3MeHis+Cit+Orn+BCAA;0.733,262.961,1+H
 5 is+Asn+Gly+Asp+Thr+Met;0.733,260.253,1+His+Asn+Ser+Gly+Asp+
 Thr;0.733,267.099,1+His+Asn+Ser+Arg+Pro+Orn;0.733,268.039,1
 +His+Asn+Arg+Gly+Val+Leu;0.733,267.517,1+His+Asn+Cit+Thr+Or
 n+Tyr;0.733,267.434,1+His+Asn+Cit+Thr+Orn+Val;0.733,269.270,
 1+His+Asn+Arg+Pro+Orn+BCAA;0.733,267.415,1+His+Asn+3MeHis+O
 10 rn+Val+Phe;0.733,268.523,1+His+Ser+Asp+Cit+Orn+Phe;0.733,26
 7.124,1+His+Gly+Orn+Cys+Leu+Phe;0.733,268.165,1+His+Asn+Ser
 +Gln+Orn+Trp;0.733,268.537,1+His+Asn+Ser+Ala+Orn+Val;0.733,
 267.523,1+His+Asn+Pro+Orn+Ile+BCAA;0.733,267.754,1+His+Asn+
 Gln+Arg+Gly+Ile;0.733,267.413,1+His+Asn+Arg+Thr+Pro+Orn;0.7
 15 33,268.914,1+His+Asn+Arg+Orn+Lys+Leu;0.733,267.623,1+His+As
 n+Cit+Pro+Orn+Ile;0.733,266.245,1+His+Asn+Asp+Ala+Orn+Leu;0.
 733,263.656,1+Asn+3MeHis+Ser+Asp+Thr+Phe;0.733,268.436,1+Hi
 s+Asn+Tau+Ser+Ala+Orn;0.733,267.923,1+His+Asn+Ser+Orn+Trp+B
 CAA; 0.733,267.853,
 1+His+Asn+Tau+Thr+Pro+Orn; 0.733,268.119,1
 20 +His+Asn+Gly+Orn+Lys+Val;0.733,267.702,1+His+Asn+Gln+Cit+Or
 n+Ile;0.733,264.615,1+His+Asn+Asp+Tyr+Val+Ile;0.733,266.992,
 1+His+Asn+Ser+Arg+Orn+Lys;0.733,267.585,1+His+Asn+Thr+Orn+L
 ys+Met;0.733,268.146,1+His+Asn+3MeHis+Gly+Orn+Val;0.733,268.
 130,1+His+Asn+Gly+Orn+Tyr+Val;0.733,267.853,1+His+Asn+Glu+T
 25 hr+Pro+Orn;0.733,269.200,1+His+Asn+Tau+Orn+Tyr+Leu;0.733,26
 8.710,1+His+Asn+3MeHis+Orn+Cys+Val;0.733,267.482,1+His+Asn+
 Gly+Orn+Cys+Met;0.733,267.844,1+His+Asn+Thr+Pro+Orn+BCAA;0.
 733,268.619,1+His+Asn+Arg+Orn+Leu+Trp;0.733,266.907,1+His+A
 sn+Ser+Arg+Orn+Val;0.733,267.811,1+His+Asn+Tau+Thr+Orn+Tyr; 0.733,267.275,
 30 1+His+Asn+Thr+Tyr+Val+BCAA; 0.733,269.451,1+Hi
 s+Asn+Tau+Gln+Orn+Leu;0.733,264.949,1+His+Asn+Asp+Glu+Orn+C
 ys;0.733,268.443,1+His+Orn+Tyr+Val+Phe+BCAA;0.733,267.706,1
 +His+Asn+Tau+Thr+Orn+Val;0.733,266.895,1+His+Asn+Ser+Arg+Gl
 y+Orn;0.733,267.621,1+His+Asn+Arg+Gly+Glu+Ile;0.733,267.687, 1+His+Asn+Thr+Orn+Lys +
 35 Tyr;0.733,267.337,1+His+Asn+Tau+Gly+Cit+Orn;0.733,267.378,1+His+Asn+Arg+Thr+Orn+Val;0.733,269.49
 4,1+His+Asn+Tau+Pro+Orn+Leu;0.733,269.513,1+His+Asn+Glu+Pro
 +Orn+Leu;0.733,269.517,1+His+Asn+Ala+Pro+Orn+Leu;0.733,268.
 076,1+His+Asn+Orn+Cys+Lys+BCAA;0.733,260.731,1+His+Asn+Ser+
 Asp+Cit+Val;0.733,267.984,1+His+Ser+Gln+Asp+Orn+Phe;0.733,2
 40 68.494,1+His+Asn+Tau+Ser+Orn+Val;0.733,267.944,1+His+Asn+Gl
 u+Thr+Ala+Orn;0.733,267.909,1+His+Asn+Glu+Thr+Orn+BCAA;0.73
 3,267.645,1+His+Asn+Tau+Cit+Orn+Ile;0.733,260.445,1+His+Asn
 +Ser+Asp+Cit+Pro;0.733,267.709,1+His+Asn+Glu+Cit+Orn+Ile;0.
 733,267.237,1+His+3MeHis+Pro+Orn+Leu+Phe;0.733,267.914,1+Hi
 45 s+Asn+Gly+Glu+Orn+Val;0.733,266.836,1+His+Asn+Ser+Gln+Cit+O
 rn;0.733,267.266,1+His+Asn+Ser+Orn+Cys+Tyr;0.733,269.203,1+
 His+Asn+Glu+Orn+Tyr+Leu;0.733,267.564,1+His+Asn+3MeHis+Orn+
 Ile+BCAA;0.733,267.596,1+His+Asn+Tau+Cit+Thr+Orn;0.733,268.
 727,1+His+Asn+Tau+Pro+Orn+Cys;0.733,264.282,1+His+Asn+Asp+V
 50 al+Leu+BCAA;0.733,264.282,1+His+Asn+Asp+Val+Ile+BCAA;0.733,
 264.282,1+His+Asn+Asp+Val+Ile+Leu;0.733,264.282,1+His+Asn+A
 sp+Ile+Leu+BCAA;
 0.733,267.812,1+His+Asn+Glu+Thr+Orn+Tyr; 0.733,269.741, 1+His+Asn+Gln+Pro+Orn+BCAA; 0.733,268.116,
 1+His+Asn+Tau+Cit+Orn+Cys;0.733,269.515,1+His+Asn+Tau+Ala+Orn+Leu;
 0.733,266.012,1+His+Asn+3MeHis+Asp+Orn+Trp;0.732,268.356,1+
 55 His+Asn+Tau+Ser+Orn+Trp;0.732,267.081,1+His+Asn+Ser+Arg+Glu
 +Orn;0.732,268.068,1+His+Asn+Ser+Orn+Lys+BCAA;0.732,267.644,
 1+His+Asn+Thr+Orn+Lys+Val;0.732,267.943,1+His+Asn+Tau+Glu+T
 hr+Orn;0.732,268.702,1+His+Asn+Tau+Cit+Orn+Leu;0.732,269.48
 1,1+His+Asn+Glu+Orn+Met+Leu;0.732,266.281,1+His+Asn+Tau+Asp
 60 +Pro+Orn;0.732,267.948,1+His+Asn+Thr+Lys+Ile+BCAA;0.732,264.
 483,1+His+Asn+Asp+Val+Ile+Trp;0.732,267.707,1+His+Asn+Cit+O
 rn+Ile+Leu;0.732,266.136,1+His+Asn+Ser+Gly+Orn+Phe;0.732,26
 6.545,1+His+Asn+Asp+Pro+Orn+Trp;0.732,262.962,1+His+Asn+Gly
 +Asp+Thr+Leu;0.732,265.153,1+His+Asn+Asp+Orn+Cys+Met;0.732,
 65 267.771,1+His+Asn+Tau+Thr+Orn+Lys;0.732,267.095,1+His+Asn+S
 er+Arg+Ala+Orn;0.732,266.880,1+His+Asn+Ser+Arg+Orn+Met;0.73

2,266.401, 1+His+Asn+Ser+Glu+Orn+Phe; 0.732,267.911, 1+His+Asn+Thr+Ala+Orn+BCAA; 0.732,267.665, 1+Asn+Asp+Thr+Orn+Val+Ile; 0.732,268.463, 1+His+Asn+Cit+Orn+Tyr+Leu; 0.732,267.724, 1+His+Asn+Cit+Orn+Met+Ile; 0.732,263.616, 1+His+Asn+3MeHis+Gly+Asp+C
5 it; 0.732,265.218, 1+His+Asn+Gln+Asp+Orn+Cys; 0.732,267.067, 1+His+3MeHis+Orn+Val+Leu+Phe; 0.732,268.111, 1+His+Asn+Thr+Val+Trp+BCAA; 0.732,266.463, 1+His+Asn+Ser+Arg+Cit+Orn; 0.732,269.483, 1+His+Asn+Gln+Ala+Orn+Leu; 0.732,267.869, 1+His+Asn+Arg+Gly+Pro+Orn; 0.732,267.601, 1+His+Asn+Glu+Cit+Thr+Orn; 0.732,269.140, 1+His+Asn+Glu+Orn+Leu+Trp; 0.732,267.392, 1+His+Asn+3Me
10 His+Gly+Orn+Cys; 0.732,268.683, 1+His+Asn+Cit+Orn+Met+Leu; 0.732,269.485, 1+His+Asn+Ala+Orn+Met+Leu; 0.732,269.607, 1+His+Asn+3MeHis+Gln+Pro+Orn; 0.732,267.943, 1+His+Asn+Tau+Thr+Ala+Orn; 0.732,267.428, 1+His+Asn+Ser+Orn+Cys+Trp; 0.732,269.513, 1+His+Asn+Tau+Glu+Orn+Leu; 0.732,267.717, 1+Asn+3MeHis+Thr+Orn+I
15 le+Phe; 0.732,267.472, 1+His+Asn+Tau+Arg+Ile+BCAA; 0.732,267.159, 1+His+Asn+Ser+Arg+Orn+Tyr; 0.732,267.647, 1+His+Asn+Thr+Pro+Orn+Lys; 0.732,267.864, 1+His+Asn+Arg+Gly+Orn+Tyr; 0.732,268.764, 1+His+Asn+Ala+Pro+Orn+Cys; 0.732,267.522, 1+His+Asn+Gly+Orn+Cys+Tyr; 0.732,266.207, 1+His+Tau+Ser+Asp+Orn+Phe; 0.732,268.535, 1+His+Asn+Tau+Ser+Pro+Orn; 0.732,266.683, 1+His+Asn+Ser+Gln+Arg+Orn; 0.732,268.645, 1+His+Asn+Ser+Ala+Pro+Orn; 0.732,268.157, 1+His+Asn+Arg+Gly+Ala+Ile; 0.732,267.610, 1+His+Asn+Cit+Thr+Ala+Orn; 0.732,269.054, 1+His+Asn+Orn+Lys+Leu+Trp; 0.732,267.944, 1+His+Asn+Arg+Orn+Cys+Met; 0.732,267.665, 1+His+Pro+Orn+Val+Phe+BCAA; 0.732,268.025, 1+His+Asn+Tau+Ser+Gly+Orn; 0.732,269.800, 1+His+Asn+3MeHis+Gln+Orn+Val; 0.732,268.304, 1+His+Asn+Tau+Gly+Orn+Met; 0.732,265.941, 1+His+Asn+3MeHis+Arg+Asp+Orn; 0.732,268.385, 1+His+Asn+Gln+Glu+Orn+Cys; 0.732,269.052, 1+His+Asn+Arg+Orn+Met+BCAA; 0.732,267.552, 1+His+Asn+Cit+Thr+Orn+BCAA; 0.732,261.831, 1+His+Asn+Ser+Asp+Thr+BCAA; 0.732,259.723, 1+His+Asn+Ser+Asp+Cit+Cys; 0.732,268.434, 1+His+Asn+Tau+Gly+Ala+Orn; 0.732,268.039, 1+His+Asn+Gly+Orn+Val+Trp; 0.732,268.773, 1+His+Asn+Pro+Orn+Cys+Met; 0.732,265.990, 1+His+Asn+3MeHis+Gln+Asp+Orn; 0.732,268.740, 1+His+Asn+Gln+Cit+Orn+Leu; 0.732,263.187, 1+His+Asn+Asp+Cys+Val+Ile; 0.732,268.796, 1+His+Gly+Orn+Leu+Phe+BCAA; 0.732,268.526, 1+His+Asn+Tau+3MeHis+Ser+Orn; 0.732,267.567, 1+His+Asn+Orn+Met+Ile+BCAA; 0.732,268.738, 1+His+Asn+Tau+3MeHis+Orn+Cys; 0.732,268.465, 1+His+Asn+Gln+Orn+Cys+Met; 0.732,269.859, 1+His+Asn+Ala+Pro+Orn+BCAA; 0.732,268.751, 1+His+Asn+Pro+Orn+Cys+Val; 0.732,269.364, 1+His+Asn+Pro+Orn+Lys+Leu; 0.732,264.891, 1+His+Asn+3MeHis+Asp+Lys+Ile; 0.732,267.917, 1+His+Asn+Arg+Gly+Ile+Trp; 0.732,267.841, 1+His+Asn+Glu+Cit+Orn+Cys; 0.732,268.387, 1+His+Gly+Orn+Val+Leu+Phe; 0.732,268.437, 1+His+Asn+Tau+Gly+Orn+Trp; 0.732,267.911, 1+His+Asn+Tau+Thr+Orn+BCAA; 0.732,269.302, 1+His+Asn+Orn+Lys+Met+Leu; 0.732,266.029, 1+His+Asn+Ser+Orn+Lys+Phe; 0.732,268.267, 1+His+Asn+Cit+Ala+Orn+Cys; 0.732,266.857, 1+His+3MeHis+Ser+Asp+Orn+P
45 he; 0.732,268.620, 1+His+Asn+3MeHis+Ser+Orn+Val; 0.732,266.970, 1+His+Asn+Tau+Ser+Cit+Orn; 0.732,267.849, 1+His+Asn+Tau+Arg+Gly+Orn; 0.732,267.581, 1+His+Asn+Tau+Arg+Thr+Orn; 0.732,269.493, 1+His+Asn+Gln+Orn+Trp+BCAA; 0.732,267.571, 1+His+Asn+Arg+Thr+Orn+Tyr; 0.732,266.506, 1+His+Asn+Ser+Orn+Phe+Trp; 0.732,267.348, 1+His+Asn+Gly+Cit+Pro+Orn; 0.732,267.516, 1+His+Asn+Gly+Orn+Cys+Lys; 0.732,266.423, 1+His+Asn+Tau+Gly+Orn+Phe; 0.732,269.536, 1+His+Asn+Glu+Ala+Orn+Leu; 0.732,268.337, 1+His+Asn+Pro+Orn+Tyr+Phe; 0.732,262.137, 1+His+Asn+Ser+Asp+Thr+Leu; 0.732,267.775, 1+His+Asn+Glu+Thr+Orn+Lys; 0.732,267.215, 1+His+Asn+Ser+Arg+Gly+Ile; 0.732,266.342, 1+His+Asn+Ser+Orn+Tyr+Phe; 0.732,262.852, 1+His+Asn+Gly+Asp+Cit+Pro; 0.732,269.362, 1+His+Asn+Tau+Orn+Lys+Leu; 0.732,264.509, 1+His+Asn+Asp+Glu+Val+Ile; 0.732,269.443, 1+His+Asn+Orn+Met+Trp+BCAA; 0.732,266.665, 1+His+Asn+Asp+Pro+Orn+Lys; 0.732,266.131, 1+His+Asn+Gly+Cit+Orn+Phe; 0.732,268.876, 1+His+Tau+Gly+Orn+Leu+Phe; 0.732,269.210, 1+His+Asn+3MeHis+Orn+Lys+BCAA; 0.732,267.154, 1+His+Asn+Ser+Arg+Orn+Trp; 0.732,268.512, 1+His+Asn+Arg+Cit+Orn+Leu; 0.732,269.095, 1+His+Asn+Orn+Lys+Tyr+Leu; 0.732,266.574, 1+His+Asn+Cit+Orn+Cys+Phe; 0.732,266.788, 1+His+3MeHis+Asp+Orn+Phe+BCAA; 0.732,

268.526, 1+His+Asn+Tau+Ser+Orn+Met; 0.732, 266.489, 1+His+Asn+Ser+Arg+Cys+Ile; 0.732, 268.515, 1+His+Asn+Tau+Gly+Orn+Lys; 0.732, 267.774, 1+His+Asn+Thr+Ala+Orn+Lys; 0.732, 267.915, 1+His+Asn+3MeHis+Ser+Arg+Ile; 0.732, 267.431, 1+His+Asn+Cit+Thr+Orn+Lys; 0.732, 269.843, 1+His+Asn+Ala+Orn+Met+BCAA; 0.732, 267.285, 1+His+Asn+Ser+Cit+Ala+Orn; 0.732, 269.791, 1+His+Asn+Pro+Orn+Met+BCAA; 0.732, 266.853, 1+His+Asn+Gly+Pro+Orn+Phe; 0.732, 268.755, 1+His+Asn+Glu+Cit+Orn+Leu; 0.732, 266.165, 1+His+Asn+Asp+Glu+Orn+Met; 0.732, 262.606, 1+His+Asn+Gly+Asp+Cit+Cys; 0.731, 268.512, 1+His+Asn+Tau+Gly+Orn+Tyr; 0.731, 267.784, 1+His+Asn+Gln+Thr+Val+Ile; 0.731, 267.672, 1+His+Asn+Thr+Orn+Lys+BCAA; 0.731, 267.220, 1+His+Asn+Ser+Cit+Orn+Tyr; 0.731, 268.509, 1+His+Asn+Gln+Ala+Orn+Cys; 0.731, 269.537, 1+His+Asn+Tau+3MeHis+Gln+Orn; 0.731, 265.712, 1+His+Asn+Asp+Orn+Met+Phe; 0.731, 266.676, 1+His+Asn+Gln+Asp+Pro+Orn; 0.731, 266.611, 1+His+Asn+Asp+Orn+Met+BCAA; 0.731, 265.755, 1+His+Asn+3MeHis+Asp+Orn+Tyr; 0.731, 266.629, 1+His+Asn+Arg+Asp+Pro+Orn; 0.731, 267.660, 1+His+Asn+Gly+Cit+Ala+Orn; 0.731, 260.775, 1+His+Asn+Ser+Asp+Cit+Ala; 0.731, 266.595, 1+His+Asn+Tau+Asp+Orn+BCAA; 0.731, 260.767, 1+His+Asn+Ser+Asp+Cit+Met; 0.731, 261.243, 1+His+Asn+Ser+Asp+Glu+Phe; 0.731, 268.670, 1+His+Asn+Gly+Ala+Orn+Tyr; 0.731, 267.136, 1+His+Asn+3MeHis+Ser+Arg+Orn; 0.731, 267.578, 1+His+Asn+Arg+Thr+Ala+Orn; 0.731, 269.712, 1+His+Asn+Gln+Orn+Met+BCAA; 0.731, 267.434, 1+His+Asn+Arg+Cit+Thr+Orn; 0.731, 267.523, 1+His+Asn+Arg+Thr+Orn+BCAA; 0.731, 269.202, 1+His+Asn+Ala+Orn+Tyr+Leu; 0.731, 266.199, 1+His+Asn+Ser+Orn+Met+Phe; 0.731, 268.755, 1+His+Asn+Cit+Ala+Orn+Leu; 0.731, 268.250, 1+His+Asn+Cit+Orn+Cys+Tyr; 0.731, 268.924, 1+His+Ser+Ala+Orn+Leu+Phe; 0.731, 266.828, 1+His+Asn+Arg+Asp+Orn+BCAA; 0.731, 269.502, 1+His+Asn+3MeHis+Arg+Orn+Val; 0.731, 268.365, 1+His+Asn+3MeHis+Glu+Orn+Cys; 0.731, 269.335, 1+His+Asn+Gln+Orn+Lys+Leu; 0.731, 268.568, 1+His+Asn+Glu+Pro+Orn+Cys; 0.731, 267.208, 1+His+Tau+3MeHis+Orn+Leu+Phe; 0.731, 266.837, 1+His+Asn+Glu+Orn+Cys+Phe; 0.731, 265.105, 1+His+Asn+Arg+Asp+Orn+Cys; 0.731, 268.713, 1+His+Asn+3MeHis+Pro+Orn+Cys; 0.731, 267.215, 1+His+Asn+Arg+Thr+Orn+Met; 0.731, 268.815, 1+His+Asn+Tau+Orn+Cys+Val; 0.731, 264.372, 1+His+Asn+Arg+Gly+Asp+Pro; 0.731, 264.126, 1+His+Asn+Arg+Gly+Asp+BCAA; 0.731, 265.964, 1+His+Asn+3MeHis+Asp+Orn+Lys; 0.731, 266.441, 1+His+Asn+Asp+Cit+Orn+BCAA; 0.731, 266.535, 1+His+Asn+Asp+Orn+Trp+BCAA; 0.731, 267.606, 1+His+Asp+Orn+Val+Leu+Phe; 0.731, 268.424, 1+His+Asn+Tau+Gly+Pro+Orn; 0.731, 268.508, 1+His+Asn+Gln+Orn+Cys+Val; 0.731, 269.848, 1+His+Asn+Glu+Orn+Met+BCAA; 0.731, 264.701, 1+His+Asn+Asp+Met+Val+Ile; 0.731, 263.382, 1+Asn+Ser+Arg+Asp+Glu+Thr; 0.731, 265.104, 1+His+Asn+Asp+Ile+Phe+BCAA; 0.731, 266.506, 1+Asn+Ser+Thr+Orn+Ile+Phe; 0.731, 268.624, 1+His+Asn+Ser+Orn+Lys+Val; 0.731, 266.566, 1+His+Asn+Arg+Asp+Val+Leu; 0.731, 268.103, 1+His+Asn+Arg+Gly+Ile+Leu; 0.731, 269.419, 1+His+Asn+Arg+Glu+Orn+BCAA; 0.731, 269.071, 1+His+Asn+Arg+Orn+Trp+BCAA; 0.731, 267.047, 1+His+Asn+Gly+Ala+Orn+Phe; 0.731, 266.040, 1+His+Asn+Tau+Asp+Glu+Orn; 0.731, 265.380, 1+His+Asn+Asp+Orn+Tyr+Phe; 0.731, 268.690, 1+His+Asn+3MeHis+Ser+Ala+Orn; 0.731, 269.036, 1+His+Asn+Tau+3MeHis+Cit+Orn; 0.731, 269.387, 1+His+Asn+Gln+Arg+Orn+BCAA; 0.731, 268.534, 1+His+Asn+Cit+Orn+Lys+Leu; 0.731, 266.814, 1+His+Asn+Orn+Cys+Met+Phe; 0.731, 262.771, 1+His+Asn+Gly+Asp+Thr+Tyr; 0.731, 267.887, 1+His+3MeHis+Glu+Orn+Leu+Phe; 0.731, 267.527, 1+His+3MeHis+Orn+Val+Phe+BCAA; 0.731, 266.887, 1+His+Asn+Ser+Gly+Cit+Orn; 0.731, 269.401, 1+His+Asn+Arg+Orn+Lys+BCAA; 0.731, 269.400, 1+His+Asn+Arg+Orn+Tyr+BCAA; 0.731, 268.210, 1+His+Asn+Cit+Orn+Cys+Met; 0.731, 268.301, 1+His+Asn+Tau+Ser+Orn+Tyr; 0.731, 268.620, 1+His+Asn+Ser+Glu+Orn+Val; 0.731, 268.707, 1+His+Asn+Ser+Ala+Orn+Lys; 0.731, 268.428, 1+His+Asn+Gly+Ala+Orn+Met; 0.731, 269.412, 1+His+Asn+Tau+Orn+Trp+BCAA; 0.731, 262.064, 1+His+Asn+Ser+Asp+Val+BCAA; 0.731, 264.800, 1+His+Asn+3MeHis+Asp+Val+BCAA; 0.731, 268.020, 1+His+Asn+Arg+Gly+Orn+Lys; 0.731, 267.520, 1+His+Asn+Arg+Thr+Orn+Lys; 0.731, 269.541, 1+His+Asn+Glu+Orn+Trp+BCAA; 0.731, 262.584, 1+His+Asn+3MeHis+Ser+Asp+Lys; 0.731, 268.652, 1+His+Asn+Ser+Pro+Orn+Val; 0.731, 269.414, 1+His+Asn+Arg+Ala+Orn+BCAA; 0.731, 269.378, 1+His+Asn+Glu+Orn+Lys+Leu; 0.731, 264.369, 1+His+Asn+Arg+Gly+Asp+Met

et;0.731,268.208,1+His+Asn+Cit+Orn+Cys+Lys;0.731,266.785,1+His+Asn+Asp+Orn+Lys+BCAA;0.731,265.232,1+His+Asn+Asp+Orn+Cy
s+Val;0.731,268.527,1+His+Asn+Tau+Ser+Orn+Lys;0.731,268.482,
1+His+Asn+Ser+Orn+Val+Trp;0.731,267.583,1+His+Asn+Arg+Glu+T
5 hr+Orn;0.731,268.477,1+His+Asn+Gly+Pro+Orn+Met;0.731,269.54
0,1+His+Asn+Ala+Orn+Trp+BCAA;0.731,267.275,1+His+Asn+Arg+Gl
u+Ile+BCAA;0.731,266.391,1+His+Asn+Tau+Asp+Orn+Met;0.731,26
6.618,1+His+Asn+Asp+Ala+Pro+Orn;0.731,266.846,1+His+Asn+Gln
+Asp+Orn+BCAA;0.731,265.116,1+His+Asn+Asp+Orn+Cys+Trp;0.731,
10 268.342,1+His+Ser+Asp+Glu+Orn+Phe;0.731,267.757,1+His+Asn+S
er+Arg+Val+Leu;0.731,267.895,1+His+Asn+Gln+Arg+Orn+Cys;0.73
1,269.872,1+His+Asn+Glu+Pro+Orn+BCAA;0.731,267.700,1+His+As
n+Ser+Arg+Lys+Ile;0.731,262.111,1+His+Asn+Ser+Asp+Ile+BCAA;
0.731,266.837,1+His+Asn+Cit+Val+Ile+Phe;0.731,263.460,1+His
15 +Asn+Tau+Gly+Asp+Cit;0.731,263.620,1+His+Asn+Gly+Asp+Cit+Ly s; 0.731,267.951,1+His+Asn+Cit+Orn+Cys +
Trp; 0.731,265.902,1+Asn+Gly+Thr+Orn+Ile+Phe;0.731,260.875,1+His+Asn+Ser+Asp+Cit+
BCAA;0.731,267.458,1+His+3MeHis+Orn+Leu+Phe+BCAA;0.731,269.
657,1+His+Asn+3MeHis+Gln+Orn+Met;0.731,264.933,1+His+Asn+As
p+Cit+Ile+BCAA;0.731,269.486,1+His+Asn+Pro+Orn+Trp+BCAA;0.7
20 31,267.137,1+His+Asn+Ser+Glu+Cit+Orn;0.731,268.355,1+His+As
n+Pro+Orn+Val+Phe;0.731,266.742,1+His+Asn+Orn+Cys+Tyr+Phe;0.
731,265.543,1+His+Asn+3MeHis+Asp+Cit+Thr;0.731,264.936,1+Hi
s+Asn+3MeHis+Asp+Orn+Phe;0.731,267.959,1+His+3MeHis+Orn+Tyr
+Leu+Phe;0.730,266.966,1+His+Asn+Thr+Tyr+Val+Ile;0.730,267.
25 788,1+His+Asn+Ser+Arg+Tyr+Ile;0.730,268.640,1+His+Asn+Gly+P
ro+Orn+Lys;0.730,267.685,1+His+Asn+Ser+Arg+Ile+Leu;0.730,26
7.801,1+His+Asn+Gln+Orn+Met+Phe;0.730,267.490,1+His+Asn+Gly
+Orn+Cys+Trp;0.730,265.159,1+His+Asn+Asp+Tyr+Val+BCAA;0.730,
269.388,1+His+Asn+Ala+Orn+Lys+Leu;0.730,261.598,1+His+Asn+S
er+Gly+Asp+Phe;0.730,263.384,1+His+Asn+Arg+Gly+Asp+Tyr;0.73
30 0,267.836,1+His+3MeHis+Ser+Orn+Leu+Phe;0.730,268.236,1+His+
Asn+3MeHis+Ser+Gly+Orn;0.730,268.097,1+His+Asn+Tau+Arg+Orn+
Cys;0.730,268.624,1+His+Asn+Cit+Orn+Trp+BCAA;0.730,267.220,
1+His+Asn+Ser+Cit+Orn+Val;0.730,266.291,1+Asn+Gly+Asp+Thr+V
35 al+Ile;0.730,267.892,1+His+Asn+Orn+Met+Val+Phe;0.730,266.62
1,1+His+Asn+Asp+Glu+Orn+Val;0.730,268.439,1+His+Asn+Tau+Ser
+Glu+Orn;0.730,268.492,1+His+Asn+Tau+3MeHis+Gly+Orn;0.730,2
67.970,1+His+Asn+Ser+Gly+Glu+Orn;0.730,268.248,1+His+Asn+Se
r+Orn+Tyr+Val;0.730,268.375,1+His+Asn+Gln+Orn+Cys+Trp;0.730,
40 267.377,1+His+Asn+3MeHis+Ser+Cit+Orn;0.730,269.366,1+His+As
n+Tau+Arg+Orn+BCAA;0.730,269.201,1+His+Asn+Gln+Cit+Orn+BCA
A;0.730,269.263,1+His+Asn+Arg+Pro+Orn+Met;0.730,266.354,1+H
is+Asn+Gly+Orn+Met+Phe;0.730,268.292,1+His+Asn+Orn+Tyr+Val+
Phe;0.730,269.270,1+His+Gly+Cit+Orn+Leu+Phe;0.730,268.681,1
45 +His+Asn+Ser+Ala+Orn+Met;0.730,269.772,1+His+Asn+Tau+Orn+Me
t+BCAA;0.730,268.205,1+His+Asn+3MeHis+Arg+Gly+Ile;0.730,267.
508,1+His+Asn+Arg+Gly+Orn+Met;0.730,260.797,1+His+Asn+Ser+A
sp+Cit+Tyr;0.730,262.822,1+His+Asn+Gly+Asp+Cit+Leu;0.730,26
4.744,1+His+Asn+Asp+Ala+Val+Ile;0.730,260.167,1+His+Asn+Tau
+Ser+Asp+Cit;0.730,267.871,1+His+Tau+Orn+Val+Leu+Phe;0.730,
50 264.985,1+His+Asn+Asp+Ala+Orn+Cys;0.730,268.135,1+His+Asn+S
er+Gly+Ala+Orn;0.730,268.652,1+His+Asn+Ser+Orn+Met+Val;0.73
0,268.597,1+His+Asn+3MeHis+Gly+Pro+Orn;0.730,268.216,1+His+
Asn+Ser+Arg+Ala+Ile;0.730,266.455,1+His+Asn+3MeHis+Ser+Orn+
55 Phe;0.730,268.216,1+His+Asn+Arg+Gly+Tyr+Ile;0.730,266.628,1
+His+Asn+Gly+Glu+Orn+Phe;0.730,269.410,1+His+Asn+Orn+Tyr+Tr
p+BCAA;0.730,267.848,1+Asn+Thr+Orn+Val+Ile+Phe;0.730,260.43
0,1+His+Asn+Ser+Asp+Cit+Ile;0.730,266.666,1+His+Asn+Asp+Pro
+Orn+Val;0.730,268.234,1+His+Asn+Ser+Gly+Orn+Met;0.730,268.
60 154,1+His+Asn+Gly+Glu+Orn+Met;0.730,268.446,1+His+Asn+Gln+O
rn+Cys+Lys;0.730,269.122,1+His+Asn+Cit+Orn+Met+BCAA;0.730,2
68.748,1+Asn+Asp+Thr+Orn+Ile+BCAA;0.730,264.187,1+Asn+Ser+A
sp+Thr+Orn+Ile;0.730,266.554,1+His+Asn+Asp+Glu+Cit+Orn;0.73
0,268.260,1+His+Asn+Ser+Gly+Pro+Orn;0.730,267.204,1+His+Asn
65 +Ser+Cit+Orn+Trp;0.730,268.068,1+His+Asn+Arg+Orn+Cys+Trp;0.
730,264.385,1+His+Asn+3MeHis+Asp+Val+Ile;0.730,264.743,1+Hi

s+Asn+Gln+Asp+Val+Ile;0.730,269.012,1+His+Asn+Cit+Pro+Orn+B
 CAA;0.730,268.044,1+His+Asn+Pro+Orn+Met+Phe;0.730,266.646,1
 +His+Asn+Arg+Ile+Phe+BCAA;0.730,260.846,1+His+Asn+Ser+Gln+A
 sp+Cit;0.730,266.662,1+His+Asn+Asp+Ala+Orn+BCAA;0.730,269.9
 5 91,1+His+Asn+3MeHis+Ala+Pro+Orn;0.730,269.770,1+His+Asn+Tau
 +Gln+Orn+BCAA;0.730,268.199,1+His+Asn+Tau+Arg+Gly+Ile;0.730,
 268.842,1+His+Asn+Tau+Ala+Orn+Cys;0.730,269.817,1+His+Asn+T
 au+Pro+Orn+BCAA;0.730,267.586,1+His+Asn+Arg+Ile+Trp+BCAA;0.730,268.858,1+His+Asn+Ala+Orn+Cys+Val;
 0.730,265.650,1+His+Asn+Asp+Pro+Ile+BCAA;0.730,266.949,1+His+Asn+Arg+Gly+Orn+Phe;
 10 0.730,265.204,1+His+Asn+Asp+Orn+Cys+Lys;0.730,265.739,1+Asn+Gly+Asp+Thr+Orn+Ile;0.730,268.677,1+His+Asn+Gly+Ala+Orn+
 Lys;0.730,269.848,1+His+Asn+Gln+Ala+Orn+BCAA;0.730,268.720,
 1+His+Asn+Pro+Orn+Cys+Tyr;0.730,267.088,1+Asn+Asp+Thr+Lys+V
 al+Ile;0.730,269.035,1+His+Asn+Arg+Cit+Orn+BCAA;0.730,265.2
 15 48,1+His+Asn+Asp+Val+Trp+BCAA;0.730,268.737,1+Asn+Asp+Thr+V
 al+Ile+Trp;0.730,265.087,1+His+Asn+Asp+Glu+Val+BCAA;0.730,2
 66.381,1+His+Asn+Arg+Gly+Thr+Ile;0.730,267.592,1+His+Asn+Ar
 g+Ala+Ile+BCAA;0.730,261.512,1+His+Asn+Ser+Asp+Ile+Phe;0.73
 0,263.774,1+His+Asn+Arg+Gly+Asp+Cit;0.730,264.074,1+Asn+3Me
 20 His+Ser+Asp+Thr+Orn;0.730,266.875,1+His+Asn+3MeHis+Orn+Cys+
 Phe;0.730,268.804,1+His+Asn+Tau+Orn+Cys+Met;0.730,268.641,1
 +His+Asn+Gly+Pro+Orn+Tyr;0.730,268.216,1+His+Asn+Cit+Lys+Va
 l+Ile;0.730,268.799,1+His+Asn+Tau+Orn+Cys+Tyr;0.730,267.885,
 1+His+Asn+Arg+Cit+Orn+Cys;0.730,267.655,1+His+Asn+Gly+Cit+O
 25 rn+Trp;0.730,264.032,1+His+Asn+Gly+Asp+Lys+Leu;0.730,267.02
 9,1+His+Asn+Asp+Thr+Val+Trp;0.730,268.592,1+His+Ala+Orn+Val
 +Leu+Phe;0.730,262.212,1+His+Asn+Ser+Asp+Thr+Tyr;0.730,268.
 277,1+His+Gln+Orn+Val+Phe+BCAA;0.730,269.623,1+His+Gly+Orn+
 lle+Leu+Phe;0.730,268.139,1+His+Asn+Arg+Orn+Cys+Tyr;0.730,2
 30 67.663,1+His+Asn+Arg+Gly+Glu+Orn;0.730,265.023,1+His+Asn+Ta
 u+Asp+Ile+BCAA;0.730,260.854,1+His+Asn+Ser+Asp+Cit+Leu;0.73
 0,267.436,1+His+3MeHis+Gln+Orn+Leu+Phe;0.730,268.642,1+His+
 Asn+Ser+Glu+Ala+Orn;0.730,269.123,1+His+Asn+3MeHis+Gln+Cit+
 Orn;0.730,269.179,1+His+Asn+3MeHis+Arg+Orn+Met;0.730,269.84
 35 5,1+His+Asn+Gln+Glu+Orn+BCAA;0.730,268.838,1+His+Asn+Orn+Cy
 s+Met+Val;0.730,269.307,1+His+Asn+3MeHis+Cit+Orn+Val;0.730,
 269.475,1+His+Gly+Orn+Tyr+Leu+Phe;0.730,268.917,1+His+Asn+T
 hr+Ile+Trp+BCAA;0.730,268.788,1+His+Asn+3MeHis+Ser+Pro+Orn;0.730,266.467,1+His+Asn+Ser+Arg+Thr+Phe;
 0.730,270.110,1+His+Asn+3MeHis+Ala+Orn+Val;0.730,268.240,1+His+Asn+Gly+Glu+Pro
 40 +Orn;0.730,268.673,1+His+Asn+Gly+Ala+Orn+Trp;0.730,267.736,
 1+His+Asn+Gly+Cit+Orn+Lys;0.730,269.946,1+His+Asn+Glu+Ala+O
 rn+BCAA;0.730,269.478,1+His+Asn+Orn+Lys+Trp+BCAA;0.730,267.
 500,1+His+Asn+Arg+Gly+Cit+Orn;0.730,268.772,1+His+Asn+Orn+C
 ys+Tyr+Val;0.730,268.594,1+His+Asn+Tau+Glu+Orn+Cys;0.730,26
 45 8.884,1+His+Ser+Ala+Orn+Ile+Phe;0.730,266.281,1+His+Asn+Asp
 +Glu+Orn+Tyr;0.730,267.937,1+His+Gly+Pro+Orn+Leu+Phe;0.729,
 268.790,1+His+Asn+Ser+Pro+Orn+Lys;0.729,269.799,1+His+Asn+G
 ln+Pro+Orn+Met;0.729,268.496,1+His+Asn+Gln+Orn+Cys+Tyr;0.72
 9,269.641,1+His+Asn+Pro+Orn+Tyr+BCAA;0.729,269.707,1+His+As
 50 n+Orn+Lys+Met+BCAA;0.729,269.545,1+His+Asn+Gln+Arg+Pro+Orn;
 0.729,269.142,1+His+Asn+Tau+Cit+Orn+BCAA;0.729,268.113,1+Hi
 s+Asn+Gln+Orn+Tyr+Phe;0.729,266.690,1+His+3MeHis+Asp+Orn+Il
 e+Phe;0.729,268.735,1+His+Gly+Orn+Val+Phe+BCAA;0.729,268.71
 1,1+His+Asn+Ser+Pro+Orn+Trp;0.729,268.275,1+His+Asn+Gly+Glu
 55 +Ala+Orn;0.729,269.815,1+His+Asn+Tau+Gln+Pro+Orn;0.729,267.
 598,1+His+Asn+Arg+Pro+Ile+BCAA;0.729,267.109,1+His+Asn+Gly+
 Orn+Phe+Trp;0.729,266.596,1+His+Asn+Gln+Orn+Cys+Phe;0.729,2
 68.624,1+His+Asn+Ser+Ala+Orn+Trp;0.729,267.265,1+His+Asn+Se
 r+Cit+Pro+Orn;0.729,268.179,1+His+Asn+Arg+Orn+Cys+Lys;0.729,266.900,1+His+Asn+Gly+Glu+Cit+Orn;
 0.729,270.355,1+His+Gly+Ala+Orn+Val+Phe;0.729,268.619,1+His+Asn+Gly+Pro+Orn+Trp;0.72
 60 9,269.885,1+His+Asn+Tau+Ala+Orn+BCAA;0.729,269.698,1+His+As
 n+Tau+Orn+Tyr+BCAA;0.729,269.342,1+His+Asn+3MeHis+Arg+Pro+O
 rn;0.729,263.254,1+Asn+3MeHis+Ser+Arg+Asp+Thr;0.729,261.850,
 1+His+Asn+3MeHis+Ser+Asp+Phe;0.729,267.865,1+His+3MeHis+Arg
 65 +Orn+Leu+Phe;0.729,267.869,1+His+3MeHis+Orn+Lys+Leu+Phe;0.7
 29,267.632,1+His+Asn+Ser+Arg+Thr+Trp;0.729,267.242,1+His+As

n+Arg+Thr+Val+Leu;0.729,268.059,1+His+Asn+Tau+Gly+Glu+Orn;0.729,268.172,1+His+Asn+Arg+Ala+Orn+Cys;
 0.729,266.801,1+His+Asn+Arg+Asp+Orn+Met;0.729,271.755,1+His+Arg+Gly+Ala+Orn+Cys;
 0.729,266.851,1+His+Asn+Asp+Orn+Tyr+BCAA;0.729,268.791,1+His+Asn+Tau+Orn+Cys+Lys;0.729,267.397,1+His+Asn+Ser+Cit+Orn+L
 5 ys;0.729,268.089,1+His+Asn+Arg+Gly+Ala+Orn;0.729,269.744,1+His+Asn+Arg+Pro+Orn+Val;0.729,263.668,1+Asn+Ser+Arg+Asp+Thr
 +Ile;0.729,265.961,1+His+Asn+3MeHis+Asp+Ala+Orn;0.729,266.016,1+His+Asn+3MeHis+Asp+Thr+Val;0.729,265.897,1+His+Ser+Asp
 +Orn+Cys+Phe;0.729,268.811,1+His+Ser+Asp+Orn+Val+Phe;0.729,268.780,1+His+Asn+Ser+Pro+Orn+Met;0.729,269.992,1+His+Asn+3
 10 MeHis+Pro+Orn+Val;0.729,268.152,1+His+Asn+Ser+Gln+Arg+Ile;0.729,267.709,1+His+Asn+Gly+Cit+Orn+Tyr;0.729,268.117,1+His+Asn+Gly+Cit+Lys+Ile;0.729,266.604,1+His+Asn+Cit+Thr+Val+Ile;0.729,269.737,1+His+Asn+Tau+Gln+Orn+Met;
 0.729,269.746,1+His+Asn+Gln+Orn+Lys+BCAA;0.729,269.695,1+His+Asn+Gln+Orn+Tyr+B
 15 CAA;0.729,267.626,1+His+Asn+Arg+Lys+Ile+BCAA;0.729,265.180,1+His+Asn+Asp+Ala+Val+BCAA;0.729,268.102,1+His+Asn+Arg+Orn+
 Cys+Val;0.729,266.500,1+His+Asn+Asp+Cit+Orn+Met;0.729,269.100,1+His+Asn+Cit+Orn+Lys+BCAA;0.729,268.112,1+His+Asn+Orn+L
 ys+Met+Phe;0.729,266.992,1+His+Asn+Orn+Cys+Lys+Phe;0.729,268.149,1+His+Pro+Orn+Val+Leu+Phe;0.729,268.542,1+His+Asn+Ser
 20 +Ala+Orn+Tyr;0.729,269.833,1+His+Asn+Tau+3MeHis+Pro+Orn;0.729,269.884,1+His+Asn+Tau+Glu+Orn+BCAA;0.729,268.660,1+His+Asn+Glu+Orn+Cys+Val;0.729,262.336,1+His+Asn+Ser+Asp+Lys+Phe;0.729,269.635,
 1+His+Gly+Glu+Orn+Leu+Phe;0.729,268.794,1+His+Asn+3MeHis+Ser+Orn+Met;0.729,269.858,1+His+Asn+Gln+Pro+Orn
 25 +Trp;0.729,268.587,1+His+Asn+Tau+Orn+Cys+Trp;0.729,268.319,1+His+Asn+Gly+Glu+Orn+Lys;0.729,268.591,1+His+Asn+Orn+Cys+V
 al+Trp;0.729,269.501,1+His+Asn+Orn+Tyr+Met+BCAA;0.729,269.809,1+His+Asn+Tau+3MeHis+Orn+Met;0.729,268.200,1+His+Asn+Arg
 30 +Gly+Pro+Ile;0.729,269.090,1+His+Asn+Cit+Orn+Tyr+BCAA;0.729,268.086,1+His+Asn+Orn+Tyr+Met+Phe;0.729,263.767,1+Asn+Ser+Asp+Thr+Orn+Phe;0.729,267.116,1+His+Asn+3MeHis+Gly+Orn+Phe;0.729,262.243,1+His+Asn+Ser+Asp+Lys+Ile;0.729,266.753,1+His+Asn+Tau+Orn+Cys+Phe;0.729,268.329,1+His+Arg+Orn+Val+Phe+BCAA;0.729,270.003,1+His+Asn+Gln+Glu+Pro+Orn;0.729,268.768,1+His+Asn+Gly+Orn+Lys+Tyr;0.729,267.582,1+Asn+Arg+Asp+Thr+Val+Ile;0.729,269.501,1+His+Asn+Lys+Tyr+Val+BCAA;0.729,267.388,1+His+Asn+Ser+Cit+Orn+Met;0.729,269.253,1+His+Asn+Cit+Ala+Orn+BCAA;0.729,269.201,1+His+Asn+Arg+Cit+Pro+Orn;0.729,264.247,1+His+Asn+Asp+Orn+Cys+Phe;0.729,267.186,1+Asn+Asp+Thr+Val+Ile+Phe;0.729,266.443,1+His+Asn+Cit+Thr+Val+BCAA;0.729,268.732,1+His+Asn+Pro+Orn+Cys+Lys;0.729,269.760,1+His+Asn+Pro+Orn+Lys+BCAA;0.729,269.935,1+His+Asn+Tau+3MeHis+Orn+Val;0.729,269.238,1+His+Asn+Glu+Cit+Orn+BCAA;0.729,266.311,1+His+Asn+Tau+Asp+Cit+Orn;0.729,268.855,1+His+Cit+Orn+Val+Leu+Phe;0.729,268.488,1+His+Asn+3MeHis+Gly+Orn+Met;0.729,268.299,1+His+Asn+Ser+Gly+Orn+Lys;0.729,268.556,1+His+Asn+Gly+Orn+Tyr+Met;0.729,268.252,1+His+Asn+Tau+Ser+Arg+Ile;0.729,269.259,1+His+Asn+Tau+Arg+Orn+Met;0.729,267.787,1+His+Asn+Ser+Arg+Ile+Trp;0.729,264.613,1+Asn+Ser+Asp+Thr+Val+Ile;0.729,269.369,1+His+Asn+3MeHis+Gln+Arg+Orn;0.729,267.727,1+His+Asn+3MeHis+Gly+Cit+Orn;0.729,268.252,1+His+Asn+Ser+Arg+Pro+Ile;0.729,265.173,1+His+Asn+Asp+Pro+Val+BCAA;0.729,268.656,1+His+Asn+Glu+Orn+Cys+Met;0.729,264.795,1+His+Asn+Tau+Arg+Gly+Asp;0.729,268.247,1+His+Asn+Gln+Pro+Orn+Phe;0.729,269.717,1+His+Asn+3MeHis+Gln+Glu+Orn;0.729,268.218,1+His+Asn+Ser+Arg+Met+Ile;0.729,265.321,1+His+Asn+Asp+Met+Val+BCAA;0.729,264.24,1+Asn+Ser+Asp+Glu+Thr+Phe;0.729,268.494,1+His+Ser+Arg+Asp+Orn+Phe;0.729,269.961,1+His+Asn+3MeHis+Glu+Orn+Val;0.729,270.015,1+His+Asn+3MeHis+Orn+Met+Val;0.729,268.565,1+His+Asn+Gly+Orn+Lys+Met;0.729,270.101,1+His+Asn+Ala+Pro+Orn+Met;0.729,263.328,1+His+Asn+Ser+Asp+Pro+Lys;0.729,269.329,1+His+Asn+Gln+Arg+Orn+Met;0.729,267.462,1+His+Asn+Gly+Cit+Orn+Met;0.729,268.772,1+His+Asn+Orn+Cys+Lys+Val;0.729,266.214,1+His+Asn+3MeHis+Asp+Cit+Ile;0.729,266.502,1+His+Asn+Tau+Asp+Orn+Trp;0.729,263.962,1+Asn+3MeHis+Ser+Asp+Thr+Lys;0.728,268.749,1+His+Asn+Gly+Orn+Lys+Trp;0.728,265.478,1+His+Asn+3MeHis

+Arg+Asp+Thr;0.728,268.670,1+His+Asn+3MeHis+Gly+Ala+Orn;0.7
 28,270.001,1+His+Asn+Gln+Ala+Pro+Orn;0.728,267.298,1+His+As
 n+Cit+Lys+Val+BCAA;0.728,269.730,1+His+Asn+Arg+Glu+Pro+Orn; 0.728,268.325, 1+His + Ser+Asp+Orn+Ile +
 Phe; 0.728,268.793, 1+His +Asn+Ser+Orn+Lys+Met;0.728,268.823,1+His+Asn+3MeHis+Orn+Cys
 5 +Met;0.728,264.355,1+His+Asn+Gly+Asp+Ile+Leu;0.728,267.798,
 1+His+Asn+3MeHis+Cit+Orn+Phe;0.728,268.615,1+His+Gly+Asp+Or
 n+Ile+Phe;0.728,268.926,1+His+Ser+Orn+Val+Leu+Phe;0.728,269.
 549,1+His+Gly+Orn+Lys+Leu+Phe;0.728,269.619,1+His+Ser+Gly+O
 rn+Leu+Phe;0.728,268.734,1+His+Asn+Ser+Orn+Lys+Trp;0.728,26
 10 8.746,1+His+Asn+Gly+Orn+Tyr+Trp;0.728,268.722,1+His+Asn+3Me His+Gly+Orn+Tyr; 0.728,268.506,
 1+His+Asn+Ser+Glu+Orn+Tyr; 0.728,268.322,1+His+Asn+Gly+Glu+Orn+Tyr;0.728,269.019,1+His+As
 n+3MeHis+Cit+Pro+Orn;0.728,269.115,1+Asn+Thr+Orn+Ile+Phe+BC
 AA;0.728,267.834,1+His+Asn+Cit+Pro+Orn+Phe;0.728,268.670,1+
 His+Asn+3MeHis+Ser+Glu+Orn;0.728,269.859,1+His+Asn+3MeHis+G
 15 ln+Ala+Orn;0.728,268.260,1+His+Asn+Ser+Gly+Orn+Tyr;0.728,26
 8.424,1+His+Asn+Thr+Met+Val+Ile;0.728,269.957,1+His+Asn+3Me
 His+Pro+Orn+Met;0.728,269.560,1+His+Asn+Tau+Arg+Pro+Orn;0.7
 28,264.645,1+His+Asn+Gln+Arg+Gly+Asp;0.728,269.744,1+His+As
 n+Glu+Orn+Tyr+BCAA;0.728,266.647,1+His+Asn+Tau+Asp+Orn+Tyr;
 20 0.728,268.398,1+His+Ser+Asp+Pro+Orn+Phe;0.728,268.061,1+His
 +Asn+Ser+Gln+Arg+Thr;0.728,269.778,1+His+Asn+Tau+Orn+Lys+BC
 AA;0.728,268.838,1+His+Asn+3MeHis+Ala+Orn+Cys;0.728,267.845,
 1+His+Asn+3MeHis+Arg+Ile+BCAA;0.728,267.899,1+His+Asn+Arg+G
 lu+Orn+Cys;0.728,269.747,1+His+Asn+Arg+Ala+Pro+Orn;0.728,26
 25 9.736,1+His+Asn+Arg+Pro+Orn+Tyr;0.728,266.899,1+His+Asn+Asp
 +Orn+Tyr+Met;0.728,265.630,1+His+Asn+Tau+Asp+Orn+Phe;0.728,
 266.617,1+His+Asn+Gly+Orn+Lys+Phe;0.728,269.731,1+His+Ser+A
 la+Orn+Phe+BCAA;0.728,267.678,1+His+Tau+Gly+Asp+Orn+Phe;0.7
 28,269.604,1+His+Gly+Thr+Orn+Leu+Phe;0.728,268.883,1+His+Se
 30 r+Asp+Orn+Tyr+Phe;0.728,268.710,1+His+Asn+Ser+Orn+Met+Trp;0.
 728,268.708,1+His+Asn+Ser+Glu+Pro+Orn;0.728,269.350,1+His+A
 sn+Tau+3MeHis+Arg+Orn;0.728,268.327,1+His+Asn+3MeHis+Gly+Gl
 u+Orn;0.728,267.568,1+His+Asn+Ser+Arg+Leu+Phe;0.728,266.205,
 1+His+Asn+Asp+Cit+Orn+Phe;0.728,269.661,1+His+Asn+Orn+Lys+T
 35 yr+BCAA;0.728,266.886,1+Asn+Gly+Asp+Thr+Ile+BCAA;0.728,268. 633,1+Asn+Asp+Thr+Orn+Ile + Phe;
 0.728,268.186, 1+His+Asn+Ser+A rg+Glu+Ile;0.728,269.842,1+His+Asn+Glu+Orn+Lys+BCAA;0.728,2
 67.511,1+His+Asn+Tau+Orn+Met+Phe;0.728,264.383,1+His+Asn+As
 p+Cys+Val+BCAA;0.728,270.002,1+His+Asn+Gln+Pro+Orn+Val;0.72
 8,268.314,1+His+Asn+Gly+Glu+Orn+Trp;0.728,270.269,1+His+Asn
 40 +Glu+Pro+Orn+Val;0.728,273.086,1+His+3MeHis+Ala+Orn+Tyr+Le
 u;0.728,268.462,1+His+Asn+Orn+Lys+Val+Phe;0.728,268.827,1+H
 is+Orn+Ile+Leu+Phe+BCAA;0.728,268.827,1+His+Orn+Val+Leu+Phe
 +BCAA;0.728,268.827,1+His+Orn+Val+Ile+Phe+BCAA;0.728,268.82
 7,1+His+Orn+Val+Ile+Leu+Phe;0.728,268.705,1+His+Ser+Gly+Asp
 45 +Orn+Phe;0.728,269.736,1+His+Asn+Tau+Gln+Orn+Trp;0.728,268.
 523,1+His+Asn+Ser+Orn+Tyr+Met;0.728,269.278,1+His+Asn+3MeHi
 s+Cit+Orn+Met;0.728,262.389,1+His+Asn+Ser+Asp+Thr+Met;0.728,
 265.365,1+His+Asn+Gln+Asp+Val+BCAA;0.728,266.783,1+His+Asn+
 Asp+Orn+Met+Trp;0.728,267.671,1+His+Asn+Cit+Orn+Met+Phe;0.7
 50 28,268.921,1+His+Asn+3MeHis+Glu+Cit+Orn;0.728,262.664,1+His
 +Asn+Ser+Asp+Pro+Phe;0.728,269.842,1+His+3MeHis+Ala+Orn+Val
 +Phe;0.728,270.104,1+His+3MeHis+Thr+Ala+Orn+Phe;0.728,269.5
 56,1+His+Gly+Orn+Met+Leu+Phe;0.728,269.956,1+His+Asn+Tau+3M
 eHis+Ala+Orn;0.728,268.616,1+His+Asn+Ser+Orn+Lys+Tyr;0.728,
 55 268.616,1+His+Asn+Pro+Orn+Cys+Trp;0.728,269.519,1+His+Asn+A
 rg+Orn+Met+Val;0.728,269.743,1+His+Asn+Ala+Orn+Tyr+BCAA;0.728,267.840, 1+His+Asn+Tau+Orn+Tyr+Phe;
 0.728,268.272,1+His+As n+Glu+Orn+Met+Phe;0.728,266.752,1+His+Asn+Asp+Cit+Orn+Trp;0.
 728,268.735,1+His+Asn+3MeHis+Ser+Orn+Trp;0.728,268.621,1+Hi
 60 s+Asn+3MeHis+Ser+Orn+Tyr;0.728,268.278,1+His+Asn+Ser+Gly+Or
 n+Trp;0.728,264.198,1+His+Asn+Gly+Asp+Glu+Ile;0.728,269.113,
 1+His+Asn+Lys+Val+Ile+Phe;0.728,269.692,1+His+Asn+3MeHis+Ar
 g+Orn+Lys;0.728,269.844,1+His+Asn+Ala+Orn+Lys+BCAA;0.728,26
 4.714,1+His+Asn+3MeHis+Arg+Gly+Asp;0.728,266.747,1+His+Asn+
 Arg+Asp+Glu+Orn;0.728,266.951,1+His+Asn+Asp+Orn+Tyr+Trp;0.7
 65 28,268.580,1+His+Asn+Ser+Pro+Orn+Tyr;0.728,270.064,1+His+As
 n+3MeHis+Orn+Tyr+Val;0.728,269.978,1+His+Asn+Gln+Pro+Orn+Ty r; 0.728,268.536, 1+His+Asn+Gly+Orn+Met +

Trp; 0.728,268.127,1+His+Asn+Arg+Gly+Orn+Trp;0.728,266.440,1+His+Asn+Asp+Orn+Lys+Phe;0.728,269.741,1+His+Asn+Arg+Pro+Orn+Lys;0.728,268.578,1+His+Asn+Glu+Orn+Tyr+Phe;0.728,267.137,1+His+Asn+Ala+Orn+Cys+Phe;0.728,267.106,1+His+Asn+Orn+Cys+Phe+Trp;0.728,270.052,1+His+Asn+3MeHis+Pro+Orn+Lys;0.728,269.980,1+His+Asn+Gln+Pro+Orn+Lys;0.728,267.149,1+His+Asn+Arg+Gly+Cit+Ile;0.728,268.125,1+His+Asn+3MeHis+Arg+Gly+Orn;0.728,266.922,1+His+Asn+Asp+Orn+Lys+Met;0.728,265.594,1+His+Asn+3MeHis+Asp+Ile+Phe;0.728,266.388,1+His+Asn+Asp+Orn+Val+Phe;0.728,266.798,1+His+Asn+Tau+Arg+Asp+Orn;0.728,267.172,1+His+Orn+Cys+Val+Leu+Phe; 0.728,268.991,1+His+Gly+Asp+Ala+Orn+Phe; 0.728,269.879, 1+His+Asn+3MeHis+Glu+Pro+Orn;0.728,269.917,1+His+Asn+3MeHis+Glu+Orn+Met;0.728,270.131,1+His+Asn+Pro+Orn+Met+Val;0.728,269.465,1+His+Asn+3MeHis+Cit+Orn+Lys;0.728,266.731,1+His+Asn+Gln+Asp+Glu+Orn+Ile+Phe;0.727,264.493,1+His+Asn+Gly+Asp+Val+Leu;0.728,264.364,1+Asn+Ser+Asp+Cit+Thr+Phe;0.727,267.384,1+His+Asn+Glu+Thr+Val+Ile;0.727,270.068,1+His+Asn+Pro+Orn+Val+Trp;0.727,269.145,1+His+Asn+Tau+Cit+Pro+Orn;0.727,268.114,1+His+Asn+Tau+Pro+Orn+Phe;0.727,268.559,1+His+Asn+Arg+Pro+Orn+Phe;0.727,264.310,1+His+Asn+Gly+Asp+Ile+Trp;0.727,268.305, 1+His+Asn+Ala+Orn+Met+Phe;0.727,266.646,1+His+Asn+Asp+Glu+Orn+Trp;0.727,266.927,1+His+Asn+Arg+Orn+Cys+Phe;0.727,269.434,1+His+Gln+Gly+Orn+Ile+Phe;0.727,268.706,1+His+Gly+Asp+Orn+Phe+BCAA;0.727,269.857,1+His+Asn+3MeHis+Gln+Orn+Tyr;0.727,268.594,1+His+Asn+Ser+Orn+Tyr+Trp;0.727,270.273,1+His+Asn+Ala+Pro+Orn+Val;0.727,266.940,1+His+Asn+Gln+Asp+Orn+Met;0.727,262.150,1+His+Asn+Tau+Ser+Asp+Phe;0.727,264.908,1+His+Asn+3MeHis+Asp+Thr+Phe;0.727,265.898,1+His+Asn+Gly+Cit+Ile+Phe;0.727,269.178,1+His+Asn+Gln+Cit+Pro+Orn;0.727,263.116,1+His+Asn+Gly+Asp+Leu+Phe;0.727,267.071,1+His+Asn+Arg+Asp+Orn+Tyr;0.727,266.112,1+His+Asn+Asp+Glu+Orn+Phe;0.727,264.236,1+Asn+Ser+Asp+Glu+Thr+Lys;0.727,268.431,1+His+Ser+Asp+Orn+Phe+BCAA;0.727,269.439,1+His+Gln+Gly+Orn+Phe+BCAA;0.727,268.141,1+His+3MeHis+Orn+Ile+Leu+Phe;0.727,269.223,1+His+Thr+Orn+Val+Leu+Phe;0.727,268.808,1+His+Asn+3MeHis+Ser+Orn+Lys;0.727,268.719,1+His+Asn+Ser+Glu+Orn+Lys;0.727,269.048,1+His+Asn+Arg+Cit+Val+Leu;0.727,270.274,1+His+Asn+Pro+Orn+Lys+Val;0.727,269.634,1+His+Asn+3MeHis+Arg+Orn+Tyr;0.727,267.701,1+His+Asn+Lys+Val+Phe+BCAA;0.727,268.486,1+His+Asn+Glu+Orn+Cys+Trp;0.727,266.747,1+His+Asn+Asp+Glu+Orn+Lys;0.727,268.129,1+His+3MeHis+Thr+Orn+Leu+Phe;0.727,268.711,1+His+Asn+3MeHis+Gly+Orn+Trp;0.727,270.081,1+His+Asn+3MeHis+Ala+Orn+Met;0.727,267.390,1+His+Asn+Ser+Arg+Thr+Ile;0.727,268.894,1+His+Asn+Ala+Orn+Cys+Met;0.727,269.387,1+His+Asn+Arg+Orn+Met+Trp;0.727,262.578,1+His+Asn+Ser+Asp+Thr+Ala;0.727,267.999,1+His+Asn+Arg+Gly+Met+Ile;0.727,266.948,1+His+Asn+Asp+Orn+Met+Val;0.727,262.785,1+His+Asn+Ser+Gln+Asp+Thr;0.727,266.805,1+His+Asn+Tau+Gln+Asp+Orn;0.727,266.791,1+His+Asn+Tau+Asp+Orn+Lys;0.727,268.757,1+His+Gln+Orn+Val+Leu+Phe;0.727,268.781,1+His+Ser+Asp+Orn+Lys+Phe;0.727,268.639,1+His+Asn+Ser+Glu+Orn+Trp;0.727,269.821,1+His+Asn+3MeHis+Gln+Orn+Lys;0.727,269.948,1+His+Asn+3MeHis+Orn+Val+Trp;0.727,263.041,1+His+Asn+Gly+Asp+Cit+Phe;0.727,268.043,1+His+Asn+3MeHis+Orn+Tyr+Phe;0.727,268.467,1+His+Asn+Pro+Orn+Lys+Phe;0.727,269.212,1+His+3MeHis+Gly+Orn+Phe+BCAA;0.727,268.758,1+His+Cit+Orn+Val+Phe+BCAA;0.727,267.812,1+His+3MeHis+Orn+Leu+Phe+Trp;0.727,268.796,1+His+Asn+3MeHis+Orn+Cys+Lys;0.727,269.481,1+His+Asn+3MeHis+Cit+Ala+Orn;0.727,267.675,1+His+Asn+Arg+Met+Ile+BCAA;0.727,269.088,1+His+Asn+Cit+Pro+Orn+Trp;0.727,266.563,1+His+Asn+Arg+Asp+Orn+Phe;0.727,268.036,1+His+Asn+Arg+Orn+Met+Phe;0.727,264.909,1+His+Asn+Gly+Asp+Pro+Lys;0.727,267.994,1+His+Asn+Cit+Orn+Tyr+Phe;0.727,268.316,1+His+Asn+Orn+Lys+Tyr+Phe;0.727,269.836,1+His+Ala+Orn+Leu+Phe+BCAA;0.727,269.733,1+His+Gln+Gly+Ala+Orn+Phe;0.727,268.818,1+Asn+Thr+Orn+Cys+Ile+Phe;0.727,268.713,1+His+Asn+3MeHis+Orn+Cys+Trp;0.727,269.526,1+His+Asn+Arg+Orn+Lys+Met;0.727,268.193,1+His+Asn+Tau+Orn+Val+Phe;0.727,266.221,1+His+Asn+3MeHis+Asp+Cit+Lys;0.727,269.511,1+Hi

s+Ser+Orn+Leu+Phe+BCAA;0.727,268.136,1+His+3MeHis+Orn+Met+Leu+Phe;0.727,268.888,1+His+Ser+Asp+Thr+Orn+Phe;0.727,266.916,1+His+Gly+Asp+Orn+Cys+Phe;0.727,269.970,1+His+Asn+3MeHis+Pro+Orn+Trp;0.727,269.530,1+His+Asn+Arg+Orn+Tyr+Met;0.727,267.161,1+His+Asn+Arg+Gly+Leu+Phe;0.727,269.631,1+His+Asn+Arg+Pro+Orn+Trp;0.727,268.666,1+His+Asn+Glu+Ala+Orn+Cys;0.727,267.573,1+His+Asn+Ser+Cit+Ile+Phe;0.727,263.691,1+His+Asn+Gly+Asp+Cit+Met;0.727,264.879,1+His+Asn+Arg+Gly+Asp+Val;0.727,264.516,1+His+Asn+Arg+Gly+Asp+Phe;0.727,268.467,1+His+Asn+Orn+Val+Phe+Trp;0.727,268.829,1+His+Asp+Orn+Leu+Phe+BCAA;0.727,269.694,1+His+Asn+Tau+3MeHis+Glu+Orn;0.727,270.057,1+His+Asn+3MeHis+Orn+Lys+Val;0.727,270.281,1+His+Asn+Ala+Pro+Orn+Lys;0.727,267.895,1+His+Asn+3MeHis+Orn+Met+Phe;0.727,266.976,1+His+Asn+Asp+Cit+Orn+Val;0.727,268.165,1+His+Gly+Orn+Cys+Phe+BCAA;0.727,268.709,1+His+Asn+Ser+Glu+Orn+Met;0.727,267.837,1+His+Asn+Cit+Tyr+Val+BCAA;0.727,266.975,1+His+Asn+Arg+Asp+Cit+Orn;0.727,267.782,1+His+Asn+Arg+Asp+Ile+Trp;0.727,268.925,1+His+Orn+Lys+Val+Phe+BCAA;0.727,268.408,1+His+Asn+Gly+Thr+Val+BCAA;0.727,270.095,1+His+Asn+Tau+Ala+Pro+Orn;0.727,269.990,1+His+Asn+Gln+Orn+Met+Val;0.727,269.698,1+His+Asn+3MeHis+Arg+Ala+Orn;0.727,268.810,1+His+Asn+3MeHis+Orn+Cys+Tyr;0.727,268.896,1+His+Asn+Ala+Orn+Cys+Tyr;0.727,267.881,1+His+Asn+Arg+Tyr+Ile+BCAA;0.727,268.617,1+His+Asn+Glu+Orn+Cys+Tyr;0.727,267.639,1+His+Asn+Tau+3MeHis+Orn+Phe;0.727,268.665,1+His+Asn+Ala+Pro+Orn+Phe;0.727,266.981,1+His+Asn+Gln+Asp+Cit+Orn;0.727,268.421,1+His+Asn+Gln+Orn+Val+Phe;0.727,268.615,1+His+Asn+Glu+Orn+Val+Phe;0.727,267.570,1+His+3MeHis+Orn+Cys+Phe+BCAA;0.727,270.068,1+Asn+Asp+Glu+Thr+Orn+Ile;0.727,270.000,1+His+Asn+Tau+Gln+Glu+Orn;0.727,269.799,1+His+Asn+3MeHis+Gln+Orn+Trp;0.727,269.664,1+His+Asn+Tau+Gln+Arg+Orn;0.727,270.037,1+His+Asn+3MeHis+Pro+Orn+Tyr;0.727,269.943,1+His+Asn+Pro+Orn+Met+Trp;0.727,268.844,1+His+Asn+Orn+Cys+Lys+Met;0.727,268.655,1+His+Asn+Glu+Pro+Orn+Phe;0.727,263.874,1+His+Asn+Gly+Asp+Cit+Trp;0.727,268.896,1+His+Asn+Gly+Lys+Ile+Phe;0.727,266.716,1+His+Asn+Asp+Cit+Ala+Orn;0.727,266.975,1+His+Asn+Asp+Cit+Orn+Lys;0.727,270.855,1+His+Gly+Thr+Ala+Orn+Phe;0.727,267.583,1+His+3MeHis+Orn+Cys+Ile+Phe;0.727,269.702,1+His+Asn+Tau+Orn+Met+Trp;0.727,270.061,1+His+Asn+Lys+Tyr+Val+Ile;0.727,268.718,1+His+Asn+3MeHis+Gly+Orn+Lys;0.727,270.062,1+His+Asn+Tau+Pro+Orn+Tyr;0.727,270.848,1+His+Asn+Thr+Ile+Phe+Trp;0.727,269.653,1+His+Asn+3MeHis+Arg+Orn+Trp;0.727,267.180,1+His+Asn+Asp+Cit+Thr+Trp;0.727,268.820,1+His+Asn+Orn+Cys+Tyr+Met;0.727,264.145,1+Asn+3MeHis+Ser+Asp+Cit+Thr;0.727,269.229,1+His+Glu+Orn+Val+Leu+Phe;0.727,269.988,1+His+Asn+Gln+Ala+Orn+Met;0.727,263.011,1+His+Asn+Tau+Ser+Asp+Lys;0.727,269.385,1+His+Asn+Cit+Ala+Pro+Orn;0.727,262.874,1+His+Asn+Tau+Ser+Asp+Thr;0.727,264.394,1+His+Asn+Gly+Asp+Pro+Ile;0.727,268.630,1+His+Asn+Glu+Orn+Cys+Lys;0.727,267.097,1+His+Asn+Ser+Arg+Cit+Ile;0.727,268.346,1+His+Asn+Arg+Orn+Tyr+Phe;0.727,267.627,1+His+Asn+Asp+Thr+Phe+Trp;0.727,268.181,1+His+Asn+3MeHis+Pro+Orn+Phe;0.727,264.353,1+His+Asn+Gln+Gly+Asp+Ile;0.727,262.817,1+His+Asn+3MeHis+Ser+Asp+Glu;0.726,267.316,1+His+Asn+Ser+Arg+Thr+Cys;0.726,270.085,1+His+Asn+Tau+Pro+Orn+Lys;0.726,267.802,1+His+Asn+Gln+Arg+Ile+BCAA;0.726,268.266,1+His+Asn+Orn+Met+Phe+Trp;0.726,264.265,1+Asn+Ser+Arg+Asp+Thr+Phe;0.726,263.597,1+His+Asn+Gln+Gly+Asp+Cit;0.726,266.531,1+His+Asn+Asp+Orn+Phe+Trp;0.726,266.800,1+Asn+3MeHis+Asp+Thr+Lys+Ile;0.726,266.765,1+His+Asn+Asp+Cit+Orn+Tyr;0.726,266.676,1+His+Orn+Cys+Val+Phe+BCAA;0.726,268.948,1+His+Arg+Orn+Val+Leu+Phe;0.726,270.110,1+His+Asn+Glu+Pro+Orn+Met;0.726,269.530,1+His+Asn+Arg+Ala+Orn+Met;0.726,268.758,1+His+Asn+Ala+Orn+Cys+Trp;0.726,273.428,1+His+3MeHis+Gln+Gly+Ala+Orn;0.726,264.329,1+His+Asn+3MeHis+Gly+Asp+Ile;0.726,264.592,1+His+Asn+Gly+Asp+Pro+Phe;0.726,266.547,1+His+Asn+Gln+Asp+Orn+Phe;0.726,265.345,1+Asn+Gly+Asp+Thr+Ile+Phe;0.726,270.039,1+His+Asn+Tau+Ala+Orn+Met;0.726,263.468,1+His+Asn+Ser+Asp+Lys+Trp;0.726,262.873,1+His+Asn+Ser+Asp+Thr+Ile;0.726,268.610,1+His+Asn+Ala+Orn+Tyr+Phe;0.726,

267.371, 1+His+Asn+Gln+Asp+Orn+Val; 0.726, 268.610, 1+His+Asn+Ala+Orn+Val+Phe; 0.726, 269.247, 1+His+Asn+Tau+Cit+Orn+Met; 0.726, 270.262, 1+His+Asn+Glu+Ala+Pro+Orn; 0.726, 262.868, 1+His+Asn+Ser+Asp+Thr+Pro; 0.726, 263.481, 1+His+Asn+Ser+Asp+Lys+Val; 0.726, 269.054, 1+His+Ala+Orn+Val + Ile + Phe;
 5 0.726, 267.357, 1+His+Asn+Gln+Arg+Asp+Orn; 0.726, 267.352, 1+His+Asn+Arg+Asp+Orn+Val; 0.726, 267.183, 1+His+Asn+Gln+Asp+Orn+Tyr; 0.726, 269.990, 1+His+Tau+Gly+Orn+Phe+BCAA; 0.726, 268.787, 1+His+Ser+Pro+Orn+Leu+Phe; 0.726, 269.922, 1+His+Asn+Tau+Orn+Tyr+Met; 0.726, 270.039, 1+His+Asn+Tau+Orn+Met+Val; 0.726, 263.502, 1+His+Asn+Gly+Asp+Cys
 10 +Ile; 0.726, 270.137, 1+His+Asn+Pro+Orn+Lys+Trp; 0.726, 269.494, 1+His+Asn+3MeHis+Cit+Orn+Tyr; 0.726, 269.224, 1+His+Asn+Cit+Pro+Orn+Met; 0.726, 264.983, 1+Asn+Ser+Asp+Thr+Ile+BCAA; 0.726, 266.740, 1+His+Asn+Tau+Asp+Orn+Val; 0.726, 268.072, 1+His+Asn+Cit+Orn+Val+Phe; 0.726, 268.971, 1+His+Glu+Orn+Val+Phe+BCAA; 0.726, 268.837, 1+His+Ser+Asp+Orn+Met+Phe; 0.726, 268.484, 1+His+Asn+Gln+Thr+Val+BCAA; 0.726, 269.913, 1+His+Asn+Gln+Orn+Tyr+Met; 0.726, 270.108, 1+His+Asn+Ala+Pro+Orn+Trp; 0.726, 269.935, 1+His+Asn+Tau+3MeHis+Orn+Lys; 0.726, 269.809, 1+His+Asn+Tau+Arg+Orn+Tyr; 0.726, 269.839, 1+His+Asn+Tau+Arg+Orn+Val; 0.726, 269.935, 1+His+Asn+Tau+Pro+Orn+Met; 0.726, 270.266, 1+His+Asn+Glu+Pro+Orn+Lys; 0.726, 268.896, 1+His+Asn+Ala+Orn+Cys+Lys; 0.726, 270.046, 1+His+Asn+Arg+Orn+Tyr+Val; 0.726, 269.410, 1+His+Asn+Cit+Pro+Orn+Val; 0.726, 269.247, 1+His+Asn+3MeHis+Arg+Cit+Orn; 0.726, 269.209, 1+His+Orn+Lys+Val+Leu+Phe; 0.726, 270.106, 1+His+Asn+Pro+Orn+Lys+Met; 0.726, 269.505, 1+His+Asn+Arg+Glu+Orn+Met; 0.726, 269.906, 1+His+Asn+Arg+Orn+Tyr+Trp; 0.726, 266.209, 1+His+Asn+3MeHis+Asp+Thr+Trp; 0.726, 268.873, 1+His+Asn+Orn+Cys+Lys+Tyr; 0.726, 267.207, 1+His+Asn+Asp+Orn+Val+Trp; 0.726, 268.650, 1+His+Asn+Pro+Orn+Phe+Trp; 0.726, 264.989, 1+His+Asn+Arg+Gly+Asp+Glu; 0.726, 262.532, 1+His+Asn+Ser+Asp+Leu+Phe; 0.726, 268.493, 1+His+Asn+Gln+Orn+Lys+Phe; 0.726, 267.358, 1+His+Asn+Arg+Asp+Orn+Lys; 0.726, 269.430, 1+His+Arg+Gly+Orn+Leu+Phe; 0.726, 269.003, 1+His+Ser+Orn+Val+Phe+BCAA; 0.726, 267.863, 1+His+Asn+3MeHis+Ser+Arg+Thr; 0.726, 268.383, 1+His+Asn+Ser+Arg+Thr+Pro; 0.726, 270.001, 1+His+Asn+Tau+Gln+Orn+Tyr; 0.726, 269.823, 1+His+Asn+Gln+Orn+Met+Trp; 0.726, 269.831, 1+His+Asn+Tau+Arg+Orn+Lys; 0.726, 270.106, 1+His+Asn+Tau+Pro+Orn+Val; 0.726, 266.039, 1+His+Asn+Arg+Gly+Thr+Phe; 0.726, 268.712, 1+His+Asn+Orn+Cys+Met+Trp; 0.726, 267.369, 1+His+Asn+Asp+Orn+Lys+Val; 0.726, 268.311, 1+His+Tau+3MeHis+Orn+Ile+Phe; 0.726, 269.154, 1+His+Orn+Met+Val+Leu+Phe; 0.726, 269.997, 1+His+Asn+Tau+Orn+Lys+Met; 0.726, 269.988, 1+His+Asn+Tau+Gln+Orn+Lys; 0.726, 267.530, 1+His+Asn+Ser+Arg+Cit+Thr; 0.726, 269.987, 1+His+Asn+Gln+Glu+Orn+Met; 0.726, 273.064, 1+His+3MeHis+Ser+Arg+Ala+Orn; 0.726, 262.674, 1+His+Asn+Ser+Asp+Phe+BCAA; 0.726, 263.357, 1+His+Asn+Ser+Asp+Lys+Leu; 0.726, 267.912, 1+Asn+3MeHis+Asp+Thr+Val+Ile; 0.726, 269.365, 1+His+Asn+Gln+Cit+Orn+Met; 0.726, 268.345, 1+His+Asn+Arg+Gly+Cys+Leu; 0.726, 270.235, 1+His+Asn+Pro+Orn+Tyr+Val; 0.726, 271.954, 1+His+Gln+Gly+Ala+Orn+Cys; 0.726, 266.509, 1+His+Asn+Tau+Asp+Ala+Orn; 0.726, 264.938, 1+His+Asn+Arg+Gly+Asp+Lys; 0.726, 268.582, 1+His+Asn+Arg+Orn+Val+Phe; 0.726, 269.248, 1+His+3MeHis+Cit+Orn+Phe+BCAA; 0.726, 269.058, 1+His+Thr+Orn+Val+Phe+BCAA; 0.726, 268.943, 1+His+Gly+Orn+Leu+Phe+Trp; 0.726, 268.382, 1+His+Asn+Ser+Arg+Thr+Leu; 0.726, 270.024, 1+His+Asn+Orn+Met+Val + Trp; 0.726, 269.948, 1+His+Asn+Tau+3MeHis+Orn+Tyr; 0.726, 270.070, 1+His+Asn+Tau+Glu+Pro+Orn; 0.726, 267.838, 1+His+Asn+Thr+Ile+Phe+BCAA; 0.726, 264.547, 1+His+Asn+Tau+Gly+Asp+Ile; 0.726, 263.490, 1+His+Asn+Ser+Asp+Lys+Tyr; 0.726, 263.363, 1+His+Asn+Ser+Gln+Asp+Lys; 0.726, 265.030, 1+His+Asn+Arg+Gly+Asp+Trp; 0.726, 264.322, 1+His+Asn+Gly+Asp+Lys+BCAA; 0.726, 266.773, 1+His+Asn+Asp+Ala+Orn+Met; 0.726, 266.517, 1+His+Asn+Asp+Glu+Ala+Orn; 0.726, 266.335, 1+His+Asn+Arg+Asp+Cys+Ile; 0.726, 269.044, 1+His+Tau+Gln+Gly+Orn+Phe; 0.726, 267.170, 1+His+Asn+Asp+Orn+Lys+Tyr; 0.726, 269.330, 1+His+3MeHis+Ser+Orn+Phe+BCAA; 0.726, 269.837, 1+His+Asn+Arg+Lys+Val+Leu; 0.726, 270.001, 1+His+Asn+Tau+Glu+Orn+Met; 0.726, 269.382, 1+His+Asn+3MeHis+Arg+Glu+Orn; 0.726, 268.749, 1+His+Asn+Orn+Cys+Lys+Trp; 0.726, 263.198, 1+His+Asn+Gly+Asp+Cit+BCAA; 0.726, 269.374, 1+His+Asp+Glu+Orn+Leu+Phe; 0.726, 268.427, 1+His+Asn+Ser+Gln+Arg

- +Gly;0.726,270.086,1+His+Asn+Gln+Orn+Val+Trp;0.726,270.099, 1+His+Asn+Glu+Pro+Orn+Trp;0.726,270.274,1+His+Asn+Ala+Orn+Met+Val;0.726,262.232,1+His+Asn+Ser+Asp+Thr+Cys;0.726,263.976,1+His+Asn+Gly+Asp+Glu+Cit;0.726,266.312,1+His+Asn+3MeHis+Asp+Cit+Pro;0.726,269.046,1+His+Orn+Tyr+Val+Leu+Phe;0.726,269.056,1+His+Orn+Met+Val+Phe+BCAA;0.726,268.257,1+His+Asn+Ser+Arg+Thr+Met;0.726,269.812,1+His+Asn+Tau+Pro+Orn+Trp;0.726,270.032,1+His+Asn+3MeHis+Glu+Ala+Orn;0.726,269.932,1+His+Asn+Gln+Arg+Orn+Lys;0.726,269.593,1+His+Asn+Gln+Arg+Cit+Orn;0.726,269.585,1+His+Asn+Cit+Orn+Met+Val;0.726,269.823,1+Asn+Asp+Thr+Ile+Trp+BCAA;0.726,267.533,1+His+Asn+Arg+Cit+Ile+BCAA;0.726,269.673,1+His+Ser+Gln+Orn+Leu+Phe;0.725,268.956,1+His+Asn+Gln+Arg+Gly+Leu;0.725,267.927,1+His+Asn+Ser+Arg+Gly+Cys;0.725,269.315,1+His+Asn+Glu+Cit+Pro+Orn;0.725,269.264,1+His+Asn+Cit+Orn+Met+Trp;0.725,266.779,1+Asn+3MeHis+Ser+Arg+Asp+Ile;0.725,262.774,1+His+Asn+Ser+Asp+Met+Phe;0.725,270.252,1+His+Tau+3MeHis+Asp+Ala+Orn;0.725,268.516,1+His+Ser+Asp+Orn+Phe+Trp;0.725,267.719,1+His+Asn+Ser+Arg+Thr+Val;0.725,268.157,1+His+Asn+Ser+Arg+Cys+Leu;0.725,268.995,1+His+Asn+Tau+Cit+Orn+Trp;0.725,262.670,1+His+Asn+Ser+Asp+Glu+Pro;0.725,266.355,1+His+Asn+Asp+Ala+Orn+Phe;0.725,268.140,1+His+Asn+Tau+Orn+Lys+Phe;0.725,266.866,1+His+Asn+Ser+Arg+Gly+Thr;0.725,269.296,1+His+Asn+3MeHis+Cit+Orn+Trp;0.725,267.243,1+His+Asn+Gln+Asp+Orn+Trp;0.725,268.335,1+His+Asn+3MeHis+Orn+Lys+Phe;0.725,263.246,1+His+Asn+Gly+Asp+Cit+Tyr;0.725,270.033,1+His+Ser+Cit+Orn+Leu+Phe;0.725,269.993,1+His+Asn+Tau+Gln+Orn+Val;0.725,269.929,1+His+Asn+Gln+Arg+Orn+Val;0.725,262.636,1+His+Asn+Ser+Asp+Tyr+Phe;0.725,268.242,1+His+Asn+Gln+Cit+Orn+Phe;0.725,269.441,1+His+Tau+Ser+Orn+Leu+Phe;0.725,270.092,1+His+Asn+Ser+Thr+Phe+Trp;0.725,270.575,1+His+Asn+Gly+Lys+Val+Ile;0.725,270.128,1+His+Asn+Pro+Orn+Tyr+Trp;0.725,268.049,1+His+Asn+Asp+Glu+Thr+Trp;0.725,268.241,1+His+Asn+Asp+Thr+Ile+Trp;0.725,267.998,1+His+Asn+Tau+Gln+Orn+Phe;0.725,268.655,1+His+Ser+Ala+Orn+Cys+Phe;0.725,268.923,1+His+Gly+Ala+Orn+Cys+Phe;0.725,268.309,1+His+Asn+Ser+Arg+Glu+Thr;0.725,268.225,1+His+Asn+Gly+Thr+Val+Ile;0.725,263.484,1+His+Asn+Ser+Asp+Lys+Met;0.725,269.947,1+His+Asn+Gln+Orn+Lys+Met;0.725,269.452,1+His+Asn+Cit+Orn+Val+Trp;0.725,267.683,1+His+Asn+Tau+Cit+Orn+Phe;0.725,264.490,1+Asn+Ser+Asp+Thr+Ile+Phe;0.725,267.797,1+His+Ser+Orn+Cys+Leu+Phe;0.725,268.560,1+His+Gln+Gly+Asp+Orn+Phe;0.725,269.088,1+Asn+Asp+Thr+Tyr+Val+Ile;0.725,269.396,1+His+Asn+Tau+Glu+Cit+Orn;0.725,269.832,1+His+Asn+Gln+Arg+Orn+Trp;0.725,270.059,1+His+Asn+Arg+Orn+Lys+Val;0.725,268.749,1+His+Asn+Orn+Cys+Tyr+Trp;0.725,267.616,1+His+Asn+Arg+Asp+Thr+Trp;0.725,267.296,1+His+Asn+Gly+Thr+Ile+Phe;0.725,265.346,1+Asn+Ser+Asp+Thr+Pro+Orn;0.725,266.565,1+His+Asn+Asp+Cit+Val+Leu;0.725,269.930,1+His+Ser+Orn+Tyr+Leu+Phe;0.725,270.703,1+His+Gly+Cit+Orn+Phe+BCAA
- [21. Fórmula con dos variables de bioquímica] 0.723,255.038,1+ALB+ALT;0.720,261.158,1+ALB+AST;0.716,260.041,1+ALB+NEFA;0.715,258.893,1+ALB+BUN;0.706,261.403,1+ALB+T-BIL;0.704,263.905,1+ALB+Glc;0.704,263.684,1+ALB+gGT;0.700,263.426,1+ALB+Ca;0.700,263.479,1+ALB+BHBA
- [22. Fórmula con tres variables de bioquímica] 0.735,253.211,1+ALB+BUN+ALT;0.734,258.533,1+ALB+AST+NEFA;0.728,256.521,1+ALB+AST+ALT;0.728,259.757,1+ALB+AST+T-BIL;0.727,255.913,1+ALB+ALT+NEFA;0.725,256.962,1+ALB+ALT+Glc;0.725,258.863,1+ALB+BUN+AST;0.725,256.900,1+TP+ALB+ALT;0.724,258.078,1+ALB+BUN+T-BIL;0.724,256.915,1+ALB+ALT+TG;0.724,256.456,1+ALB+ALT+TCHO;0.723,257.022,1+ALB+ALT+gGT;0.723,262.537,1+ALB+AST+BHBA;0.723,262.767,1+TP+ALB+AST;0.723,256.757,1+ALB+ALT+BHBA;0.723,256.552,1+ALB+Ca+ALT;0.722,258.215,1+ALB+BUN+NEFA;0.721,262.733,1+ALB+Ca+AST;0.720,263.100,1+ALB+AST+Glc;0.718,263.152,1+ALB+AST+gGT;0.718,262.730,1+ALB+AST+TG;0.717,262.659,1+ALB+AST+TCHO;0.717,260.265,1+ALB+BUN+BHBA;0.717,260.771,1+ALB+BUN+Glc;0.717,262.036,1+ALB+NEFA+TG;0.716,262.040,1+ALB+NEFA+Glc;0.716,261.623,1+TP+ALB+NEFA;0.716,262.038,1+ALB+NEFA+T-BIL;0.716,262.022,1+ALB+NEFA+BHBA;0.716,260.406,1+TP+ALB+BUN;0.715,261.977,1+ALB+gGT+NEFA;0.715,261.777,1+ALB+Ca+NEFA;0.714,260.256,1+ALB+BUN+Ca;0.714,260.795,1+ALB+BUN+gGT;0.712,260.

- 311,1+ALB+BUN+TCHO;0.710,260.586,1+ALB+BUN+TG;0.710,263.196, 1+ALB+gGT+T-BIL;0.709,263.250,1+ALB+T-BIL+BHBA;0.708,263.02 9,1+TP+ALB+T-BIL;0.708,263.072,1+ALB+Ca+T-BIL;0.708,260.737, 1+ALB+NEFA+TCHO;0.705,265.284,1+TP+ALB+gGT;0.705,263.334,1+ ALB+T-BIL+TG;0.705,265.661,1+ALB+gGT+Glc;0.705,263.372,1+AL B+T-BIL+Glc;0.704,262.427,1+ALB+T-BIL+TCHO;0.704,265.225,1+ ALB+Ca+gGT; 0.704,265.269, 1+ALB+gGT+BHBA; 0.700,265.135,1 + TP+ALB+BHBA;0.700,265.163,1+ALB+gGT+TG
- [23. Fórmula con cuatro variables de bioquímica] 0.739,254.351,1+ALB+BUN+ALT+T-BIL;0.739,254.641,1+ALB+BUN+A LT+NEFA;0.737,254.938,1+ALB+BUN+AST+ALT;0.737,254.677,1+ALB +BUN+Ca+ALT; 0.737,254.892,1 + TP+ALB+BUN+ALT; 0.736, 255.038,1 + ALB+BUN+ALT+Glc;0.736,254.733,1+ALB+BUN+ALT+BHBA;0.736,255.206,1+ALB+BUN+ALT+gGT;0.736,257.734,1+ALB+BUN+AST+NEFA;0.73 5,255.202,1+ALB+BUN+ALT+TG;0.735,254.733,1+ALB+BUN+ALT+TCH O;0.735,259.856,1+TP+ALB+AST+NEFA;0.734,260.519,1+ALB+AST+N EFA+Glc;0.734,260.436,1+ALB+AST+NEFA+TG;0.734,257.484,1+ALB +BUN+AST+T-BIL;0.734,260.531,1+ALB+AST+NEFA+BHBA;0.733,256.921,1+ALB+AST+ALT+NEFA;0.733,260.356,1+ALB+Ca+AST+NEFA;0.73 3,260.499,1+ALB+AST+NEFA+T-BIL;0.732,260.305,1+ALB+AST+gGT+ NEFA;0.730,259.904,1+ALB+AST+NEFA+TCHO;0.730,257.387,1+ALB+ AST+ALT+T-BIL;0.730,260.174,1+ALB+BUN+AST+BHBA;0.730,257.65 6,1+TP+ALB+ALT+NEFA;0.729,261.129,1+TP+ALB+AST+T-BIL;0.729, 258.134,1+ALB+AST+ALT+BHBA;0.729,260.723,1+ALB+BUN+AST+Glc; 0.729,257.883,1+ALB+AST+ALT+TCHO;0.729,261.657,1+ALB+AST+T-BIL+BHBA; 0.728,258.430,1+ALB+AST+ALT+Glc; 0.728,258.068, 1+AL B+Ca+AST+ALT;0.728,257.895,1+ALB+ALT+NEFA+Glc;0.728,258.329, 1 + TP+ALB+AST+ALT; 0.728,261.748, 1+ALB+AST + T-BIL + Glc; 0.728,26 1.534,1+ALB+Ca+AST+T-BIL;0.728,258.509,1+ALB+AST+ALT+gGT;0. 728,258.109,1+TP+ALB+ALT+T-BIL;0.727,261.756,1+ALB+AST+T-BI L+TG;0.727,257.332,1+ALB+ALT+NEFA+TCHO;0.727,258.307,1+ALB+ ALT+gGT+T-BIL;0.727,261.700,1+ALB+AST+gGT+T-BIL;0.727,258.3 20,1+ALB+ALT+T-BIL+TG;0.727,258.320,1+ALB+ALT+T-BIL+Glc;0.7 27,258.324,1+ALB+ALT+T-BIL+BHBA;0.727,260.357,1+ALB+BUN+Ca+ AST;0.727,258.748,1+TP+ALB+ALT+TG;0.727,257.913,1+ALB+ALT+N EFA+T-BIL;0.727,258.407,1+ALB+AST+ALT+TG;0.727,257.894,1+AL B+ALT+NEFA+TG;0.727,257.913,1+ALB+ALT+gGT+NEFA;0.726,257.90 7,1+ALB+ALT+NEFA+BHBA;0.726,258.844,1+TP+ALB+ALT+gGT;0.726, 257.780,1+ALB+ALT+T-BIL+TCHO;0.726,261.320,1+ALB+AST+T-BIL+ TCHO;0.726,263.947,1+TP+ALB+AST+BHBA;0.726,257.579,1+ALB+Ca +ALT+NEFA;0.726,257.948,1+ALB+Ca+ALT+T-BIL;0.726,258.522,1+ TP+ALB+ALT+BHBA; 0.726, 258.677, 1+ALB+ALT+BHBA+TG; 0.725,258.2 79,1+ALB+ALT+TG+TCHO;0.725,258.372,1+TP+ALB+Ca+ALT;0.725,26 0.202,1+TP+ALB+BUN+AST;0.725,258.393,1+ALB+ALT+Glc+TCHO;0.7 25,258.834,1+ALB+ALT+Glc+TG;0.725,258.366,1+TP+ALB+ALT+TCH O;0.725,258.824,1+TP+ALB+ALT+Glc
- [24. Fórmula con cinco variables de bioquímica] 0.740,255.932,1+TP+ALB+BUN+ALT+T-BIL;0.740,256.577,1+ALB+BU N+ALT+NEFA+TG;0.740,256.293,1+ALB+BUN+ALT+T-BIL+TG;0.740,25 5.934,1+ALB+BUN+Ca+ALT+T-BIL;0.740,256.622,1+ALB+BUN+ALT+gG T+NEFA;0.740,255.931,1+ALB+BUN+ALT+T-BIL+TCHO;0.740,256.125, 1+ALB+BUN+AST+ALT+NEFA;0.739,255.778,1+ALB+BUN+AST+ALT+T-BI L;0.739,256.201,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+TCHO;0.739,256.351,1+ALB +BUN+ALT+NEFA+T-BIL;0.739,256.244,1+TP+ALB+BUN+ALT+NEFA;0.7 39,256.213,1+ALB+BUN+Ca+ALT+NEFA;0.739,256.316,1+ALB+BUN+AL T+T-BIL+BHBA;0.738,256.346,1+ALB+BUN+ALT+gGT+T-BIL;0.738,25 6.293,1+TP+ALB+BUN+Ca+ALT;0.738,256.293,1+ALB+BUN+ALT+T-BIL +Glc;0.738,256.517,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Glc;0.738,256.442,1+A LB+BUN+Ca+AST+ALT;0.737,256.247,1+TP+ALB+BUN+ALT+BHBA;0.737, 256.389,1+ALB+BUN+AST+ALT+TCHO;0.737,256.406,1+ALB+BUN+AST+ ALT+BHBA;0.737,256.447,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+BHBA;0.737,256.76 2,1+ALB+BUN+AST+ALT+Glc;0.737,256.662,1+ALB+BUN+Ca+ALT+gGT; 0.737,256.563,1+TP+ALB+BUN+AST+ALT;0.737,256.492,1+TP+ALB+B UN+ALT+TCHO;0.737,259.597,1+ALB+BUN+AST+NEFA+TG;0.737,259.6 37, 1+ALB+BUN+AST+NEFA+Glc;0.737,256.186, 1+ALB+BUN+Ca+A LT+TC HO;0.737,256.665,1+ALB+BUN+Ca+ALT+TG;0.737,256.232,1+ALB+BU N+ALT+BHBA+TCHO;0.737,256.563,1+ALB+BUN+ALT+Glc+TCHO;0.736, 256.870,1+TP+ALB+BUN+ALT+TG;0.736,256.930,1+ALB+BUN+AST+ALT +TG;0.736,256.620,1+ALB+BUN+Ca+ALT+Glc;0.736,257.029,1+ALB+ BUN+ALT+gGT+Glc;0.736,256.714,1+ALB+BUN+ALT+gGT+BHBA;0.736, 256.887,1+TP+ALB+BUN+ALT+gGT;0.736,256.726,1+TP+ALB+BUN+ALT +Glc; 0.736,259.465, 1+ALB+BUN+Ca+AST+NEFA; 0.736,258.528,1 + TP +ALB+AST+ALT+NEFA;0.736,256.673,1+ALB+BUN+ALT+BHBA+Glc;0.73

- 6,259.456,1+ALB+BUN+AST+gGT+NEFA;0.736,256.377,1+ALB+BUN+Ca
+ALT+BHBA;0.735,256.733,1+ALB+BUN+ALT+BHBA+TG;0.735,257.194,
1+ALB+BUN+ALT+gGT+TG;0.735,262.402,1+ALB+AST+NEFA+T-BIL+TG; 0.735,261.776, 1 +
TP+ALB+AST+NEFA+TG; 0.735,259.472,1+ALB+BUN+ AST+T-
5 BIL+Glc;0.735,256.733,1+ALB+BUN+ALT+gGT+TCHO;0.735,25 9.423,1+ALB+BUN+AST+T-
BIL+TG;0.735,258.916,1+TP+ALB+BUN+AST
+NEFA;0.735,257.023,1+ALB+BUN+ALT+Glc+TG;0.735,256.866,1+AL
B+BUN+AST+ALT+gGT;0.735,261.843,1+TP+ALB+AST+NEFA+Glc;0.735, 261.809,1+TP+ALB+AST+NEFA+T-
BIL;0.734,262.436,1+ALB+AST+NEF A+BHBA+TG;0.734,259.623,1+ALB+BUN+AST+NEFA+BHBA;0.734,261.8
10 21,1+TP+ALB+AST+NEFA+BHBA;0.734,259.273,1+ALB+BUN+AST+NEFA+ T-BIL; 0.734,256.709,
1+ALB+BUN+ALT + TG+TCHO; 0.734,258.892,1+A
LB+AST+ALT+NEFA+Glc;0.734,259.306,1+ALB+BUN+AST+NEFA+TCHO;0.
734,262.268,1+ALB+Ca+AST+NEFA+TG;0.734,262.519,1+ALB+AST+NE
FA+BHBA+Glc;0.734,258.903,1+ALB+AST+ALT+NEFA+BHBA;0.734,259. 338,1+ALB+BUN+AST+gGT+T-
15 BIL;0.734,258.852,1+ALB+AST+ALT+NEF A+TG;0.734,261.636,1+TP+ALB+Ca+AST+NEFA;0.734,262.494,1+ALB
+AST+NEFA+T-BIL+Glc;0.734,259.199,1+ALB+BUN+Ca+AST+T-BIL;0.
734,262.426,1+ALB+AST+NEFA+Glc+TG;0.734,258.333,1+ALB+AST+A
LT+NEFA+TCHO;0.733,262.229,1+ALB+AST+gGT+NEFA+TG;0.733,258. 909,1+ALB+AST+ALT+NEFA+T-
BIL;0.733,262.356,1+ALB+Ca+AST+NEF A+Glc;0.733,259.053,1+TP+ALB+AST+ALT+T-BIL;0.733,258.655,1+
20 ALB+Ca+AST+ALT+NEFA;0.733,259.472,1+ALB+BUN+AST+T-BIL+BHBA;
0.733,262.355,1+ALB+Ca+AST+NEFA+BHBA;0.733,262.326,1+ALB+Ca +AST+NEFA+T-
BIL;0.733,262.289,1+ALB+AST+gGT+NEFA+Glc;0.733,
261.814,1+ALB+AST+NEFA+TG+TCHO;0.733,261.175,1+TP+ALB+AST+N
EFA+TCHO;0.733,258.596,1+TP+ALB+BUN+AST+T-BIL;0.733,262.493, 1+ALB+AST+NEFA+T-
25 BIL+BHBA;0.733,259.200,1+ALB+BUN+AST+T-BIL +TCHO;0.732,262.287,1+ALB+AST+gGT+NEFA+T-
BIL;0.732,262.302, 1+ALB+AST+gGT+NEFA+BHBA;0.732,262.121,1+ALB+BUN+AST+BHBA+GI
c;0.732,261.780,1+TP+ALB+AST+gGT+NEFA;0.732,258.790,1+ALB+A
ST+ALT+gGT+NEFA;0.732,258.795,1+ALB+AST+ALT+T-BIL+TCHO;0.73
1,262.118,1+ALB+Ca+AST+gGT+NEFA;0.731,259.109,1+TP+ALB+ALT+
30 NEFA+TCHO;0.731,261.894,1+ALB+AST+NEFA+T-BIL+TCHO;0.731,261.
903,1+ALB+AST+NEFA+Glc+TCHO;0.731,259.831,1+ALB+Ca+AST+ALT+
BHBA;0.731,259.282,1+TP+ALB+Ca+ALT+NEFA;0.731,259.420,1+ALB
+Ca+AST+ALT+TCHO;0.731,259.464,1+ALB+AST+ALT+BHBA+TCHO;0.73
0,261.904,1+ALB+AST+NEFA+BHBA+TCHO;0.730,259.081,1+ALB+Ca+A ST+ALT+T-
35 BIL;0.730,259.386,1+ALB+AST+ALT+T-BIL+TG;0.730,259. 383,1+ALB+AST+ALT+T-
BIL+Glc;0.730,259.385,1+ALB+AST+ALT+T-B
IL+BHBA;0.730,259.631,1+TP+ALB+ALT+gGT+NEFA;0.730,259.643,1
+TP+ALB+ALT+NEFA+TG;0.730,259.628,1+TP+ALB+ALT+NEFA+BHBA;0.
730,259.655,1+TP+ALB+ALT+NEFA+T-BIL;0.730,259.713,1+ALB+AST
40 +ALT+TG+TCHO;0.730,259.638,1+TP+ALB+ALT+NEFA+Glc;0.730,263. 126,1+TP+ALB+AST+T-
BIL+TG;0.729,260.065,1+ALB+AST+ALT+BHBA+
TG;0.729,260.117,1+ALB+AST+ALT+BHBA+Glc;0.729,263.118,1+TP+ ALB+AST+T-
BIL+Glc;0.729,263.128,1+TP+ALB+AST+gGT+T-BIL;0.72
9,259.802,1+TP+ALB+AST+ALT+BHBA;0.729,262.856,1+TP+ALB+Ca+A ST+T-
45 BIL;0.729,261.277,1+TP+ALB+BUN+AST+BHBA;0.729,260.036, 1+TP+ALB+ALT+gGT+T-
BIL;0.729,259.881,1+ALB+AST+ALT+gGT+TCH
O;0.729,262.070,1+ALB+BUN+AST+gGT+BHBA;0.729,261.735,1+ALB+
Ca+AST+NEFA+TCHO;0.729,259.798,1+ALB+AST+ALT+Glc+TCHO;0.729, 259.347,1+ALB+AST+ALT+gGT+T-
BIL;0.729,263.657,1+ALB+AST+T-B IL+BHBA+Glc;0.729,263.102,1+TP+ALB+AST+T-BIL+BHBA;0.729,261.
50 873,1+ALB+BUN+AST+BHBA+TCHO;0.729,261.869,1+ALB+BUN+Ca+AST+ BHBA; 0.729,260.240, 1 +
TP+ALB+AST+ALT+Glc; 0.729,260.183,1 + TP+
ALB+AST+ALT+TG;0.729,259.953,1+ALB+Ca+AST+ALT+TG;0.728,263. 657,1+ALB+AST+T-
BIL+BHBA+TG;0.728,259.691,1+TP+ALB+Ca+ALT+T -
BIL;0.728,260.329,1+TP+ALB+AST+ALT+gGT;0.728,260.052,1+ALB
55 +Ca+AST+ALT+Glc;0.728,262.082,1+TP+ALB+BUN+AST+Glc;0.728,25
9.766,1+TP+ALB+AST+ALT+TCHO;0.728,260.100,1+TP+ALB+ALT+T-BI L+TG;0.728,263.747,1+ALB+AST+T-
BIL+Glc+TG;0.728,263.491,1+A LB+Ca+AST+T-BIL+Glc;0.728,260.415,1+ALB+AST+ALT+gGT+Glc;0.7
28,260.308,1+ALB+AST+ALT+Glc+TG;0.728,262.666,1+ALB+BUN+AST
+gGT+Glc;0.728,262.308,1+ALB+BUN+Ca+AST+Glc;0.728,259.892,1 +ALB+ALT+NEFA+T-
60 BIL+Glc;0.728,259.895,1+ALB+ALT+gGT+NEFA+GI
c;0.728,260.099,1+ALB+AST+ALT+gGT+BHBA;0.728,259.325,1+ALB+
ALT+NEFA+Glc+TCHO;0.728,259.831,1+TP+ALB+Ca+AST+ALT;0.728,2
61.621,1+TP+ALB+BUN+Ca+AST;0.728,260.047,1+ALB+Ca+AST+ALT+g GT ,-0.728,259.894,
1+ALB+ALT+NEFA+BHBA+Glc; 0.728,261.656, 1+AL
65 B+AST+gGT+NEFA+TCHO;0.728,260.305,1+ALB+ALT+gGT+T-BIL+TG;0.
727,260.167,1+TP+ALB+ALT+TG+TCHO;0.727,260.712,1+TP+ALB+ALT

+gGT+TG;0.727,259.750,1+ALB+ALT+gGT+T-BIL+TCHO;0.727,263.533,1+ALB+Ca+AST+T-BIL+TG;0.727,262.688,1+TP+ALB+AST+T-BIL+TCHO;0.727,260.298,1+TP+ALB+ALT+gGT+TCHO;0.727,260.105,1+TP+ALB+ALT+T-BIL+BHBA;0.727,260.306,1+ALB+ALT+gGT+T-BIL+BHBA;0.727,259.326,1+ALB+ALT+NEFA+TG+TCHO;0.727,259.331,1+ALB+ALT+gGT+NEFA+TCHO;0.727,260.106,1+TP+ALB+ALT+T-BIL+Glc;0.727,262.037,1+ALB+BUN+AST+BHBA+TG;0.727,260.381,1+ALB+AST+ALT+gGT+TG;0.727,260.320,1+ALB+ALT+T-BIL+BHBA+TG;0.727,259.879,1+ALB+ALT+NEFA+Glc+TG;0.727,260.319,1+ALB+ALT+T-BIL+BHBA+Glc;0.727,259.761,1+ALB+ALT+T-BIL+TG+TCHO;0.727,262.435,1+ALB+BUN+AST+Glc+TCHO;0.727,260.303,1+ALB+ALT+gGT+T-BIL+Glc;0.727,259.567,1+ALB+Ca+ALT+NEFA+TG;0.727,259.893,1+ALB+ALT+gGT+NEFA+TG;0.727,263.376,1+ALB+Ca+AST+T-BIL+BHBA;0.727,262.289,1+ALB+BUN+Ca+AST+gGT;0.727,259.912,1+ALB+ALT+gGT+NEFA+T-BIL;0.727,263.612,1+ALB+AST+gGT+T-BIL+BHBA;0.727,260.471,1+TP+ALB+ALT+gGT+BHBA;0.727,259.327,1+ALB+ALT+NEFA+BHBA+TCHO;0.727,259.329,1+ALB+ALT+NEFA+T-BIL+TCHO;0.727,259.617,1+TP+ALB+ALT+T-BIL+TCHO;0.727,260.315,1+ALB+ALT+T-BIL+Glc+TG;0.727,259.894,1+ALB+ALT+NEFA+T-BIL+TG;0.727,263.692,1+ALB+AST+gGT+T-BIL+Glc;0.726,259.780,1+ALB+ALT+T-BIL+BHBA+TCHO;0.726,259.931,1+ALB+Ca+ALT+T-BIL+BHBA;0.726,259.940,1+ALB+Ca+ALT+gGT+T-BIL;0.726,259.779,1+ALB+ALT+T-BIL+Glc+TCHO;0.726,265.672,1+TP+ALB+Ca+AST+BHBA;0.726,259.400,1+ALB+Ca+ALT+T-BIL+TCHO;0.726,265.946,1+TP+ALB+AST+BHBA+Glc;0.726,263.099,1+ALB+Ca+AST+T-BIL+TCHO;0.726,259.907,1+ALB+ALT+gGT+NEFA+BHBA;0.726,263.697,1+ALB+AST+gGT+T-BIL+TG;0.726,259.579,1+ALB+Ca+ALT+gGT+NEFA;0.726,263.315,1+ALB+AST+T-BIL+TG+TCHO;0.726,259.890,1+ALB+ALT+NEFA+BHBA+TG;0.726,259.578,1+ALB+Ca+ALT+NEFA+BHBA;0.726,259.996,1+TP+ALB+ALT+BHBA+TCHO;0.726,265.946,1+TP+ALB+AST+gGT+BHBA;0.726,259.004,1+ALB+Ca+ALT+NEFA+TCHO;0.726,259.941,1+ALB+Ca+ALT+T-BIL+TG;0.726,259.901,1+ALB+ALT+NEFA+T-BIL+BHBA;0.726,263.300,1+ALB+AST+T-BIL+Glc+TCHO;0.726,260.418,1+TP+ALB+ALT+BHBA+TG;0.726,262.516,1+ALB+BUN+AST+Glc+TG;0.726,260.674,1+ALB+ALT+gGT+BHBA+TG;0.726,260.773,1+TP+ALB+ALT+gGT+Glc;0.726,259.579,1+ALB+Ca+ALT+NEFA+Glc;0.726,259.578,1+ALB+Ca+ALT+NEFA+T-BIL;0.726,263.467,1+ALB+Ca+AST+gGT+T-BIL;0.726,260.666,1+TP+ALB+ALT+Glc+TG;0.726,260.143,1+ALB+ALT+gGT+BHBA+TCHO;0.726,263.214,1+ALB+AST+T-BIL+BHBA+TCHO;0.726,260.829,1+ALB+ALT+gGT+Glc+TG;0.725,260.363,1+ALB+ALT+gGT+Glc+TCHO;0.725,262.202,1+TP+ALB+BUN+AST+gGT;0.725,260.332,1+TP+ALB+Ca+ALT+gGT;0.725,259.844,1+TP+ALB+Ca+ALT+TCHO;0.725,260.213,1+ALB+ALT+Glc+TG+TCHO;0.725,259.940,1+ALB+Ca+ALT+T-BIL+Glc;0.725,260.041,1+ALB+ALT+BHBA+TG+TCHO;0.725,260.306,1+TP+ALB+ALT+Glc+TCHO;0.725,260.264,1+ALB+ALT+gGT+TG+TCHO

[25. Fórmula con seis variables de bioquímica]

0.743,257.619,1+TP+ALB+BUN+AST+ALT+NEFA;0.742,257.680,1+ALB+BUN+AST+ALT+T-BIL+TG;0.741,258.010,1+ALB+BUN+AST+ALT+NEFA+TG;0.741,257.432,1+ALB+BUN+Ca+AST+ALT+T-BIL;0.741,257.757,1+TP+ALB+BUN+Ca+ALT+NEFA;0.740,257.900,1+ALB+BUN+ALT+T-BIL+TG+TCHO;0.740,257.768,1+ALB+BUN+Ca+AST+ALT+NEFA;0.740,257.726,1+ALB+BUN+AST+ALT+T-BIL+Glc;0.740,257.283,1+ALB+BUN+AST+ALT+T-BIL+TCHO;0.740,257.504,1+ALB+BUN+Ca+ALT+T-BIL+TCHO;0.740,257.637,1+ALB+BUN+AST+ALT+NEFA+TCHO;0.740,257.876,1+TP+ALB+BUN+ALT+T-BIL+Glc;0.740,257.931,1+TP+ALB+BUN+ALT+NEFA+T-BIL;0.740,257.754,1+ALB+BUN+AST+ALT+T-BIL+BHBA;0.740,257.772,1+ALB+BUN+AST+ALT+NEFA+T-BIL;0.740,257.931,1+ALB+BUN+ALT+gGT+T-BIL+TCHO;0.740,257.892,1+TP+ALB+BUN+ALT+T-BIL+TG;0.740,258.288,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+T-BIL+TG;0.740,257.651,1+ALB+BUN+AST+ALT+gGT+T-BIL;0.740,257.880,1+ALB+BUN+Ca+AST+ALT+TCHO;0.740,257.922,1+TP+ALB+BUN+ALT+gGT+T-BIL;0.740,257.243,1+TP+ALB+BUN+AST+ALT+T-BIL;0.740,257.999,1+ALB+BUN+AST+ALT+NEFA+Glc;0.740,258.380,1+ALB+BUN+Ca+AST+ALT+Glc;0.740,257.453,1+TP+ALB+BUN+Ca+ALT+T-BIL;0.740,258.565,1+ALB+BUN+ALT+gGT+NEFA+TG;0.740,258.343,1+ALB+BUN+AST+ALT+BHBA+Glc;0.740,258.182,1+ALB+BUN+Ca+ALT+gGT+NEFA;0.740,257.931,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+T-BIL+TCHO;0.740,258.291,1+ALB+BUN+ALT+gGT+T-BIL+TG;0.740,257.928,1+ALB+BUN+AST+ALT+NEFA+BHBA;0.740,257.933,1+ALB+BUN+Ca+ALT+NEFA+T-BIL;0.740,257.587,1+TP+ALB+BUN+ALT+T-BIL+TCHO;0.739,258.266,1+ALB+BUN+ALT+T-BIL+BHBA+TG;0.739,261.515,1+ALB+BUN+AST+NEFA+Glc+TG;0.739,258.165,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+TG+TCHO;0.739,258.191,1+ALB+BUN+ALT+gGT+NEFA+TCHO;0.739,257.768,1+ALB+BUN+Ca+ALT+NEFA+TCHO;0.739,257.925,1+ALB+BUN+Ca+ALT+T-BIL+Glc;0.739,258.286,1+ALB+BUN+ALT+gGT+T-BIL+Glc;0.739,258.248,1+ALB+BUN+ALT+T-BIL+Glc+TG;0.739,258.247,1+TP+ALB+BUN+Ca+ALT+Glc;0.739,257.809,1+ALB+BUN+AST+ALT+BHBA+TCHO;0.739,257.865,1+TP+ALB+BUN+ALT+NEFA+TCHO;0.739,257.929,1+ALB+BUN+Ca+ALT+T-BIL+BHBA;0.739,257.875,1+ALB+BUN+ALT+T-BIL+Glc+TCHO;0.739,258.307,1+ALB+BUN+ALT+gGT+T-BIL+BHBA;0.739,258.123,1+TP+ALB+BUN+ALT+NEFA+Glc;0.739,258.004,1+TP+ALB+BUN+Ca

- +AST+ALT;0.739,257.882,1+ALB+BUN+ALT+T-BIL+BHBA+TCHO;0.739,258.198,1+TP+ALB+BUN+ALT+NEFA+TG;0.739,258.495,1+ALB+BUN+ALT+gGT+NEFA+Glc;0.739,258.244,1+TP+ALB+BUN+ALT+gGT+NEFA;0.739,258.172,1+ALB+BUN+Ca+ALT+NEFA+Glc;0.739,258.315,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+T-BIL+BHBA;0.739,258.168,1+ALB+BUN+Ca+ALT+NEFA+T G;0.739,257.837,1+TP+ALB+BUN+ALT+T-BIL+BHBA;0.739,257.939,1+ALB+BUN+AST+ALT+gGT+NEFA;0.739,258.089,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Glc+TCHO;0.738,257.861,1+TP+ALB+BUN+Ca+ALT+BHBA;0.738,258.346,1+ALB+BUN+ALT+gGT+NEFA+T-BIL;0.738,258.292,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+T-BIL+Glc;0.738,257.920,1+ALB+BUN+Ca+ALT+gGT+T-BIL;0.738,257.937,1+TP+ALB+BUN+ALT+NEFA+BHBA;0.738,258.103,1+ALB+BUN+Ca+ALT+NEFA+BHBA;0.738,258.203,1+TP+ALB+BUN+ALT+BHBA+Glc;0.738,258.272,1+ALB+BUN+AST+ALT+gGT+BHBA;0.738,257.892,1+TP+ALB+BUN+Ca+ALT+TCHO;0.738,258.432,1+ALB+BUN+Ca+AST+ALT+T G;0.738,257.890,1+ALB+BUN+Ca+ALT+T-BIL+TG;0.738,258.275,1+ALB+BUN+ALT+T-BIL+BHBA+Glc;0.738,258.469,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Glc+TG;0.738,258.207,1+ALB+BUN+AST+ALT+Glc+TCHO;0.738,258.405,1+ALB+BUN+AST+ALT+BHBA+TG;0.738,257.834,1+TP+ALB+BUN+AST+ALT+BHBA;0.738,258.292,1+TP+ALB+BUN+Ca+ALT+gGT;0.738,261.422,1+ALB+BUN+Ca+AST+NEFA+Glc;0.738,257.847,1+TP+ALB+BUN+ALT+BHBA+TCHO;0.738,258.454,1+TP+ALB+BUN+ALT+TG+TCHO;0.738,258.645,1+ALB+BUN+Ca+ALT+gGT+TG;0.738,258.158,1+ALB+BUN+Ca+ALT+TG+TCHO;0.737,258.351,1+ALB+BUN+Ca+AST+ALT+gGT;0.737,257.992,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+BHBA+TCHO;0.737,258.115,1+TP+ALB+BUN+AST+ALT+TCHO;0.737,258.264,1+TP+ALB+BUN+Ca+ALT+TG;0.737,258.420,1+ALB+BUN+ALT+gGT+NEFA+BHBA;0.737,258.183,1+ALB+BUN+Ca+ALT+gGT+TCHO;0.737,258.227,1+ALB+BUN+ALT+gGT+BHBA+TCHO;0.737,258.652,1+ALB+BUN+ALT+gGT+BHBA+Glc;0.737,261.571,1+ALB+BUN+AST+NEFA+BHBA+Glc;0.737,258.131,1+ALB+BUN+Ca+ALT+Glc+TCHO;0.737,258.246,1+TP+ALB+BUN+ALT+gGT+BHBA;0.737,258.749,1+ALB+BUN+AST+ALT+Glc+TG;0.737,260.807,1+TP+ALB+BUN+AST+NEFA+TG;0.737,258.393,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+BHBA+TG;0.737,261.495,1+ALB+BUN+AST+NEFA+BHBA+TG;0.737,258.391,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+BHBA+Glc;0.737,258.227,1+ALB+BUN+ALT+BHBA+TG+TCHO;0.737,258.095,1+ALB+BUN+Ca+AST+ALT+BHBA;0.737,258.530,1+ALB+BUN+ALT+Glc+TG+TCHO;0.737,258.542,1+TP+ALB+BUN+AST+ALT+TG;0.737,258.682,1+ALB+BUN+AST+ALT+gGT+Glc;0.737,258.562,1+ALB+BUN+ALT+gGT+Glc+TCHO;0.737,258.867,1+TP+ALB+BUN+ALT+gGT+TG;0.737,258.549,1+TP+ALB+BUN+AST+ALT+gGT;0.737,258.348,1+ALB+BUN+Ca+ALT+gGT+BHBA;0.737,261.344,1+ALB+BUN+Ca+AST+NEFA+TG;0.737,258.605,1+ALB+BUN+Ca+ALT+Glc+TG;0.736,261.350,1+ALB+BUN+AST+gGT+NEFA+Glc;0.736,261.399,1+ALB+BUN+Ca+AST+NEFA+BHBA;0.736,261.345,1+ALB+BUN+AST+gGT+NEFA+TG;0.736,258.603,1+ALB+BUN+Ca+ALT+gGT+Glc;0.736,258.481,1+TP+ALB+BUN+ALT+gGT+TCHO;0.736,258.242,1+TP+ALB+BUN+ALT+BHBA+TG;0.736,261.319,1+ALB+BUN+ALT+gGT+NEFA+BHBA;0.736,263.728,1+TP+ALB+AST+NEFA+T-BIL+TG;0.736,258.360,1+ALB+BUN+Ca+ALT+BHBA+Glc;0.736,258.694,1+TP+ALB+BUN+ALT+Glc+TG;0.736,258.397,1+TP+ALB+BUN+AST+ALT+Glc;0.736,258.176,1+ALB+BUN+ALT+BHBA+Glc+TCHO;0.736,259.010,1+ALB+BUN+ALT+gGT+Glc+TG;0.736,258.366,1+ALB+BUN+AST+ALT+TG+TCHO;0.736,258.332,1+TP+ALB+BUN+ALT+Glc+TCHO;0.736,261.175,1+ALB+BUN+AST+NEFA+TG+TCHO;0.736,258.723,1+TP+ALB+BUN+ALT+gGT+Glc;0.736,258.713,1+ALB+BUN+ALT+gGT+BHBA+TG;0.736,263.746,1+TP+ALB+AST+NEFA+BHBA+TG;0.736,258.672,1+ALB+BUN+ALT+BHBA+Glc+TG;0.736,258.345,1+ALB+BUN+AST+ALT+gGT+TCHO;0.736,258.375,1+ALB+BUN+Ca+ALT+BHBA+TG;0.736,260.309,1+ALB+AST+ALT+NEFA+BHBA+TCHO;0.736,260.586,1+TP+ALB+BUN+Ca+AST+NEFA;0.736,260.825,1+TP+ALB+BUN+AST+NEFA+Glc;0.736,260.021,1+TP+ALB+AST+ALT+NEFA+TCHO;0.736,261.244,1+ALB+BUN+AST+NEFA+T-BIL+Glc;0.736,260.223,1+TP+ALB+Ca+AST+ALT+NEFA;0.736,264.399,1+ALB+AST+NEFA+T-BIL+Glc+TG;0.735,257.866,1+ALB+BUN+Ca+ALT+BHBA+TCHO;0.735,261.172,1+ALB+BUN+Ca+AST+gGT+NEFA;0.735,261.127,1+ALB+BUN+AST+NEFA+T-BIL+TG;0.735,260.470,1+TP+ALB+AST+ALT+NEFA+TG;0.735,260.498,1+TP+ALB+AST+ALT+NEFA+Glc;0.735,263.766,1+TP+ALB+AST+NEFA+Glc+TG;0.735,261.242,1+ALB+BUN+AST+NEFA+Glc+TCHO;0.735,261.405,1+ALB+BUN+AST+T-BIL+BHBA+TG;0.735,260.671,1+TP+ALB+BUN+AST+NEFA+BHBA;0.735,260.511,1+TP+ALB+AST+ALT+NEFA+T-BIL;0.735,263.802,1+TP+ALB+AST+NEFA+T-BIL+BHBA;0.735,261.298,1+ALB+BUN+AST+gGT+T-BIL+TG;0.735,264.392,1+ALB+AST+NEFA+T-BIL+BHBA+TG;0.735,261.054,1+ALB+BUN+AST+gGT+NEFA+T-BIL;0.735,263.818,1+TP+ALB+AST+NEFA+BHBA+Glc;0.735,263.805,1+TP+ALB+AST+NEFA+T-

BIL+Glc;0.735,260.311,1+ALB+AST+ALT+NEFA+
 Glc+TCHO;0.735,263.566,1+TP+ALB+Ca+AST+NEFA+TG;0.735,260.46
 4,1+TP+ALB+AST+ALT+NEFA+BHBA;0.735,260.480,1+TP+ALB+AST+ALT
 +gGT+NEFA;0.735,261.417,1+ALB+BUN+AST+T-BIL+Glc+TG;0.735,26
 5 0.821,1+TP+ALB+BUN+AST+gGT+NEFA;0.735,261.148,1+ALB+BUN+Ca+ AST+T-
 BIL+TG;0.735,261.221,1+ALB+BUN+AST+NEFA+BHBA+TCHO;0.7
 35,260.299,1+ALB+AST+ALT+NEFA+TG+TCHO;0.735,258.707,1+ALB+B
 UN+ALT+gGT+TG+TCHO;0.734,260.388,1+TP+ALB+BUN+AST+NEFA+T-BI L ;
 0.734,263.622,1+TP+ALB+Ca+AST+NEFA+BHBA; 0.734,258.850,1+A
 10 LB+BUN+AST+ALT+gGT+TG;0.734,264.268,1+ALB+Ca+AST+NEFA+Glc+T
 G;0.734,260.446,1+TP+ALB+BUN+AST+NEFA+TCHO;0.734,261.162,1+ ALB+BUN+Ca+AST+T-
 BIL+BHBA;0.734,260.901,1+ALB+AST+ALT+NEFA+ T-
 BIL+BHBA;0.734,261.014,1+ALB+BUN+AST+gGT+NEFA+TCHO;0.734, 261.273,1+ALB+BUN+AST+NEFA+T-
 BIL+BHBA;0.734,261.332,1+ALB+B UN+AST+gGT+T-BIL+BHBA;0.734,260.887,1+ALB+AST+ALT+NEFA+T-BI
 15 L+Glc;0.734,261.323,1+ALB+BUN+AST+gGT+T-BIL+Glc;0.734,263.7
 11,1+TP+ALB+AST+gGT+NEFA+TG;0.734,264.237,1+ALB+Ca+AST+NEFA +T-
 BIL+TG;0.734,263.594,1+TP+ALB+Ca+AST+NEFA+T-BIL;0.734,26
 3.092,1+TP+ALB+AST+NEFA+TG+TCHO;0.734,260.552,1+TP+ALB+BUN+ AST+T-
 BIL+TG;0.734,263.636,1+TP+ALB+Ca+AST+NEFA+Glc;0.734,2 60.245,1+TP+ALB+BUN+Ca+AST+T-
 20 BIL;0.734,260.063,1+ALB+Ca+AST +ALT+NEFA+TCHO;0.734,260.885,1+ALB+AST+ALT+NEFA+BHBA+Glc;O.
 734,264.426,1+ALB+AST+NEFA+BHBA+Glc+TG;0.734,261.015,1+ALB+ BUN+Ca+AST+NEFA+T-
 BIL;0.734,261.199,1+ALB+BUN+Ca+AST+T-BIL+ Glc;0.734,261.452,1+ALB+BUN+AST+T-
 BIL+BHBA+Glc;0.734,264.48 5,1+ALB+AST+NEFA+T-BIL+BHBA+Glc;0.734,261.158,1+ALB+BUN+AST +T-
 BIL+TG+TCHO;0.734,261.195,1+ALB+BUN+AST+T-BIL+Glc+TCHO;0. 734,260.324,1+ALB+AST+ALT+NEFA+T-
 25 BIL+TCHO; 0.734,260.829,1+A LB+AST+ALT+NEFA+Glc+TG;0.734,260.838,1+ALB+AST+ALT+NEFA+BHB
 A+TG;0.734,260.840,1+ALB+AST+ALT+NEFA+T-BIL+TG;0.734,264.22
 7,1+ALB+AST+gGT+NEFA+BHBA+TG;0.734,261.046,1+ALB+BUN+Ca+AST
 +NEFA+TCHO;0.734,260.591,1+TP+ALB+BUN+AST+T-BIL+BHBA;0.734, 260.934,1+ALB+BUN+AST+NEFA+T-
 BIL+TCHO;0.734,264.266,1+ALB+C a+AST+NEFA+BHBA+TG;0.734,263.159,1+TP+ALB+AST+NEFA+BHBA+TCH
 30 O; 0.734,260.585,1 + TP+ALB+BUN+AST + T-BIL+Glc; 0.733,261.048,1 + TP+ALB+AST+ALT+T-
 BIL+BHBA;0.733,263.765,1+TP+ALB+AST+gGT+NE FA+Glc;0.733,264.210,1+ALB+AST+gGT+NEFA+T-
 BIL+TG;0.733,260. 918,1+ALB+BUN+Ca+AST+T-BIL+TCHO;0.733,263.161,1+TP+ALB+AST+ NEFA+T-
 BIL+TCHO;0.733,260.653,1+ALB+Ca+AST+ALT+NEFA+Glc;0.7 33,260.653, 1+ALB+Ca+AST+ALT+NEFA+BHBA;
 0.733,261.050, 1 + TP+AL B+AST+ALT+T-BIL+Glc;0.733,264.354,1+ALB+Ca+AST+NEFA+BHBA+GI c;
 35 0.733,261.053,1+TP+ALB+AST+ALT+T-BIL+TG; 0.733,260.576,1 + T P+ALB+BUN+AST+gGT+T-
 BIL;0.733,263.744,1+TP+ALB+AST+gGT+NEFA +BHBA; 0.733,263.805, 1+ALB+AST+NEFA+T-BIL+TG+TCHO;
 0.733,2 60. 601,1+ALB+Ca+AST+ALT+NEFA+TG;0.733,263.814,1+ALB+AST+NEFA+G
 lc+TG+TCHO;0.733,261.037,1+ALB+BUN+Ca+AST+gGT+T-BIL;0.733,2 64.326,1+ALB+Ca+AST+NEFA+T-
 BIL+Glc;0.733,263.745,1+TP+ALB+A ST+gGT+NEFA+T-BIL;0.733,261.187,1+ALB+BUN+AST+T-BIL+BHBA+TC
 40 HO;0.733,263.174,1+TP+ALB+AST+NEFA+Glc+TCHO;0.733,263.556,1
 +TP+ALB+Ca+AST+gGT+NEFA;0.733,264.217,1+ALB+AST+gGT+NEFA+GI
 c+TG;0.733,260.734,1+ALB+AST+ALT+gGT+NEFA+TG;0.733,264.289,
 1+ALB+AST+gGT+NEFA+BHBA+Glc;0.733,264.278,1+ALB+AST+gGT+NEF A+T-
 BIL+Glc;0.733,263.813,1+ALB+AST+NEFA+BHBA+TG+TCHO;0.733, 260.646,1+ALB+Ca+AST+ALT+NEFA+T-
 45 BIL;0.733,260.758,1+ALB+AST +ALT+gGT+NEFA+Glc;0.733,260.559,1+TP+ALB+AST+ALT+T-BIL+TCH
 O;0.732,261.050,1+TP+ALB+AST+ALT+gGT+T-BIL;0.732,262.963,1+
 TP+ALB+Ca+AST+NEFA+TCHO;0.732,264.286,1+ALB+AST+gGT+NEFA+T-
 BIL+BHBA;0.732,260.792,1+ALB+AST+ALT+T-BIL+Glc+TCHO;0.732,2
 60.231,1+ALB+AST+ALT+gGT+NEFA+TCHO;0.732,260.480,1+ALB+Ca+A ST+ALT+T-
 50 BIL+TCHO;0.732,261.060,1+ALB+BUN+AST+gGT+T-BIL+TCH
 O;0.732,264.049,1+ALB+Ca+AST+gGT+NEFA+TG;0.732,264.305,1+AL B+Ca+AST+NEFA+T-
 BIL+BHBA;0.732,260.795,1+ALB+AST+ALT+T-BIL+
 BHBA+TCHO;0.732,260.785,1+ALB+AST+ALT+gGT+NEFA+T-BIL;0.732,
 263.653,1+ALB+Ca+AST+NEFA+TG+TCHO;0.732,261.264,1+TP+ALB+Ca
 55 +ALT+gGT+NEFA;0.732,260.794,1+ALB+AST+ALT+T-BIL+TG+TCHO;0.7
 32,260.705,1+TP+ALB+Ca+AST+ALT+T-BIL;0.731,260.315,1+TP+ALB +BUN+AST+T-
 BIL+TCHO;0.731,264.014,1+ALB+BUN+AST+gGT+BHBA+GI c ; 0.731,261.406, 1+ALB+Ca+AST+ALT+Glc+TCHO;
 0.731,260.767,1+A LB+AST+ALT+gGT+NEFA+BHBA;0.731,264.117,1+ALB+Ca+AST+gGT+NEF
 A+Glc;0.731,261.351,1+ALB+AST+ALT+BHBA+TG+TCHO;0.731,263.24
 60 4,1+TP+ALB+BUN+AST+BHBA+Glc;0.731,260.514,1+ALB+Ca+AST+ALT+
 gGT+NEFA;0.731,264.118,1+ALB+Ca+AST+gGT+NEFA+BHBA;0.731,261.
 602,1+TP+ALB+ALT+gGT+NEFA+BHBA;0.731,261.614,1+TP+ALB+ALT+g
 GT+NEFA+TG;0.731,261.087,1+TP+ALB+ALT+gGT+NEFA+TCHO;0.731,2 60.775,1+ALB+AST+ALT+gGT+T-
 BIL+TCHO;0.731,261.249,1+ALB+Ca+ AST+ALT+TG+TCHO;0.731,264.103,1+ALB+Ca+AST+gGT+NEFA+T-BIL;0.
 65 731,261.155, 1+ALB+Ca+AST+ALT+BHBA+TCHO; 0.731,261.281,1 + TP+A LB+Ca+ALT+NEFA+T-
 BIL;0.731,264.794,1+TP+ALB+Ca+AST+T-BIL+BH

- BA;0.731,263.902,1+ALB+AST+NEFA+BHBA+Glc+TCHO;0.731,261.614,
1+TP+ALB+ALT+gGT+NEFA+Glc;0.731,261.830,1+ALB+Ca+AST+ALT+BH
BA+Glc;0.731,261.106,1+TP+ALB+ALT+NEFA+T-BIL+TCHO;0.731,261.
281,1+TP+ALB+Ca+ALT+NEFA+Glc;0.731,263.894,1+ALB+AST+NEFA+T -
- 5 BIL+Glc+TCHO;0.731,261.451,1+ALB+AST+ALT+BHBA+Glc+TCHO;0.7 31,261.081,1+ALB+Ca+AST+ALT+T-
BIL+TG;0.730,261.104,1+TP+ALB +ALT+NEFA+Glc+TCHO;0.730,261.752,1+ALB+Ca+AST+ALT+BHBA+TG;0.
730,261.612,1 + TP+ALB+ALT+NEFA+T-BIL+BHBA; 0.730,261.277,1 + TP
+ALB+Ca+ALT+NEFA+BHBA;0.730,263.584,1+ALB+AST+gGT+NEFA+TG+T CHO; 0.730,261.075,
1+ALB+Ca+AST+ALT + T-BIL+Glc; 0.730,261.643, 1+TP+ALB+ALT+NEFA+T-
- 10 BIL+TG;0.730,260.751,1+TP+ALB+Ca+ALT+NE FA+TCHO;0.730,261.383,1+ALB+AST+ALT+T-
BIL+BHBA+TG;0.730,261. 380,1+ALB+AST+ALT+T-BIL+BHBA+Glc;0.730,261.382,1+ALB+AST+AL T+T-
BIL+Glc+TG;0.730,261.089,1+TP+ALB+ALT+NEFA+BHBA+TCHO;0. 730,263.083, 1 +
TP+ALB+AST+gGT+NEFA+TCHO; 0.730,263.851,1+ALB+
BUN+Ca+AST+BHBA+Glc;0.730,261.630,1+TP+ALB+ALT+gGT+NEFA+T-B
- 15 IL;0.730,264.852,1+TP+ALB+Ca+AST+T-BIL+TG;0.730,263.887,1+A LB+AST+NEFA+T-
BIL+BHBA+TCHO;0.730,261.412,1+ALB+Ca+AST+ALT+ gGT+TCHO;0.730,262.033,1+TP+ALB+ALT+gGT+T-
BIL+TG;0.730,261. 104,1+TP+ALB+ALT+NEFA+TG+TCHO;0.730,263.834,1+ALB+BUN+AST+B
HBA+Glc+TCHO;0.730,261.481,1+TP+ALB+Ca+AST+ALT+BHBA;0.730,2 62.033,1+TP+ALB+ALT+gGT+T-
BIL+BHBA;0.730,261.571,1+TP+ALB+A
- 20 ST+ALT+TG+TCHO;0.730,262.942,1+TP+ALB+BUN+Ca+AST+BHBA;0.730, 261.635,1+TP+ALB+ALT+NEFA+T-
BIL+Glc;0.730,261.236,1+TP+ALB+ AST+ALT+BHBA+TCHO;0.730,261.793,1+TP+ALB+AST+ALT+BHBA+Glc;0.
730,261.707,1+TP+ALB+AST+ALT+BHBA+TG;0.730,263.972,1+ALB+BU
N+AST+BHBA+Glc+TG;0.730,264.801,1+TP+ALB+Ca+AST+T-BIL+Glc;0.
729,263.269,1+TP+ALB+BUN+AST+gGT+BHBA;0.729,261.621,1+TP+AL
- 25 B+ALT+NEFA+BHBA+Glc;0.729,261.343,1+ALB+AST+ALT+gGT+T-BIL+G lc;0.729,265.116,1+TP+ALB+AST+T-
BIL+Glc+TG;0.729,265.117,1+ TP+ALB+AST+gGT+T-BIL+Glc;0.729,261.618,1+TP+ALB+ALT+NEFA+BH
BA+TG;0.729,261.275,1+TP+ALB+Ca+ALT+NEFA+TG;0.729,261.636,1 +TP+ALB+Ca+ALT+gGT+T-
BIL;0.729,262.044,1+ALB+AST+ALT+BHBA+G
- 30 lc+TG;0.729,262.081,1+ALB+AST+ALT+gGT+BHBA+Glc;0.729,261.53 7,1+TP+ALB+ALT+gGT+T-
BIL+TCHO;0.729,261.794,1+ALB+AST+ALT+g GT+Glc+TCHO; 0.729, 261.347,1+ALB+AST+ALT+gGT+ T-
BIL+TG; 0.729, 264.854,1+TP+ALB+Ca+AST+gGT+T-BIL;0.729,261.031,1+ALB+Ca+AS T+ALT+gGT+T-
BIL;0.729,261.799,1+TP+ALB+AST+ALT+gGT+BHBA;0.7 29,261.347,1+ALB+AST+ALT+gGT+ T-BIL+BHBA;
0.729,265.125,1 + TP+ ALB+AST+gGT+T-BIL+TG;0.729,261.627,1+TP+ALB+ALT+NEFA+Glc+T
G;0.729,261.061,1+ALB+Ca+AST+ALT+T-BIL+BHBA;0.729,261.789,1
- 35 +ALB+Ca+AST+ALT+gGT+BHBA;0.729,262.034,1+TP+ALB+ALT+gGT+T-B
IL+Glc;0.729,261.448,1+ALB+AST+ALT+gGT+BHBA+TCHO;0.729,262.
014,1+ALB+AST+ALT+gGT+BHBA+TG;0.729,263.732,1+ALB+Ca+AST+NE
FA+Glc+TCHO;0.729,263.757,1+ALB+BUN+Ca+AST+gGT+BHBA;0.729,2
62.240,1+TP+ALB+AST+ALT+gGT+Glc;0.729,261.269,1+TP+ALB+Ca+A
- 40 ST+ALT+TCHO;0.729,265.098,1+TP+ALB+AST+T-BIL+BHBA+Glc;0.729, 265.102,1+TP+ALB+AST+gGT+T-
BIL+BHBA;0.729,265.101,1+TP+ALB+ AST+T-BIL+BHBA+TG;0.729,263.729,1+ALB+Ca+AST+NEFA+BHBA+TCH
O;0.729,263.727,1+ALB+Ca+AST+NEFA+T-BIL+TCHO;0.729,263.654,
1+ALB+AST+gGT+NEFA+Glc+TCHO;0.729,261.619,1+ALB+AST+ALT+Glc
+TG+TCHO;0.729,265.656,1+ALB+AST+T-BIL+BHBA+Glc+TG;0.729,26 4.416,1+TP+ALB+Ca+AST+T-
- 45 BIL+TCHO;0.728,262.094,1+TP+ALB+ALT +T-BIL+BHBA+TG;0.728,261.689,1+TP+ALB+Ca+ALT+T-BIL+BHBA;0.7
28,261.933,1+ALB+Ca+AST+ALT+Glc+TG;0.728,261.819,1+TP+ALB+C
a+AST+ALT+Glc;0.728,261.685,1+TP+ALB+AST+ALT+Glc+TCHO;0.728,
263.590,1+TP+ALB+BUN+Ca+AST+Glc;0.728,263.773,1+ALB+BUN+AST
+gGT+BHBA+TCHO;0.728,262.181,1+TP+ALB+AST+ALT+gGT+TG;0.728, 261.205,1+TP+ALB+Ca+ALT+T-
- 50 BIL+TCHO;0.728,261.319,1+ALB+ALT+
NEFA+Glc+TG+TCHO;0.728,261.701,1+ALB+AST+ALT+gGT+TG+TCHO;0.
728,262.085,1+TP+ALB+AST+ALT+Glc+TG;0.728,265.491,1+ALB+Ca+ AST+T-
BIL+Glc+TG;0.728,264.081,1+TP+ALB+BUN+AST+gGT+Glc;0.7
28,261.679,1+TP+ALB+Ca+AST+ALT+TG;0.728,261.737,1+ALB+ALT+g GT+T-
- 55 BIL+TG+TCHO;0.728,261.323,1+ALB+ALT+gGT+NEFA+Glc+TCHO;
0.728,264.238,1+ALB+BUN+Ca+AST+gGT+Glc; 0.728,261.677, 1 + TP+A LB+Ca+ALT+T-
BIL+TG;0.728,261.680,1+TP+ALB+Ca+ALT+T-BIL+Glc; 0.728,263.654,1+ALB+AST+gGT+NEFA+T-
BIL+TCHO;0.728,261.765,1 +TP+ALB+AST+ALT+gGT+TCHO;0.728,261.894,1+ALB+ALT+gGT+NEFA+B
HBA+Glc;0.728,261.892,1+ALB+ALT+gGT+NEFA+T-BIL+Glc;0.728,26 1.749,1+ALB+ALT+gGT+T-
- 60 BIL+Glc+TCHO;0.728,261.593,1+TP+ALB+A LT+T-
BIL+TG+TCHO;0.728,262.124,1+TP+ALB+ALT+gGT+TG+TCHO;0.7 28,264.686,1+TP+ALB+AST+gGT+T-
BIL+TCHO;0.728,261.914,1+ALB+ Ca+AST+ALT+gGT+TG;0.728,261.831,1+TP+ALB+Ca+AST+ALT+gGT;0.7
28,262.095,1+TP+ALB+ALT+T-BIL+Glc+TG;0.727,261.750,1+ALB+AL T+gGT+T-
- 65 BIL+BHBA+TCHO;0.727,263.656,1+ALB+AST+gGT+NEFA+BHBA
+TCHO;0.727,262.030,1+ALB+Ca+AST+ALT+gGT+Glc;0.727,261.382, 1+ALB+Ca+ALT+gGT+T-
BIL+TCHO;0.727,263.475,1+ALB+Ca+AST+gGT+

- NEFA+TCHO;0.727,263.571,1+ALB+BUN+Ca+AST+BHBA+TCHO;0.727,26
1.934,1+TP+ALB+ALT+gGT+BHBA+TCHO;0.727,262.304,1+ALB+ALT+gGT+T-
BIL+BHBA+TG;0.727,261.612,1+TP+ALB+ALT+T-BIL+BHBA+TCHO;
0.727,261.566,1+ALB+Ca+ALT+NEFA+Glc+TG;0.727,261.317,1+ALB+ALT+NEFA+T-
5 BIL+Glc+TCHO;0.727,264.679,1+TP+ALB+AST+T-BIL+TG
+TCHO;0.727,261.323,1+ALB+ALT+gGT+NEFA+TG+TCHO;0.727,262.301,1+ALB+ALT+gGT+T-
BIL+Glc+TG;0.727,263.619,1+TP+ALB+BUN+Ca+AST+gGT;0.727,262.103,1+TP+ALB+ALT+T-
BIL+BHBA+Glc;0.727,261.878,1+ALB+ALT+NEFA+BHBA+Glc+TG;0.727,261.761,1+ALB+ALT+T-BI
L+BHBA+TG+TCHO;0.727,261.323,1+ALB+ALT+NEFA+BHBA+Glc+TCHO;O.
10 727,262.241,1+TP+ALB+ALT+gGT+Glc+TCHO;0.727,261.878,1+ALB+A
LT+gGT+NEFA+Glc+TG;0.727,262.301,1+ALB+ALT+gGT+T-BIL+BHBA+G
1c;0.727,261.853,1+TP+ALB+ALT+BHBA+TG+TCHO;0.727,261.322,1+ALB+ALT+NEFA+T-
BIL+TG+TCHO;0.727,261.328,1+ALB+ALT+gGT+NEFA+T-
BIL+TCHO;0.727,261.567,1+ALB+Ca+ALT+gGT+NEFA+TG;0.727,26
15 1.566,1+ALB+Ca+ALT+NEFA+BHBA+TG;0.727,264.654,1+TP+ALB+AST+T-BIL+BHBA+TCHO;0.727,261.875,
1+ALB+ALT+NEFA+T-BIL+Glc+TG;0.727,265.612,1+ALB+AST+gGT+T-BIL+BHBA+TG;0.727,261.389,1+ALB
+Ca+ALT+T-BIL+BHBA+TCHO;0.727,262.983,1+TP+ALB+BUN+AST+BHBA
+TCHO;0.727,265.376,1+ALB+Ca+AST+T-BIL+BHBA+TG;0.727,264.38
0,1+ALB+BUN+AST+gGT+Glc+TCHO;0.727,261.892,1+ALB+ALT+gGT+NEFA+T-
20 BIL+TG;0.727,262.277,1+ALB+AST+ALT+gGT+Glc+TG;0.727,265.612,1+ALB+AST+gGT+T-
BIL+BHBA+Glc;0.727,261.758,1+ALB+ALT+T-
BIL+Glc+TG+TCHO;0.727,262.383,1+TP+ALB+ALT+gGT+BHBA+TG;0.727,262.314,1+ALB+ALT+T-
BIL+BHBA+Glc+TG;0.727,263.899,1+ALB+BUN+AST+gGT+BHBA+TG;0.727,261.886,1+ALB+ALT+NEFA+T-
BIL+BHBA+Glc;0.727,261.326,1+ALB+ALT+gGT+NEFA+BHBA+TCHO;0.727,261.616,1+TP+ALB+ALT+T-
25 BIL+Glc+TCHO;0.727,261.565,1+ALB+Ca+ALT+NEFA+T-BIL+TG;0.727,264.661,1+TP+ALB+AST+T-
BIL+Glc+TCHO;0.727,267.945,1+TP+ALB+AST+gGT+BHBA+Glc;0.726,261.002,1+ALB+Ca
+ALT+NEFA+TG+TCHO;0.726,264.016,1+ALB+BUN+Ca+AST+Glc+TCHO;0.726,265.362,1+ALB+Ca+AST+T-
BIL+BHBA+Glc;0.726,263.095,1+TP+ALB+BUN+AST+BHBA+TG;0.726,261.779,1+ALB+ALT+T-BIL+BHBA+Glc+
TCHO;0.726,263.215,1+TP+ALB+BUN+NEFA+T-BIL+TG;0.726,262.326,
30 1+TP+ALB+Ca+ALT+gGT+Glc;0.726,261.375,1+ALB+Ca+ALT+T-BIL+TG
+TCHO;0.726,261.322,1+ALB+ALT+NEFA+BHBA+TG+TCHO;0.726,261.312,1+ALB+ALT+NEFA+T-
BIL+BHBA+TCHO;0.726,264.109,1+ALB+BUN+C
a+AST+Glc+TG;0.726,267.672,1+TP+ALB+Ca+AST+gGT+BHBA;0.726,2
61.001,1+ALB+Ca+ALT+NEFA+Glc+TCHO;0.726,262.031,1+ALB+ALT+g
35 GT+BHBA+TG+TCHO;0.726,262.408,1+TP+ALB+ALT+BHBA+Glc+TG;0.726,261.884,1+ALB+ALT+NEFA+T-
BIL+BHBA+TG;0.726,261.888,1+ALB+ALT+gGT+NEFA+BHBA+TG;0.726,261.935,1+ALB+Ca+ALT+gGT+T-BIL+T
G;0.726,262.465,1+TP+ALB+ALT+gGT+BHBA+Glc;0.726,265.092,1+ALB+Ca+AST+T-
BIL+TG+TCHO;0.726,261.004,1+ALB+Ca+ALT+NEFA+BHBA
A+TCHO;0.726,261.577,1+ALB+Ca+ALT+gGT+NEFA+T-BIL;0.726,261.
40 578,1+ALB+Ca+ALT+gGT+NEFA+BHBA;0.726,262.635,1+TP+ALB+ALT+g
GT+Glc+TG;0.726,261.932,1+ALB+Ca+ALT+gGT+T-BIL+Glc;0.726,261.901,1+ALB+ALT+gGT+NEFA+T-
BIL+BHBA;0.726,265.690,1+ALB+AST+gGT+T-BIL+Glc+TG;0.726,261.926,1+ALB+Ca+ALT+T-BIL+BHBA+TG;
0.726,261.578,1+ALB+Ca+ALT+NEFA+BHBA+Glc;0.726,261.579,1+AL
B+Ca+ALT+gGT+NEFA+Glc;0.726,263.705,1+ALB+BUN+AST+BHBA+TG+TCHO;0.726,261.793,
45 1+TP+ALB+Ca+ALT+gGT+TCHO;0.726,261.004,1+
ALB+Ca+ALT+gGT+NEFA+TCHO;0.726,261.578,1+ALB+Ca+ALT+NEFA+T-BIL+Glc;0.726,
261.578,1+ALB+Ca+ALT+NEFA+T-BIL+BHBA;0.726,265.296,1+ALB+AST+T-
BIL+Glc+TG+TCHO;0.726,262.105,1+TP+ALB+Ca
+ALT+gGT+BHBA;0.726,263.306,1+TP+ALB+BUN+Ca+AST+TCHO;0.726,261.921,1+ALB+Ca+ALT+gGT+T-
50 BIL+BHBA;0.726,263.842,1+ALB+BUN+NEFA+T-BIL+Glc+TG;0.726,260.999,1+ALB+Ca+ALT+NEFA+T-BIL+TC
HO;0.726,265.462,1+ALB+Ca+AST+gGT+T-BIL+TG;0.726,265.033,1+ALB+Ca+AST+T-
BIL+Glc+TCHO;0.726,262.136,1+ALB+ALT+gGT+BHBA+
Glc+TCHO;0.726,261.993,1+TP+ALB+ALT+BHBA+Glc+TCHO;0.726,263.
725,1+ALB+BUN+Ca+AST+BHBA+TG;0.726,263.788,1+TP+ALB+BUN+AST
+Glc+TCHO;0.725,262.101,1+TP+ALB+ALT+Glc+TG+TCHO;0.725,261.927,1+ALB+Ca+ALT+T-
55 BIL+BHBA+Glc;0.725,267.665,1+TP+ALB+Ca+AST+BHBA+Glc;0.725,263.853,1+ALB+BUN+NEFA+T-
BIL+BHBA+TG;0.725,265.212,1+ALB+AST+T-BIL+BHBA+TG+TCHO;0.725,265.425,1+ALB+Ca+AST+gGT+T-
BIL+Glc;0.725,265.210,1+ALB+AST+T-BIL+BHBA+Glc+TCHO;0.725,265.324,1+ALB+Ca+AST+gGT+T-
BIL+BHBA;0.725,261.783,1+ALB+Ca+ALT+gGT+TG+TCHO;0.725,262.418,1+ALB+Ca+ALT+gGT+
60 Glc+TG;0.725,261.387,1+ALB+Ca+ALT+T-BIL+Glc+TCHO;0.725,261.
640,1+TP+ALB+Ca+ALT+TG+TCHO;0.725,262.199,1+ALB+ALT+gGT+Glc
+TG+TCHO;0.725,263.815,1+ALB+BUN+gGT+NEFA+T-BIL+TG;0.725,26
2.031,1+ALB+ALT+BHBA+Glc+TG+TCHO
- 65 [31. Fórmula con dos variables de aminoácido+bioquímica]
0.763,248.642,1+ALB+Asn;0.744,253.061,1+Lys+ALB;0.738,253.7

- 92,1+ALB+Orn;0.734,252.872,1+Trp+ALB;0.731,254.350,1+Arg+ALB;0.726,256.225,1+ALB+Val;0.726,257.113,1+Phe+ALB;0.723,255.038,1+ALB+ALT;0.723,257.733,1+ALB+Pro;0.722,257.587,1+Thr+ALB;0.721,257.548,1+BCAA+ALB;0.720,261.158,1+ALB+AST;0.716,260.041,1+ALB+NEFA;0.716,257.824,1+Tyr+ALB;0.716,259.283,1+ALB+Ile;0.715,260.567,1+ALB+Met;0.715,258.893,1+ALB+BUN;0.714,258.964,1+ALB+Leu;0.713,261.403,1+ALB+Gln;0.712,260.027,1+Ala+ALB;0.710,259.796,1+ALB+Cit;0.709,260.990,1+ALB+3MeHis;0.707,257.951,1+ALB+Asp;0.705,262.900,1+His+ALB;0.703,262.874,1+ALB+Ser;0.703,262.337,1+Gly+ALB
- 10 [32. Fórmula con tres variables de aminoácido+bioquímica]
0.777,247.271,1+ALB+Asn+Gly;0.773,248.921,1+ALB+Asn+Ser;0.773,244.352,1+ALB+ALT+Asn;0.773,245.149,1+ALB+BUN+Asn;0.769,250.185,1+ALB+Asn+Cys;0.768,249.593,1+ALB+Asn+Ile;0.768,248.672,1+ALB+Asn+Trp;0.767,249.804,1+ALB+Asn+Thr;0.767,248.957,1+ALB+His+Asn;0.767,249.625,1+ALB+NEFA+Asn;0.767,249.682,1+ALB+Asn+Lys;0.766,249.352,1+ALB+Asn+3MeHis;0.766,249.150,1+ALB+Asn+Orn;0.765,247.500,1+ALB+Asn+Cit;0.765,250.485,1+ALB+Asn+Leu;0.764,250.583,1+ALB+Asn+Phe;0.764,250.396,1+ALB+Asn+Met;0.764,250.565,1+ALB+Asn+Tyr;0.764,249.300,1+ALB+Asn+Arg;0.764,250.624,1+ALB+Asn+BCAA;0.763,250.570,1+ALB+Asn+Glu;0.763,250.525,1+ALB+T-BIL+Asn;0.763,250.640,1+ALB+Asn+Pro;0.763,250.638,1+ALB+BHBA+Asn;0.763,250.542,1+ALB+Asn+Tau;0.763,249.786,1+ALB+TCHO+Asn;0.763,250.577,1+TP+ALB+Asn;0.763,249.387,1+ALB+Glc+Asn;0.763,250.591,1+ALB+Asn+Gln;0.762,250.594,1+ALB+TG+Asn;0.762,250.616,1+ALB+Asn+Ala;0.762,250.469,1+ALB+Asn+Val;0.761,247.695,1+ALB+Asn+Asp;0.761,250.443,1+ALB+Ca+Asn;0.761,248.073,1+ALB+AST+Asn;0.759,250.463,1+ALB+gGT+Asn;0.755,250.530,1+Lys+ALB+BUN;0.754,253.542,1+ALB+Cys+Lys;0.753,248.182,1+Lys+ALT+ALB;0.752,249.196,1+Phe+ALT+ALB;0.752,250.326,1+Trp+ALB+BUN;0.751,252.852,1+ALB+AST+Orn;0.751,248.364,1+Arg+ALT+ALB;0.750,252.721,1+Lys+AST+ALB;0.750,251.803,1+ALB+Cit+Trp;0.750,252.205,1+ALB+3MeHis+Lys;0.750,254.610,1+Ala+Lys+ALB;0.749,249.708,1+Trp+ALT+ALB;0.749,252.295,1+Trp+Lys+ALB;0.749,249.606,1+ALB+ALT+Orn;0.748,253.998,1+Lys+ALB+TP;0.748,253.750,1+Gly+Lys+ALB;0.747,252.887,1+Lys+ALB+NEFA;0.747,252.457,1+ALB+Orn+Trp;0.747,251.166,1+ALB+ALT+Pro;0.747,252.432,1+Phe+ALB+BUN;0.746,253.509,1+Ala+Trp+ALB;0.745,254.117,1+ALB+T-BIL+Lys;0.745,254.557,1+ALB+Orn+Cys;0.745,254.993,1+ALB+Tau+Lys;0.745,253.492,1+ALB+Cit+Lys;0.745,254.000,1+ALB+Orn+Lys;0.745,254.823,1+ALB+Ser+Lys;0.744,254.919,1+ALB+Lys+Leu;0.744,253.135,1+ALB+BUN+Orn;0.744,251.960,1+Trp+AST+ALB;0.744,254.524,1+ALB+Pro+Lys;0.744,254.625,1+ALB+Ala+Orn;0.744,254.232,1+Lys+His+ALB;0.744,254.593,1+ALB+Gln+Lys;0.743,255.060,1+BCAA+Lys+ALB;0.743,254.945,1+Lys+Thr+ALB;0.743,255.050,1+Lys+Glc+ALB;0.743,254.767,1+ALB+Lys+Ile;0.743,251.293,1+ALB+ALT+Val;0.743,254.893,1+Lys+TG+ALB;0.743,254.361,1+ALB+His+Orn;0.743,255.027,1+Lys+gGT+ALB;0.743,253.476,1+ALB+Pro+Trp;0.743,254.875,1+ALB+Lys+Met;0.743,254.917,1+Lys+Tyr+ALB;0.743,254.848,1+Lys+Phe+ALB;0.742,252.540,1+ALB+Asp+Lys;0.742,254.818,1+ALB+Gly+Orn;0.742,254.102,1+ALB+Cys+Trp;0.742,255.002,1+ALB+Glu+Lys;0.742,253.499,1+Arg+AST+ALB;0.742,254.318,1+Lys+TCHO+ALB;0.742,254.849,1+ALB+Lys+Val;0.742,254.605,1+ALB+Orn+Phe;0.742,251.529,1+Thr+ALT+ALB;0.742,254.875,1+Lys+ALB+BHBA;0.741,253.922,1+Arg+Lys+ALB;0.741,253.981,1+Trp+Phe+ALB;0.741,254.982,1+Lys+ALB+Ca;0.741,254.650,1+ALB+Pro+Orn;0.741,254.444,1+Thr+ALB+BUN;0.741,254.643,1+ALB+Arg+Cys;0.741,253.839,1+ALB+3MeHis+Orn;0.741,252.460,1+Trp+Arg+ALB;0.741,255.141,1+ALB+Thr+Orn;0.741,254.817,1+ALB+NEFA+Orn;0.740,255.481,1+ALB+T-BIL+Orn;0.740,251.854,1+BCAA+ALT+ALB;0.740,252.816,1+ALB+3MeHis+Arg;0.740,254.038,1+Gly+Trp+ALB;0.740,255.517,1+ALB+Gln+Orn;0.740,254.849,1+TP+ALB+Orn;0.739,255.279,1+Ala+Cit+Orn;0.739,253.805,1+Trp+ALB+TP;0.739,255.061,1+ALB+TCHO+Orn;0.739,255.836,1+Phe+ALB+NEFA;0.739,254.250,1+ALB+Val+Trp;0.739,254.972,1+ALB+BUN+Pro;0.739,255.668,1+ALB+Ser+Orn;0.739,255.725,1+ALB+gGT+Orn;0.739,254.645,1+ALB+Arg+Orn;0.739,255.788,1+ALB+Orn+Leu;0.739,253.400,1+Arg+ALB+BUN;0.739,256.967,1+Gly+Phe+ALB;0.738,255.789,1+ALB+BHBA+Orn;0.738,255.791,1+ALB+Orn+Ile;0.738,255.782,1+ALB+Orn+Met;0.738,255.790,1+ALB+Glc+Orn;0.738,255.301,1+ALB+Ser+Arg;0.738,253.444,1+ALB+ALT+Met;0.738,255.726,1+ALB+Tau+Orn;0.738,253.925,1+ALB+3MeHis+Trp;0.738,254.575,1+ALB+Tau+Trp;0.738,255.742,1+ALB+Glu+Orn;0.738,251.937,1+ALB+Asp+Trp;0.738,255.521,1+ALB+3MeHis+Phe;

0.738,255.582,1+ALB+Ca+Orn;0.738,251.632,1+Tyr+ALT+ALB;0.738,254.336,1+ALB+Gln+Trp;0.737,254.595,1+Trp+Thr+ALB;0.737,254.199,1+Gly+Arg+ALB;0.737,255.725,1+ALB+Orn+BCAA;0.737,255.747,1+ALB+TG+Orn;0.737,252.229,1+ALB+ALT+Leu;0.737,255.738,1+ALB+AST+Val;0.737,254.444,1+Arg+ALB+NEFA;0.736,254.682,1+BCAA+Trp+ALB;0.736,254.578,1+Trp+Tyr+ALB;0.736,255.403,1+ALB+Orn+Tyr;0.736,254.791,1+ALB+Met+Trp;0.736,256.807,1+ALB+Gly+Pro;0.736,253.933,1+ALB+Asp+Orn;0.736,253.436,1+ALB+ALT+Ile;0.735,254.482,1+Trp+ALB+NEFA;0.735,253.531,1+ALB+ALT+Cit;0.735,255.417,1+ALB+Orn+Val;0.735,254.255,1+Ala+ALT+ALB;0.735,253.211,1+ALB+BUN+ALT;0.735,255.338,1+Ala+ALB+BUN;0.735,254.754,1+ALB+T-BIL+Trp;0.734,254.312,1+ALB+ALT+Gln;0.734,255.496,1+ALB+Arg+Pro;0.734,255.949,1+ALB+Cit+Thr;0.734,257.200,1+ALB+Ala+Val;0.734,256.129,1+ALB+Cys+Phe;0.734,256.784,1+Thr+AST+ALB;0.734,254.871,1+ALB+Glu+Trp;0.734,256.789,1+ALB+NEFA+Pro;0.734,254.537,1+Trp+His+ALB;0.734,257.371,1+ALB+Cys+Val;0.734,258.533,1+ALB+AST+NEFA;0.734,254.871,1+ALB+Ile+Trp;0.734,254.869,1+ALB+Ser+Trp;0.734,256.786,1+ALB+3MeHis+Pro;0.734,257.635,1+ALB+3MeHis+Ala;0.734,258.338,1+Ala+Gly+ALB;0.734,254.664,1+ALB+BUN+Val;0.734,259.444,1+ALB+AST+Met;0.734,255.218,1+Arg+Thr+ALB;0.733,254.825,1+Trp+TG+ALB;0.733,254.835,1+ALB+Leu+Trp;0.733,254.834,1+Trp+Glc+ALB;0.733,254.859,1+Trp+ALB+BHBA;0.733,255.711,1+ALB+T-BIL+Arg;0.733,254.855,1+Trp+gGT+ALB;0.733,255.614,1+Ala+Arg+ALB;0.733,255.674,1+Arg+Phe+ALB;0.733,257.047,1+ALB+AST+Pro;0.733,258.362,1+ALB+Gln+Phe;0.733,257.170,1+ALB+T-BIL+Phe;0.733,255.037,1+ALB+Asp+Val;0.733,256.482,1+Phe+AST+ALB;0.733,254.349,1+Trp+TCHO+ALB;0.733,256.133,1+ALB+Arg+Met;0.732,256.156,1+ALB+Gln+Arg;0.732,257.047,1+ALB+Pro+Val;0.732,255.996,1+Arg+gGT+ALB;0.732,258.519,1+ALB+Thr+Cys;0.732,256.801,1+ALB+Val+BCAA;0.732,255.779,1+His+ALT+ALB;0.732,256.954,1+BCAA+AST+ALB;0.732,255.561,1+BCAA+ALB+BUN;0.732,257.606,1+ALB+Pro+Phe;0.732,254.791,1+Trp+ALB+Ca;0.732,256.316,1+ALB+Tau+Arg;0.732,257.972,1+Gly+Thr+ALB;0.731,256.319,1+Arg+Glc+ALB;0.731,257.379,1+ALB+Val+Phe;0.731,258.221,1+Ala+Phe+ALB;0.731,257.096,1+ALB+NEFA+Val;0.731,255.379,1+Arg+TCHO+ALB;0.731,251.171,1+ALB+ALT+Asp;0.731,255.206,1+ALB+Arg+Val;0.731,256.332,1+Arg+TG+ALB;0.731,256.028,1+Arg+ALB+TP;0.731,258.466,1+Ala+ALB+NEFA;0.730,256.321,1+Arg+ALB+BHBA;0.730,255.046,1+Tyr+ALB+BUN;0.730,255.673,1+Arg+His+ALB;0.730,255.998,1+Arg+ALB+Ca;0.730,254.856,1+ALB+Arg+Asp;0.730,257.057,1+Tyr+AST+ALB;0.729,258.861,1+Phe+ALB+TP;0.729,257.528,1+Thr+ALB+NEFA;0.729,255.988,1+BCAA+Arg+ALB;0.729,258.012,1+Thr+Phe+ALB;0.729,257.059,1+ALB+3MeHis+Val;0.728,258.523,1+Ala+BCAA+ALB;0.728,256.521,1+ALB+AST+ALT;0.728,256.222,1+Arg+Tyr+ALB;0.728,258.749,1+Ala+Thr+ALB;0.727,257.901,1+BCAA+ALB+NEFA;0.727,255.913,1+ALB+ALT+NEFA;0.726,261.364,1+Gly+AST+ALB;0.726,254.428,1+ALB+BUN+Asp;0.726,258.393,1+BCAA+Phe+ALB;0.726,259.204,1+Ala+AST+ALB;0.726,257.107,1+ALB+AST+Asp;0.725,259.112,1+Phe+Glc+ALB;0.725,258.619,1+Phe+Tyr+ALB;0.725,258.707,1+Phe+His+ALB;0.725,261.495,1+His+AST+ALB;0.725,258.898,1+Phe+TG+ALB;0.725,258.863,1+ALB+BUN+AST;0.725,258.720,1+Gly+BCAA+ALB;0.724,258.961,1+Phe+ALB+Ca;0.724,259.114,1+BCAA+ALB+TP;0.724,257.919,1+Phe+TCHO+ALB;0.724,258.811,1+Phe+ALB+BHBA;0.724,255.937,1+ALB+ALT+3MeHis;0.724,259.381,1+Thr+ALB+TP;0.724,257.861,1+ALB+Tyr+Val;0.724,258.977,1+Phe+gGT+ALB;0.724,256.690,1+ALB+NEFA+Asp;0.723,259.377,1+Thr+Glc+ALB;0.723,259.515,1+Thr+ALB+BHBA;0.723,257.204,1+ALB+3MeHis+Tyr;0.723,258.661,1+BCAA+Thr+ALB;0.723,256.310,1+ALB+Asp+Phe;0.723,259.271,1+Thr+His+ALB;0.723,256.443,1+Gly+ALT+ALB;0.723,259.363,1+Thr+gGT+ALB;0.722,258.289,1+Tyr+ALB+NEFA;0.722,258.616,1+Gly+Tyr+ALB;0.722,260.388,1+ALB+AST+3MeHis;0.722,258.215,1+ALB+BUN+NEFA;0.722,258.879,1+BCAA+His+ALB;0.722,259.054,1+Ala+Tyr+ALB;0.722,258.492,1+Thr+Tyr+ALB;0.721,254.090,1+ALB+3MeHis+Asp;0.721,258.911,1+Thr+TCHO+ALB;0.721,259.494,1+Thr+ALB+Ca;0.720,259.548,1+BCAA+Glc+ALB;0.720,259.402,1+BCAA+ALB+Ca;0.720,259.159,1+BCAA+ALB+BHBA;0.720,259.459,1+BCAA+gGT+ALB;0.720,258.956,1+BCAA+Tyr+ALB;0.720,258.471,1+BCAA+TCHO+ALB;0.719,260.032,1+His+ALB+BUN;0.719,259.206,1+Thr+TG+ALB;0.718,259.423,1+BCAA+TG+ALB;0.718,259.025,1+ALB+BUN+3MeHis;0.717,259.803,1+Tyr+Glc+ALB;0.716,257.278,1+ALB+Asp+Tyr;0.716,261.513,1+Ala+gGT+ALB;0.716,259.659,1+Tyr+ALB+Ca;0.716,259.686,1+Tyr+gGT+ALB;0.716,259.585,1+Tyr+ALB+TP;0.715,259.791,1+Tyr+TG+ALB;0.715,260.298,1+Gly+ALB+BUN;0.715,261.135,

1+ALB+NEFA+3MeHis;0.714,259.675,1+Tyr+ALB+BHBA;0.714,259.593,1+Tyr+His+ALB;0.714,262.014,1+Gly+ALB+NEFA;0.714,261.729,1+His+ALB+NEFA;0.713,258.324,1+Tyr+TCHO+ALB;0.712,261.677,1+Ala+TG+ALB;0.712,261.988,1+Ala+His+ALB;0.712,262.021,1+Ala+Glc+ALB;0.712,262.023,1+Ala+ALB+TP;0.711,263.250,1+Gly+His+ALB;0.711,261.830,1+Ala+ALB+Ca;0.711,260.810,1+Ala+TCHO+ALB;0.711,261.651,1+Ala+ALB+BHBA;0.709,264.620,1+His+gGT+ALB;0.707,264.722,1+His+ALB+TP;0.705,264.509,1+His+ALB+Ca;0.705,268.177,1+Phe+His+ALT;0.705,264.873,1+His+Glc+ALB;0.704,263.960,1+Gly+ALB+BHBA;0.704,264.637,1+His+ALB+BHBA;0.703,264.226,1+Gly+gGT+ALB;0.703,264.470,1+His+TG+ALB;0.703,263.895,1+Gly+ALB+TP;0.702,263.751,1+His+TCHO+ALB;0.702,264.299,1+Gly+Glc+ALB;0.702,264.083,1+Gly+TG+ALB;0.702,263.875,1+Gly+ALB+Ca;0.701,263.247,1+Gly+TCHO+ALB;0.700,268.528,1+BUN+ALT+Asn

[33. Fórmula con cuatro variables de aminoácido+bioquímica]
0.785,242.136,1+ALB+BUN+ALT+Asn;0.780,245.877,1+ALB+BUN+Asn+Ile;0.780,247.807,1+ALB+Asn+Orn+Ile;0.780,245.448,1+ALB+BUN+Asn+Trp;0.779,248.189,1+ALB+Asn+Lys+Ile;0.779,245.198,1+ALB+ALT+Asn+Ile;0.778,245.741,1+ALB+ALT+Asn+Thr;0.778,247.779,1+ALB+Asn+Arg+Ile;0.778,245.488,1+ALB+ALT+Asn+Trp;0.777,249.815,1+ALB+Asn+Tyr+Trp;0.777,247.010,1+ALB+His+Asn+Orn;0.777,245.155,1+ALB+ALT+His+Asn;0.776,245.415,1+ALB+ALT+Glc+Asn;0.776,245.353,1+ALB+BUN+His+Asn;0.776,246.620,1+ALB+BUN+NEFA+Asn;0.776,246.436,1+ALB+BUN+Asn+Thr;0.776,246.576,1+ALB+BUN+Asn+3MeHis;0.775,246.386,1+ALB+BUN+Asn+Lys;0.775,244.982,1+ALB+ALT+Asn+Arg;0.775,246.381,1+ALB+BUN+Glc+Asn;0.775,246.083,1+ALB+ALT+Asn+3MeHis;0.775,245.552,1+ALB+ALT+Asn+Orn;0.775,247.021,1+ALB+BUN+Asn+Tyr;0.774,246.913,1+ALB+BUN+T-BIL+Asn;0.774,248.976,1+ALB+His+Asn+Lys;0.774,243.764,1+ALB+BUN+Asn+Asp;0.774,246.311,1+ALB+ALT+Asn+Tyr;0.774,246.301,1+ALB+ALT+NEFA+Asn;0.774,246.800,1+ALB+BUN+Asn+Phe;0.774,245.857,1+ALB+ALT+Asn+Phe;0.774,250.456,1+ALB+NEFA+Asn+Ile;0.774,243.147,1+ALB+ALT+Asn+Asp;0.773,249.483,1+ALB+NEFA+His+Asn;0.773,251.166,1+ALB+Asn+Lys+Tyr;0.773,245.569,1+ALB+ALT+Asn+Lys;0.773,246.721,1+ALB+BUN+Asn+Orn;0.773,246.656,1+ALB+BUN+Asn+Arg;0.773,246.345,1+ALB+ALT+BHBA+Asn;0.773,246.313,1+ALB+ALT+Asn+Val;0.773,247.149,1+ALB+BUN+Asn+Val;0.773,246.262,1+ALB+Ca+ALT+Asn;0.772,245.478,1+ALB+BUN+AST+Asn;0.772,250.750,1+ALB+NEFA+Asn+Thr;0.772,247.047,1+ALB+BUN+gGT+Asn;0.772,246.952,1+ALB+BUN+Ca+Asn;0.772,246.343,1+ALB+ALT+gGT+Asn;0.772,246.255,1+ALB+ALT+T-BIL+Asn;0.772,250.455,1+ALB+BUN+Asn+Orn+Tyr;0.772,250.623,1+ALB+His+Asn+Ile;0.772,247.054,1+ALB+BUN+BHBA+Asn;0.771,245.698,1+ALB+AST+ALT+Asn;0.771,249.051,1+ALB+Glc+His+Asn;0.771,248.008,1+ALB+His+Asn+Arg;0.771,250.066,1+ALB+Asn+Arg+Tyr;0.770,247.955,1+ALB+AST+Asn+Trp;0.770,249.804,1+ALB+Asn+Thr+Lys;0.770,249.402,1+ALB+Glc+Asn+Ile;0.770,250.047,1+ALB+Asn+3MeHis+Lys;0.770,251.257,1+ALB+Asn+Thr+Ile;0.770,252.317,1+ALB+Asn+Tyr+Phe;0.770,249.358,1+ALB+Asn+Thr+Orn;0.770,251.384,1+ALB+NEFA+Asn+Tyr;0.770,249.833,1+ALB+Asn+3MeHis+Trp;0.770,248.904,1+ALB+AST+Asn+Ile;0.769,250.808,1+ALB+NEFA+T-BIL+Asn;0.769,250.147,1+ALB+Asn+Orn+Trp;0.769,250.566,1+ALB+NEFA+Asn+Lys;0.769,249.970,1+ALB+Asn+3MeHis+Orn;0.769,251.485,1+ALB+T-BIL+Asn+Ile;0.769,250.372,1+ALB+NEFA+Asn+Trp;0.769,250.599,1+ALB+Asn+Val+Trp;0.768,251.417,1+ALB+NEFA+BHBA+Asn;0.768,246.270,1+Phe+ALT+ALB+BUN;0.768,250.571,1+ALB+NEFA+Asn+Orn;0.768,250.454,1+ALB+Asn+Lys+Trp;0.768,251.576,1+ALB+BHBA+Asn+Ile;0.768,250.604,1+ALB+T-BIL+His+Asn;0.768,251.530,1+ALB+T-BIL+Asn+Lys;0.768,251.641,1+ALB+T-BIL+Asn+Thr;0.768,251.443,1+ALB+NEFA+Asn+Phe;0.768,250.630,1+ALB+Asn+Phe+Trp;0.768,251.002,1+ALB+NEFA+Asn+3MeHis;0.768,246.659,1+ALB+Asn+3MeHis+Asp;0.767,250.690,1+ALB+His+Asn+Thr;0.767,250.994,1+ALB+Asn+Orn+Val;0.767,251.780,1+ALB+BHBA+Asn+Thr;0.767,250.157,1+ALB+Asn+Arg+Trp;0.767,251.612,1+ALB+Asn+Lys+Phe;0.767,251.068,1+ALB+Asn+Orn+Lys;0.767,249.504,1+ALB+Asn+3MeHis+Arg;0.767,251.650,1+ALB+Asn+Lys+Val;0.767,250.899,1+ALB+BHBA+His+Asn;0.767,248.515,1+ALB+AST+Asn+Orn;0.767,250.757,1+ALB+Glc+Asn+Lys;0.767,250.5

23,1+ALB+Glc+Asn+Thr;0.767,251.673,1+ALB+BHBA+Asn+Lys;0.767,
 251.418,1+ALB+gGT+Asn+Ile;0.766,251.586,1+ALB+NEFA+Asn+Val;
 0.766,249.367,1+ALB+AST+Asn+Lys;0.766,251.330,1+ALB+Ca+Asn+
 Ile;0.766,251.129,1+ALB+BHBA+Asn+Orn;0.766,250.238,1+ALB+NE
 5 FA+Glc+Asn;0.766,248.768,1+ALB+NEFA+Asn+Asp;0.766,250.445,1
 +ALB+NEFA+Asn+Arg;0.766,251.323,1+ALB+Asn+3MeHis+Tyr;0.766,
 251.147,1+ALB+Asn+Orn+Phe;0.766,248.651,1+ALB+Asn+Asp+Tyr;0.
 766,252.115,1+ALB+Asn+Tyr+Val;0.766,249.614,1+Ala+Trp+ALB+B
 UN;0.766,249.223,1+ALB+AST+Asn+Thr;0.766,250.024,1+ALB+Asn+
 10 Arg+Thr;0.766,250.794,1+ALB+gGT+His+Asn;0.766,250.712,1+ALB
 +Ca+His+Asn;0.766,248.353,1+ALB+Asn+Asp+Trp;0.766,251.139,1 +ALB+T-
 BIL+Asn+Orn;0.766,251.310,1+ALB+Asn+3MeHis+Val;0.765, 252.478,1+ALB+T-
 BIL+BHBA+Asn;0.765,249.280,1+ALB+Asn+Asp+Ly
 s;0.765,248.937,1+ALB+AST+His+Asn;0.765,251.639,1+ALB+gGT+A
 15 sn+Thr;0.765,250.904,1+ALB+Asn+Arg+Orn;0.765,251.088,1+ALB+
 Asn+3MeHis+Phe;0.765,251.626,1+ALB+Ca+Asn+Thr;0.765,251.532,
 1+ALB+gGT+NEFA+Asn;0.765,251.509,1+ALB+Ca+Asn+Lys;0.764,250.
 209,1+ALB+Glc+Asn+Orn;0.764,248.587,1+ALB+AST+NEFA+Asn;0.76
 4,251.592,1+ALB+gGT+Asn+Lys;0.764,251.017,1+ALB+Ca+Asn+Orn;
 20 0.764,249.194,1+ALB+Asn+Asp+Orn;0.764,251.137,1+ALB+Asn+Arg
 +Lys;0.764,251.035,1+ALB+gGT+Asn+Orn;0.764,251.256,1+ALB+T-
 BIL+Asn+Arg;0.763,251.292,1+ALB+BHBA+Asn+Arg;0.763,251.296,
 1+ALB+Asn+Arg+Val;0.763,251.392,1+ALB+Ca+NEFA+Asn;0.763,251. 113,1+ALB+T-
 BIL+Glc+Asn;0.763,250.490,1+ALB+Glc+Asn+Arg;0.7
 25 63,251.223,1+ALB+Asn+Arg+Phe;0.763,248.839,1+ALB+AST+Asn+3M
 eHis;0.763,249.984,1+ALB+AST+Asn+Tyr;0.762,248.975,1+ALB+AS
 T+Glc+Asn;0.762,249.461,1+ALB+Asn+Arg+Asp;0.762,246.875,1+L
 ys+ALT+ALB+BUN;0.762,252.467,1+ALB+Asn+Val+Phe;0.762,248.75
 3,1+ALB+AST+Asn+Arg;0.762,251.080,1+ALB+gGT+Asn+Arg;0.762,2
 30 49.641,1+ALB+Asn+Asp+Phe;0.761,251.112,1+ALB+gGT+Glc+Asn;O.
 761,249.680,1+ALB+Asn+Asp+Val;0.761,249.995,1+ALB+AST+BHBA+
 Asn;0.761,250.056,1+ALB+AST+Asn+Phe;0.761,249.704,1+ALB+AST +T-
 BIL+Asn;0.761,251.321,1+ALB+Ca+Glc+Asn;0.761,247.033,1+ALB+AST+Asn+Asp;0.761,252.357,1+ALB+gGT+T-
 BIL+Asn;0.761,252. 326,1+ALB+Ca+T-BIL+Asn;0.760,251.177,1+ALB+BHBA+Glc+Asn;0.7
 35 60,251.196,1+ALB+Ca+Asn+Arg;0.760,251.182,1+Ala+Lys+ALB+BU
 N;0.760,249.933,1+Trp+Lys+ALB+BUN;0.760,252.427,1+ALB+Ca+BH
 BA+Asn;0.760,254.427,1+Ala+Gly+Lys+ALB;0.760,249.969,1+ALB+
 AST+Asn+Val;0.760,252.461,1+ALB+gGT+BHBA+Asn;0.760,249.867,
 1+ALB+Ca+AST+Asn;0.760,249.244,1+Trp+Phe+ALT+ALB;0.759,248.
 40 130,1+Trp+ALT+ALB+BUN;0.759,250.045,1+ALB+AST+gGT+Asn;0.759,
 250.657,1+Trp+Phe+ALB+BUN;0.759,250.662,1+ALB+BUN+3MeHis+Ly
 s;0.759,253.121,1+Gly+Lys+AST+ALB;0.759,253.536,1+Ala+Gly+T
 rp+ALB;0.758,248.590,1+Trp+Arg+ALT+ALB;0.758,248.377,1+Arg+
 ALT+ALB+BUN;0.758,249.048,1+ALB+ALT+3MeHis+Lys;0.758,249.10
 45 2,1+ALB+ALT+Orn+Phe;0.758,248.941,1+ALB+ALT+Arg+Phe;0.758,2
 51.684,1+Lys+Phe+ALB+BUN;0.758,249.427,1+ALB+BUN+Asp+Lys;0.
 758,250.478,1+Ala+Trp+ALT+ALB;0.758,251.642,1+Lys+His+ALB+B
 UN;0.757,250.887,1+Lys+ALB+BUN+TP;0.757,250.761,1+Trp+ALB+B UN+TP; 0.757,249.183, 1+Lys +
 Phe+ALT+ALB; 0.757,249.370, 1+Lys+ALT+ALB+TP;0.757,252.245,1+ALB+Ca+gGT+Asn;0.757,252.127,1+G1
 50 y+Lys+ALB+BUN;0.757,251.203,1+Lys+ALB+BUN+NEFA;0.757,250.30
 3,1+Gly+Phe+ALT+ALB;0.756,249.842,1+ALB+ALT+3MeHis+Phe;0.75
 6,249.599,1+ALB+ALT+Orn+Trp;0.756,250.916,1+Ala+ALT+ALB+BU
 N;0.756,247.453,1+ALB+ALT+Asp+Lys;0.756,252.024,1+Lys+AST+A
 LB+NEFA;0.756,249.862,1+Ala+Lys+ALT+ALB;0.756,250.498,1+Phe
 55 +ALT+ALB+NEFA;0.756,251.016,1+Lys+AST+ALB+BUN;0.756,249.556,
 1+Lys+ALT+AST+ALB;0.756,249.731,1+Gly+Lys+ALT+ALB;0.756,249.
 753,1+Thr+ALT+ALB+BUN;0.756,249.597,1+ALB+BUN+ALT+Orn;0.755, 253.249, 1+Lys+AST+ALB+TP;
 0.755,252.320,1+ALB+BUN+Lys + Ile; 0. 755,252.326,1+Lys+Thr+ALB+BUN;0.755,248.880,1+Trp+Lys+ALT+A
 LB;0.755,251.409,1+ALB+BUN+T-BIL+Lys;0.755,249.596,1+Arg+AL
 60 T+AST+ALB;0.755,252.386,1+Lys+Tyr+ALB+BUN;0.755,249.600,1+G
 ly+Arg+ALT+ALB;0.755,250.002,1+Ala+Arg+ALT+ALB;0.755,252.50
 6,1+ALB+BUN+Lys+Val;0.755,252.518,1+Lys+Glc+ALB+BUN;0.755,2
 49.862,1+ALB+ALT+Lys+Ile;0.755,254.388,1+Ala+Gly+Arg+ALB;0.
 754,252.143,1+Arg+Lys+ALB+BUN;0.754,249.801,1+Lys+ALT+ALB+N
 65 EFA;0.754,249.703,1+ALB+ALT+Orn+Lys;0.754,249.553,1+Arg+Thr
 +ALT+ALB;0.754,251.503,1+ALB+AST+Orn+Trp;0.754,248.808,1+Ar

g+Lys+ALT+ALB;0.754,254.700,1+Lys+His+ALB+TP;0.754,251.150,
1+ALB+BUN+Orn+Trp;0.754,252.530,1+Lys+gGT+ALB+BUN;0.754,248.
911,1+ALB+BUN+Asp+Trp;0.754,251.823,1+Trp+Lys+AST+ALB;0.754,
252.476,1+BCAA+Lys+ALB+BUN;0.754,250.018,1+Lys+Thr+ALT+ALB; 0.754,250.089,1+ALB+ALT+T-
5 BIL+Lys;0.754,252.315,1+ALB+BUN+Orn+Lys;0.754,253.450,1+ALB+AST+Orn+Lys;0.754,252.451,1+Ala+
Trp+AST+ALB; 0.754,252.399, 1+Lys+ALB+BUN+Ca; 0.754,250.996, 1 +
Phe+ALT+ALB+BHBA;0.754,252.132,1+ALB+AST+3MeHis+Lys;0.754,2
50.123,1+Arg+ALT+ALB+TP;0.754,250.126,1+ALB+ALT+Lys+Val;0.7
54,252.120,1+ALB+BUN+3MeHis+Phe;0.754,253.381,1+ALB+AST+NEF
10 A+Orn;0.754,254.010,1+ALB+AST+His+Orn;0.753,249.602,1+Lys+T
CHO+ALT+ALB;0.753,250.180,1+BCAA+Lys+ALT+ALB;0.753,252.513,
1+Lys+TG+ALB+BUN;0.753,250.063,1+Lys+ALT+ALB+BHBA;0.753,250.
754,1+Phe+His+ALT+ALB;0.753,250.975,1+Trp+Arg+ALB+BUN;0.753,
250.179,1+Lys+Glc+ALT+ALB;0.753,250.181,1+Lys+TG+ALT+ALB;0.
15 753,252.973,1+Gly+Arg+AST+ALB;0.753,249.044,1+ALB+ALT+3MeHi
s+Arg;0.753,249.776,1+ALB+ALT+Arg+Orn;0.753,249.745,1+Lys+H is+ALT+ALB; 0.753,252.773,
1+Ala+Phe+ALB+BUN; 0.753,250.959, 1 + Ala+Phe+ALT+ALB;0.753,254.251,1+Gly+Lys+ALB+TP;0.753,252.20
0,1+Lys+ALB+BUN+BHBA;0.753,250.232,1+Arg+TG+ALT+ALB;0.753,2
51.074,1+Phe+ALT+ALB+TP;0.753,250.294,1+ALB+ALT+Arg+Ile;0.7
20 53,252.597,1+ALB+BUN+Orn+Phe;0.753,255.257,1+Ala+Lys+His+AL
B;0.753,250.172,1+Lys+ALT+gGT+ALB;0.753,254.111,1+ALB+AST+T -
BIL+Orn;0.753,256.931,1+Ala+Gly+Phe+ALB;0.752,252.914,1+Tr
p+Lys+ALB+TP;0.752,252.134,1+Lys+TCHO+ALB+BUN;0.752,252.696,
1+Trp+Lys+His+ALB;0.752,249.969,1+Lys+Tyr+ALT+ALB;0.752,253.
25 857,1+ALB+AST+Orn+Phe;0.752,253.867,1+Ala+Trp+Lys+ALB;0.752,
251.036,1+ALB+ALT+His+Orn;0.752,254.206,1+Ala+Lys+AST+ALB;0.
752,254.796,1+ALB+AST+BHBA+Orn;0.752,254.844,1+ALB+AST+Orn+
Ile;0.752,250.127,1+Lys+ALT+ALB+Ca;0.752,250.854,1+ALB+ALT+
Thr+Orn;0.752,251.194,1+Phe+TG+ALT+ALB;0.752,253.296,1+Gly+
30 Trp+Lys+ALB;0.752,250.761,1+Phe+TCHO+ALT+ALB;0.752,250.318,
1+Arg+ALT+gGT+ALB;0.752,252.320,1+Trp+TG+ALB+BUN;0.752,251.
980,1+Trp+Thr+ALB+BUN;0.752,252.646,1+ALB+3MeHis+Lys+Trp;0.
752,250.072,1+Arg+ALT+ALB+Ca;0.752,249.901,1+ALB+ALT+Arg+Va
1;0.752,250.186,1+Arg+ALT+ALB+NEFA;0.752,254.358,1+Ala+Lys+
35 ALB+NEFA;0.752,251.191,1+Phe+ALT+gGT+ALB;0.752,248.294,1+AL
B+ALT+Asp+Trp;0.752,250.604,1+ALB+AST+ALT+Orn;0.752,252.461,
1+Trp+AST+ALB+TP;0.752,252.130,1+Gly+Trp+ALB+BUN;0.752,254.
697,1+ALB+Ca+AST+Orn;0.752,254.725,1+ALB+AST+gGT+Orn;0.752,
250.875,1+ALB+ALT+Val+Phe;0.752,250.340,1+Arg+Glc+ALT+ALB;0.
40 752,252.543,1+Phe+ALB+BUN+NEFA;0.752,254.312,1+Lys+His+AST+
ALB;0.752,251.129,1+Phe+Tyr+ALT+ALB;0.752,251.137,1+BCAA+Ph
e+ALT+ALB;0.752,250.797,1+Phe+ALT+AST+ALB;0.752,250.883,1+T
rp+ALT+ALB+TP;0.751,250.998,1+ALB+ALT+Val+Trp;0.751,248.703,
1+ALB+ALT+Arg+Asp;0.751,253.548,1+Lys+ALB+TP+NEFA;0.751,252.
45 061,1+Trp+Tyr+ALB+BUN;0.751,252.325,1+Trp+gGT+ALB+BUN;0.751,
251.191,1+Phe+Glc+ALT+ALB;0.751,249.606,1+ALB+3MeHis+Asp+Ly
s;0.751,253.764,1+BCAA+Trp+Lys+ALB;0.751,250.381,1+Trp+AST+
ALB+BUN;0.751,254.219,1+ALB+AST+Thr+Orn;0.751,254.849,1+ALB
+AST+Glc+Orn;0.751,253.423,1+Arg+Lys+AST+ALB;0.751,249.266,
50 1+ALB+ALT+Asp+Orn;0.751,252.301,1+BCAA+Trp+ALB+BUN;0.751,25
0.770,1+Thr+Phe+ALT+ALB;0.751,254.495,1+ALB+AST+Lys+Ile;0.7
51,252.961,1+ALB+BUN+AST+Orn;0.751,253.127,1+ALB+AST+3MeHis
+Orn;0.751,249.916,1+Arg+His+ALT+ALB;0.751,254.444,1+Lys+AS
T+ALB+BHBA;0.751,251.133,1+Phe+ALT+ALB+Ca;0.751,250.364,1+A
55 rg+ALT+ALB+BHBA;0.751,252.324,1+Trp+Glc+ALB+BUN;0.751,251.5
93,1+Trp+Arg+AST+ALB;0.751,250.363,1+ALB+ALT+T-BIL+Arg;0.75
1,253.741,1+ALB+AST+Arg+Orn;0.751,253.253,1+ALB+AST+T-BIL+L
ys;0.751,249.958,1+Arg+TCHO+ALT+ALB;0.751,253.575,1+ALB+3Me
His+Orn+Lys;0.751,250.975,1+ALB+ALT+3MeHis+Orn;0.751,253.76
60 8,1+ALB+3MeHis+Lys+Phe;0.751,252.148,1+ALB+BUN+Val+Trp;0.75
1,252.029,1+ALB+AST+Asp+Lys;0.751,252.710,1+ALB+3MeHis+Arg+
Lys;0.751,253.579,1+Gly+Phe+ALB+BUN;0.751,253.779,1+Thr+Phe
+ALB+BUN;0.751,254.499,1+Lys+Phe+AST+ALB;0.751,255.345,1+Gl
y+Lys+Phe+ALB;0.751,250.675,1+ALB+BUN+ALT+Val;0.750,251.833,
65 1+ALB+BUN+3MeHis+Trp;0.750,250.303,1+Arg+Tyr+ALT+ALB;0.750,
251.396,1+Gly+Trp+ALT+ALB;0.750,251.173,1+Trp+TCHO+ALT+ALB;

0.750,255.704,1+Gly+BCAA+Lys+ALB;0.750,254.532,1+ALB+AST+Lys+Val;0.750,251.925,1+Trp+His+ALB+BUN;0.750,254.252,1+Gly+Arg+Lys+ALB;0.750,254.720,1+BCAA+Lys+AST+ALB;0.750,252.209,1+Trp+ALB+BUN+BHBA;0.750,255.204,1+Ala+Trp+Phe+ALB;0.750,251.694,1+Trp+ALT+gGT+ALB;0.750,254.300,1+Lys+TCHO+AST+ALB;0.750,252.027,1+Trp+TCHO+ALB+BUN;0.750,254.716,1+Lys+Glc+AST+ALB;0.750,252.216,1+Trp+ALB+BUN+NEFA;0.750,251.101,1+Trp+Thr+ALT+ALB;0.750,256.601,1+Ala+Lys+Glc+ALB;0.750,250.222,1+BCAA+Arg+ALT+ALB;0.750,251.688,1+Trp+Glc+ALT+ALB;0.749,250.633,1+Trp+ALT+AST+ALB;0.749,256.589,1+Ala+BCAA+Lys+ALB;0.749,254.243,1+Trp+Lys+Tyr+ALB;0.749,254.573,1+Lys+Thr+AST+ALB;0.749,251.707,1+Trp+ALT+ALB+BHBA;0.749,251.277,1+BCAA+Trp+ALT+ALB;0.749,254.580,1+Lys+AST+gGT+ALB;0.749,255.001,1+Ala+Trp+ALB+NEFA;0.749,254.631,1+Lys+TG+AST+ALB;0.749,251.691,1+Trp+TG+ALT+ALB;0.749,251.708,1+Trp+ALT+ALB+NEFA;0.749,254.672,1+Lys+AST+ALB+Ca;0.749,254.260,1+Trp+Lys+ALB+BHBA;0.749,256.584,1+Ala+Lys+Thr+ALB;0.749,255.905,1+Lys+Phe+ALB+TP;0.749,253.513,1+Phe+His+ALB+BUN;0.749,252.921,1+Gly+Trp+AST+ALB;0.749,256.522,1+Ala+Lys+gGT+ALB;0.749,253.535,1+Trp+Lys+ALB+N EFA;0.749,255.976,1+Lys+Thr+ALB+TP;0.749,250.973,1+BCAA+ALT +ALB+BUN;0.749,255.895,1+Ala+Lys+ALB+TP;0.749,253.756,1+Trp +Lys+TCHO+ALB;0.749,252.176,1+Trp+ALB+BUN+Ca;0.749,254.286, 1+Trp+Lys+Phe+ALB;0.749,255.984,1+BCAA+Lys+ALB+TP;0.749,254.559,1+Lys+Tyr+AST+ALB;0.749,254.204,1+Trp+Lys+Thr+ALB;0.749, 256.507,1+Ala+Lys+Phe+ALB;0.749,253.504,1+Lys+His+ALB+NEFA; 0.749,251.656,1+Trp+His+ALT+ALB;0.748,253.550,1+Ala+Arg+ALB +BUN;0.748,252.912,1+Arg+AST+ALB+NEFA;0.748,253.959,1+Ala+T rp+Arg+ALB;0.748,254.293,1+Trp+Lys+gGT+ALB;0.748,254.253,1+ Trp+Lys+Glc+ALB;0.748,255.525,1+Lys+Phe+His+ALB;0.748,253.6 98,1+Trp+Arg+Lys+ALB;0.748,255.625,1+Lys+ALB+TP+BHBA;0.748, 256.579,1+Ala+Lys+Tyr+ALB;0.748,255.741,1+Gly+Lys+Glc+ALB;0. 748,253.357,1+Arg+Phe+ALB+BUN;0.748,255.604,1+Gly+Lys+ALB+B HBA;0.748,250.242,1+Tyr+ALT+ALB+BUN;0.748,256.547,1+Ala+Lys +ALB+Ca;0.748,255.597,1+Gly+Lys+Thr+ALB;0.748,254.713,1+BCA A+Lys+ALB+NEFA;0.748,255.451,1+Ala+Trp+Glc+ALB;0.748,255.04 6,1+Gly+Lys+His+ALB;0.748,255.973,1+Lys+Glc+ALB+TP;0.748,25 3.795,1+Phe+ALB+BUN+TP;0.748,255.785,1+Lys+gGT+ALB+TP;0.748, 255.949,1+Lys+Tyr+ALB+TP;0.748,254.832,1+Lys+Glc+ALB+NEFA;0. 748,255.748,1+Gly+Lys+gGT+ALB;0.748,254.870,1+Lys+Thr+ALB+N EFA;0.748,254.248,1+Trp+Lys+TG+ALB;0.748,254.839,1+Lys+TG+ALB+NEFA;0.748,251.008,1+Trp+Tyr+ALT+ALB;0.747,255.906,1+Lys +ALB+TP+Ca;0.747,254.242,1+Trp+Lys+ALB+Ca;0.747,254.932,1+G ly+Lys+TCHO+ALB;0.747,254.792,1+Gly+Trp+Phe+ALB;0.747,254.1 89,1+Ala+Trp+His+ALB;0.747,254.385,1+Phe+Glc+ALB+BUN;0.747, 253.269,1+Trp+Phe+AST+ALB;0.747,255.506,1+Ala+Trp+Thr+ALB;0. 747,256.423,1+Ala+Lys+ALB+BHBA;0.747,254.859,1+Lys+ALB+NEFA +BHBA;0.747,255.772,1+Lys+TG+ALB+TP;0.747,252.741,1+Phe+AST +ALB+BUN;0.747,251.626,1+Trp+ALT+ALB+Ca;0.747,254.748,1+Gly +Lys+ALB+NEFA;0.747,255.731,1+Gly+Lys+TG+ALB;0.747,254.887, 1+Lys+gGT+ALB+NEFA;0.747,254.526,1+Ala+Thr+ALB+BUN;0.747,25 5.113,1+Lys+TCHO+ALB+TP;0.747,255.506,1+Ala+Trp+ALB+BHBA;0. 747,254.877,1+Ala+Trp+TCHO+ALB;0.746,254.419,1+BCAA+Phe+ALB +BUN;0.746,255.508,1+Ala+BCAA+Trp+ALB;0.746,255.790,1+Ala+L ys+TCHO+ALB;0.746,255.642,1+Gly+Lys+Tyr+ALB;0.746,255.116,1 +Arg+Lys+ALB+TP;0.746,253.112,1+Gly+Trp+Arg+ALB;0.746,253.7 12,1+Arg+Thr+ALB+BUN;0.746,255.508,1+Ala+Trp+Tyr+ALB;0.746, 254.963,1+Ala+Trp+ALB+TP;0.746,255.682,1+Gly+Lys+ALB+Ca;0.7 46,253.804,1+Phe+TCHO+ALB+BUN;0.746,253.945,1+Lys+TCHO+ALB+ NEFA;0.746,255.742,1+Lys+Thr+His+ALB;0.746,255.485,1+Ala+Trp +TG+ALB;0.746,254.323,1+Arg+Lys+His+ALB;0.746,253.691,1+Trp+Thr+AST+ALB;0.745,254.423,1+Phe+TG+ALB+BUN;0.745,256.469, 1+Ala+Lys+TG+ALB;0.745,254.384,1+Phe+gGT+ALB+BUN;0.745,255. 984,1+Gly+Phe+AST+ALB;0.745,254.839,1+Lys+ALB+Ca+NEFA;0.745, 257.955,1+Ala+Gly+Thr+ALB;0.745,254.375,1+Phe+Tyr+ALB+BUN;0. 745,254.107,1+Arg+Lys+ALB+NEFA;0.745,252.995,1+Ala+Thr+ALT+ ALB;0.745,256.059,1+BCAA+Lys+His+ALB;0.745,254.404,1+Arg+Th r+AST+ALB;0.745,254.730,1+Ala+ALB+BUN+NEFA;0.745,255.140,1+ Ala+Gly+ALB+BUN;0.745,255.425,1+Ala+Trp+gGT+ALB;0.745,253.8

63, 1+Trp+AST+ALB+BHBA; 0.745, 253.119, 1+Ala+BCAA+ALT+ALB; 0.745, 252.988, 1+Gly+Thr+ALT+ALB; 0.745, 253.840, 1+BCAA+Trp+AST+ALB; 0.745, 254.727, 1+Ala+Arg+AST+ALB; 0.744, 256.899, 1+BCAA+Lys+Thr+ALB; 0.744, 256.706, 1+Ala+AST+ALB+NEFA; 0.744, 253.676, 1+Trp+Tyr+AST+ALB; 0.744, 256.206, 1+Lys+His+Glc+ALB; 0.744, 253.706, 1+Trp+AST+gGT+ALB; 0.744, 253.569, 1+Trp+Arg+ALB+TP; 0.744, 254.997, 1+Arg+AST+ALB+TP; 0.744, 253.945, 1+Trp+Glc+AST+ALB; 0.744, 255.448, 1+Ala+Trp+ALB+Ca; 0.744, 253.593, 1+Trp+TCHO+AST+ALB; 0.744, 254.712, 1+Gly+Trp+ALB+TP; 0.744, 252.929, 1+BCAA+Thr+ALT+ALB; 0.744, 253.241, 1+Trp+AST+ALB+NEFA; 0.744, 255.273, 1+Ala+BCAA+ALB+BUN; 0.744, 253.958, 1+Trp+TG+AST+ALB; 0.744, 252.668, 1+Trp+Arg+His+ALB; 0.744, 256.768, 1+BCAA+Lys+Phe+ALB; 0.744, 253.309, 1+Arg+AST+ALB+BUN; 0.744, 255.182, 1+Thr+ALB+BUN+NEFA; 0.744, 255.636, 1+Ala+Arg+Lys+ALB; 0.744, 256.901, 1+Lys+Thr+gGT+ALB; 0.744, 255.376, 1+Arg+AST+ALB+BHBA; 0.744, 256.907, 1+Lys+Thr+Glc+ALB; 0.744, 256.216, 1+Lys+His+gGT+ALB; 0.744, 253.854, 1+Trp+His+AST+ALB; 0.743, 258.494, 1+Ala+Gly+BCAA+ALB; 0.743, 255.431, 1+Arg+Glc+AST+ALB; 0.743, 256.877, 1+Lys+TG+gGT+ALB; 0.743, 255.382, 1+Gly+Arg+Phe+ALB; 0.743, 255.810, 1+BCAA+Arg+Lys+ALB; 0.743, 257.050, 1+BCAA+Lys+Glc+ALB; 0.743, 253.907, 1+Trp+AST+ALB+Ca; 0.743, 256.886, 1+Lys+Glc+TG+ALB; 0.743, 253.852, 1+Trp+Arg+TCHO+ALB; 0.743, 257.014, 1+Lys+Glc+gGT+ALB; 0.743, 256.887, 1+BCAA+Lys+TG+ALB; 0.743, 257.026, 1+BCAA+Lys+gGT+ALB; 0.743, 255.498, 1+Arg+TG+AST+ALB; 0.743, 256.280, 1+Lys+Glc+TCHO+ALB; 0.742, 254.379, 1+Ala+Gly+ALT+ALB; 0.742, 255.889, 1+Gly+Thr+ALB+BUN; 0.742, 253.641, 1+Gly+BCAA+ALT+ALB; 0.742, 257.084, 1+Ala+Gly+AST+ALB; 0.742, 256.240, 1+Lys+Thr+TCHO+ALB; 0.742, 254.560, 1+Thr+AST+ALB+BUN; 0.742, 256.888, 1+Gly+Thr+AST+ALB; 0.742, 256.771, 1+Lys+Thr+TG+ALB; 0.742, 255.497, 1+Arg+AST+gGT+ALB; 0.742, 253.347, 1+Thr+Glc+ALT+ALB; 0.742, 255.078, 1+Arg+TCHO+AST+ALB; 0.742, 256.312, 1+Lys+TCHO+gGT+ALB; 0.742, 255.119, 1+Ala+ALT+ALB+NEFA; 0.742, 253.687, 1+BCAA+ALT+ALB+NEFA; 0.742, 255.253, 1+BCAA+Arg+AST+ALB; 0.742, 256.318, 1+BCAA+Lys+TCHO+ALB; 0.742, 253.638, 1+BCAA+ALT+ALB+BHBA; 0.741, 255.922, 1+Arg+Lys+Glc+ALB; 0.741, 255.922, 1+Gly+BCAA+Trp+ALB; 0.741, 255.663, 1+Gly+Trp+Thr+ALB; 0.741, 254.454, 1+Trp+Arg+Thr+ALB; 0.741, 253.521, 1+Thr+ALT+gGT+ALB; 0.741, 255.642, 1+BCAA+Trp+ALB+TP; 0.741, 255.190, 1+Gly+Arg+Thr+ALB; 0.741, 254.313, 1+BCAA+Trp+Arg+ALB; 0.741, 254.452, 1+Trp+Arg+Glc+ALB; 0.741, 253.181, 1+Thr+TCHO+ALT+ALB; 0.741, 253.509, 1+Thr+TG+ALT+ALB; 0.741, 253.280, 1+BCAA+ALT+AST+ALB; 0.741, 252.831, 1+Thr+ALT+AST+ALB; 0.741, 253.203, 1+BCAA+TCHO+ALT+ALB; 0.741, 253.841, 1+BCAA+TG+ALT+ALB; 0.741, 254.460, 1+Trp+Arg+TG+ALB; 0.741, 256.378, 1+Thr+Glc+ALB+BUN; 0.740, 256.132, 1+Lys+TCHO+TG+ALB; 0.740, 255.874, 1+Arg+Lys+TG+ALB; 0.740, 255.850, 1+Arg+Lys+Thr+ALB; 0.740, 253.852, 1+BCAA+ALT+gGT+ALB; 0.740, 256.038, 1+Gly+Trp+TG+ALB; 0.740, 253.854, 1+BCAA+Glc+ALT+ALB; 0.740, 256.088, 1+BCAA+Thr+ALB+BUN; 0.740, 254.256, 1+Gly+Arg+ALB+BUN; 0.740, 255.366, 1+Trp+ALB+TP+NEFA; 0.740, 254.378, 1+Trp+Arg+gGT+ALB; 0.740, 256.034, 1+Gly+Trp+ALB+BHBA; 0.740, 255.813, 1+Arg+Lys+gGT+ALB; 0.740, 253.544, 1+BCAA+ALT+ALB+TP; 0.740, 255.122, 1+Arg+Lys+TCHO+ALB; 0.739, 256.001, 1+Gly+Trp+Glc+ALB; 0.739, 256.302, 1+Thr+TG+ALB+BUN; 0.739, 256.038, 1+Gly+Trp+gGT+ALB; 0.739, 255.762, 1+Trp+Glc+ALB+TP; 0.739, 254.812, 1+Arg+TCHO+ALB+BUN; 0.739, 256.352, 1+Thr+gGT+ALB+BUN; 0.739, 256.129, 1+Gly+Arg+TG+ALB; 0.739, 255.192, 1+Trp+TCHO+ALB+TP; 0.739, 253.739, 1+BCAA+ALT+ALB+Ca; 0.739, 255.254, 1+Arg+Glc+ALB+BUN; 0.739, 255.400, 1+Arg+TG+ALB+BUN; 0.739, 257.881, 1+Ala+Thr+AST+ALB; 0.739, 256.481, 1+Trp+Thr+Glc+ALB; 0.739, 255.206, 1+Arg+gGT+ALB+BUN; 0.738, 256.026, 1+Gly+Trp+ALB+NEFA; 0.738, 255.176, 1+Gly+Arg+Glc+ALB; 0.738, 255.719, 1+Trp+TG+ALB+TP; 0.738, 255.458, 1+Ala+AST+ALB+BUN; 0.738, 255.657, 1+Trp+gGT+ALB+TP; 0.738, 255.168, 1+Gly+Arg+TCHO+ALB; 0.738, 256.787, 1+BCAA+AST+ALB+NEFA; 0.738, 257.877, 1+Gly+BCAA+AST+ALB; 0.738, 256.301, 1+BCAA+Trp+ALB+NEFA; 0.737, 256.137, 1+Gly+BCAA+Arg+ALB; 0.737, 256.081, 1+Thr+TCHO+ALB+BUN; 0.737, 256.602, 1+Ala+ALT+AST+ALB; 0.737, 256.037, 1+Gly+Arg+gGT+ALB; 0.737, 256.567, 1+BCAA+Trp+Thr+ALB; 0.737, 255.965, 1+Gly+Trp+ALB+Ca; 0.737, 255.443, 1+Gly+Trp+TCHO+ALB; 0.737, 259.470, 1+Ala+Gly+ALB+NEFA; 0.737, 256.205, 1+Ala+TG+ALT+ALB; 0.

737,258.569,1+Ala+BCAA+ALB+NEFA;0.737,255.707,1+Trp+ALB+TP+Ca;0.736,256.413,1+Trp+Glc+ALB+NEFA;0.736,257.855,1+Ala+BCAA+AST+ALB;0.736,256.142,1+Ala+ALT+gGT+ALB;0.736,256.451,1+Trp+ALB+NEFA+BHBA;0.736,256.480,1+Trp+TG+ALB+NEFA;0.736,257.211,1+Ala+Glc+ALB+BUN;0.736,256.647,1+BCAA+Trp+Glc+ALB;0.736,255.689,1+BCAA+AST+ALB+BUN;0.735,256.063,1+Ala+ALT+ALB+BHBA;0.735,256.091,1+BCAA+Trp+TCHO+ALB;0.735,256.253,1+Ala+ALB+TP;0.735,256.654,1+BCAA+Trp+ALB+BHBA;0.735,256.669,1+BCAA+Trp+gGT+ALB;0.735,256.475,1+Trp+gGT+ALB+NEFA;0.735,255.768,1+Ala+TCHO+ALT+ALB;0.735,256.609,1+BCAA+Trp+ALB+Ca;0.735,256.043,1+Ala+ALT+ALB+Ca;0.735,256.589,1+Ala+ALB+BUN+BHBA;0.735,255.120,1+Gly+ALT+ALB+BUN;0.735,256.650,1+BCAA+Trp+TG+ALB;0.735,257.332,1+Ala+ALB+BUN+TP;0.734,257.103,1+Ala+ALB+BUN+Ca;0.734,260.336,1+Ala+Gly+Glc+ALB;0.734,258.269,1+BCAA+AST+ALB+TP;0.734,260.061,1+Ala+Gly+gGT+ALB;0.734,256.796,1+Trp+Glc+ALB+BHBA;0.734,256.610,1+Ala+TCHO+ALB+BUN;0.734,256.413,1+Trp+ALB+Ca+NEFA;0.734,258.421,1+BCAA+AST+ALB+BHBA;0.734,256.787,1+Trp+Glc+TG+ALB;0.734,256.279,1+Trp+Glc+TCHO+ALB;0.733,260.334,1+Ala+Gly+TG+ALB;0.733,256.554,1+BCAA+ALB+BUN+NEFA;0.733,255.846,1+Trp+TCHO+ALB+NEFA;0.733,256.232,1+Ala+Glc+ALT+ALB;0.733,260.155,1+Ala+Gly+ALB+BHBA;0.733,260.322,1+Ala+Gly+ALB+TP;0.733,256.815,1+Trp+TG+gGT+ALB;0.733,256.813,1+Trp+Glc+gGT+ALB;0.733,256.731,1+Trp+Glc+ALB+Ca;0.733,256.817,1+Trp+TG+ALB+BHBA;0.733,256.843,1+Trp+gGT+ALB+BHBA;0.733,257.207,1+Ala+TG+ALB+BUN;0.732,260.513,1+Gly+AST+ALB+NEFA;0.732,256.344,1+Trp+TCHO+gGT+ALB;0.732,256.337,1+Trp+TCHO+ALB+BHBA;0.732,260.410,1+Ala+TG+ALB+NEFA;0.732,256.992,1+BCAA+ALB+BUN+BHBA;0.732,256.300,1+Trp+TCHO+TG+ALB;0.732,258.924,1+Ala+TCHO+ALB+NEFA;0.732,260.354,1+Ala+ALB+N EFA+BHBA;0.732,260.237,1+Ala+Gly+ALB+Ca;0.732,256.746,1+Trp+TG+ALB+Ca;0.732,258.793,1+Ala+Gly+TCHO+ALB;0.732,257.013,1+Ala+gGT+ALB+BUN;0.732,257.323,1+Gly+BCAA+ALB+BUN;0.732,256.837,1+BCAA+ALB+BUN+TP;0.732,258.953,1+BCAA+Glc+AST+ALB;0.732,256.783,1+Trp+ALB+Ca+BHBA;0.731,260.416,1+Ala+ALB+TP+NEFA;0.731,260.428,1+Ala+Glc+ALB+NEFA;0.731,260.237,1+Ala+gGT+ALB+NEFA;0.731,257.541,1+BCAA+Glc+ALB+BUN;0.731,256.269,1+Trp+TCHO+ALB+Ca;0.731,258.851,1+BCAA+AST+ALB+Ca;0.731,256.776,1+Trp+gGT+ALB+Ca;0.731,258.872,1+BCAA+AST+gGT+ALB;0.730,257.530,1+BCAA+gGT+ALB+BUN;0.730,259.356,1+BCAA+ALB+TP+NEFA;0.730,257.546,1+BCAA+TG+ALB+BUN;0.730,258.380,1+BCAA+TCHO+AST+ALB;0.730,258.914,1+BCAA+TG+AST+ALB;0.729,260.388,1+Ala+BCAA+ALB+TP;0.729,257.330,1+BCAA+ALB+BUN+Ca;0.729,260.124,1+Gly+AST+ALB+BUN;0.729,260.382,1+Ala+ALB+Ca+NEFA;0.729,257.772,1+Gly+ALT+AST+ALB;0.729,259.868,1+BCAA+TG+ALB+NEFA;0.728,263.294,1+Gly+Glc+AST+ALB;0.728,260.523,1+Ala+BCAA+Glc+ALB;0.728,260.162,1+Ala+BCAA+ALB+BHBA;0.728,259.856,1+Gly+BCAA+ALB+NEFA;0.728,256.893,1+BCAA+TCHO+ALB+BUN;0.728,260.414,1+Ala+BCAA+TG+ALB;0.728,262.841,1+Gly+AST+ALB+BHBA;0.728,259.890,1+BCAA+Glc+ALB+NEFA;0.727,260.105,1+Gly+BCAA+ALB+TP;0.727,259.876,1+BCAA+gGT+ALB+NEFA;0.727,257.868,1+Gly+ALT+ALB+NEFA;0.727,259.367,1+Ala+BCAA+TCHO+ALB;0.727,258.576,1+BCAA+TCHO+ALB+NEFA;0.727,259.889,1+BCAA+ALB+NEFA+BHBA;0.727,260.541,1+Ala+AST+ALB+BHBA;0.727,261.182,1+Ala+AST+gGT+ALB;0.727,260.424,1+Ala+BCAA+ALB+Ca;0.726,261.179,1+Ala+Glc+AST+ALB;0.726,260.987,1+Ala+TG+AST+ALB;0.726,261.199,1+Ala+AST+ALB+TP;0.726,258.200,1+Gly+ALT+ALB+TP;0.725,259.805,1+BCAA+ALB+Ca+NEFA;0.725,262.656,1+Gly+AST+ALB+TP;0.725,260.318,1+Ala+BCAA+gGT+ALB;0.725,260.719,1+Gly+BCAA+Glc+ALB;0.725,261.110,1+BCAA+Glc+ALB+TP;0.724,261.078,1+Ala+AST+ALB+Ca;0.724,263.232,1+Gly+TG+AST+ALB;0.724,262.863,1+Gly+TCHO+AST+ALB;0.724,258.208,1+Gly+ALT+ALB+BHBA;0.724,260.697,1+Gly+BCAA+TG+ALB;0.724,263.280,1+Gly+AST+gGT+ALB;0.724,258.417,1+Gly+TG+ALT+ALB;0.723,257.884,1+Gly+TCHO+ALT+ALB;0.723,260.681,1+Gly+BCAA+gGT+ALB;0.723,258.369,1+Gly+Glc+ALT+ALB;0.723,258.441,1+Gly+ALT+gGT+ALB;0.723,260.616,1+Ala+TCHO+AST+ALB;0.722,259.529,1+Gly+BCAA+TCHO+ALB;0.720,261.457,1+BCAA+Glc+gGT+ALB;0.719,260.450,1+BCAA+Glc+TCHO+ALB;0.718,261.422,1+BCAA+Glc+TG+ALB;0.718,260.350,1+BCAA+TCHO+TG+ALB;0.718,261.361,1+BCAA+TG+gGT+ALB;0.718,260.444,1+BCAA+TCHO+gGT+ALB;0.717,262.

- 182,1+Gly+Glc+ALB+BUN;0.716,263.511,1+Ala+Glc+gGT+ALB;0.716,263.282,1+Ala+TG+gGT+ALB;0.714,262.508,1+Ala+TCHO+gGT+ALB;0.714,262.250,1+Gly+gGT+ALB+BUN;0.713,261.654,1+Gly+TCHO+ALB+BUN;0.712,263.670,1+Ala+Glc+TG+ALB;0.711,262.808,1+Ala+Glc+TCHO+ALB;0.711,262.453,1+Ala+TCHO+TG+ALB;0.711,262.155,1+Gly+TG+ALB+BUN;0.704,266.192,1+Gly+Glc+gGT+ALB;0.703,266.013,1+Gly+TG+gGT+ALB;0.703,266.043,1+Gly+Glc+TG+ALB;0.701,265.213,1+Gly+TCHO+gGT+ALB;0.701,265.238,1+Gly+Glc+TCHO+ALB
- 10 [34. Fórmula con cinco variables de aminoácido+ bioquímica]
0.793,244.793,1+ALB+BUN+Asn+Lys+Ile;0.791,242.674,1+ALB+BUN+ALT+Asn+Ile;0.788,243.255,1+ALB+ALT+Asn+Arg+Ile;0.788,246.467,1+ALB+BUN+Asn+Tyr+Trp;0.788,245.925,1+ALB+BUN+Asn+Orn+Ile;0.788,244.645,1+ALB+ALT+Asn+Orn+Ile;0.788,244.026,1+ALB+BUN+ALT+Asn+Tyr;0.788,243.397,1+ALB+BUN+ALT+Asn+Trp;0.787,243.528,1+ALB+BUN+ALT+Asn+Thr;0.787,243.564,1+ALB+BUN+ALT+Glc+Asn;0.786,242.822,1+ALB+BUN+ALT+His+Asn;0.786,245.522,1+ALB+BUN+Asn+Arg+Ile;0.786,248.696,1+ALB+NEFA+Asn+Lys+Ile;0.786,243.593,1+ALB+BUN+ALT+Asn+Arg;0.785,245.463,1+ALB+ALT+Glc+Asn+Ile;0.785,240.471,1+ALB+BUN+ALT+Asn+Asp;0.785,244.078,1+ALB+BUN+ALT+Asn+3MeHis;0.785,244.097,1+ALB+BUN+ALT+Asn+Val;0.785,248.892,1+ALB+His+Asn+Lys+Ile;0.785,246.776,1+ALB+A ST+Asn+Orn+Ile;0.785,243.275,1+ALB+BUN+ALT+Asn+Phe;0.785,244.135,1+ALB+BUN+ALT+gGT+Asn;0.785,246.979,1+ALB+His+Asn+Orn+Ile;0.785,244.111,1+ALB+BUN+ALT+T-BIL+Asn;0.785,244.136,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Asn;0.785,243.984,1+ALB+BUN+ALT+Asn+Orn;0.785,244.135,1+ALB+ALT+Asn+Lys+Ile;0.784,243.561,1+ALB+BUN+ALT+Asn+Lys;0.784,244.100,1+ALB+BUN+ALT+BHBA+Asn;0.784,245.878,1+ALB+ALT+Asn+Arg+Tyr;0.784,249.968,1+ALB+Asn+Arg+Tyr+Trp;0.784,244.829,1+ALB+ALT+His+Asn+Orn;0.784,245.578,1+ALB+BUN+His+Asn+Lys;0.783,248.076,1+ALB+AST+Asn+Lys+Ile;0.783,247.206,1+ALB+BUN+NEFA+Asn+Ile;0.783,249.226,1+ALB+Asn+Thr+Lys+Ile;0.783,248.902,1+ALB+NEFA+Asn+Arg+Ile;0.783,247.312,1+ALB+ALT+Asn+Tyr+Phe;0.783,246.349,1+ALB+BUN+Glc+Asn+Ile;0.783,244.029,1+ALB+BUN+Ca+ALT+Asn;0.783,245.421,1+ALB+BUN+His+Asn+Orn;0.783,249.203,1+ALB+BHBA+Asn+Orn+Ile;0.782,247.085,1+ALB+ALT+Asn+Tyr+Trp;0.782,247.850,1+ALB+His+Asn+Arg+Ile;0.782,248.316,1+ALB+Asn+Arg+Lys+Ile;0.782,248.610,1+ALB+Asn+Arg+Orn+Ile;0.782,249.416,1+ALB+NEFA+Asn+Orn+Ile;0.782,247.414,1+ALB+Glc+Asn+Orn+Ile;0.782,245.861,1+ALB+ALT+Glc+His+Asn;0.782,244.434,1+ALB+BUN+Asn+Asp+Tyr;0.782,246.914,1+ALB+BUN+Asn+Val+Trp;0.782,244.383,1+ALB+ALT+His+Asn+Arg;0.782,248.706,1+ALB+Asn+Orn+Lys+Ile;0.782,243.821,1+ALB+BUN+AST+ALT+Asn;0.782,246.108,1+ALB+BUN+Glc+His+Asn;0.782,247.618,1+ALB+BUN+T-BIL+Asn+Ile;0.782,246.088,1+ALB+BUN+AST+Asn+Ile;0.781,247.672,1+ALB+BUN+Asn+Thr+Ile;0.781,248.087,1+ALB+Glc+Asn+Lys+Ile;0.781,247.123,1+ALB+ALT+NEFA+Asn+Ile;0.781,247.311,1+ALB+BUN+Asn+Lys+Trp;0.781,251.249,1+ALB+Asn+Lys+Tyr+Trp;0.781,249.061,1+ALB+Asn+Thr+Orn+Ile;0.781,247.905,1+ALB+Glc+Asn+Arg+Ile;0.781,246.271,1+ALB+ALT+Asn+Thr+Orn;0.781,250.755,1+ALB+Asn+Orn+Tyr+Trp;0.781,246.998,1+ALB+ALT+Asn+Thr+Ile;0.781,247.781,1+ALB+BUN+Asn+Lys+Tyr;0.781,244.690,1+ALB+BUN+Asn+Asp+Trp;0.780,247.104,1+ALB+ALT+BHBA+Asn+Ile;0.780,247.775,1+ALB+BUN+gGT+Asn+Ile;0.780,247.545,1+ALB+Glc+His+Asn+Orn;0.780,250.028,1+ALB+T-BIL+Asn+Lys+Ile;0.780,245.774,1+ALB+BUN+His+Asn+Arg;0.780,246.608,1+ALB+ALT+His+Asn+Ile;0.780,249.418,1+ALB+NEFA+Glc+His+Asn;0.780,250.115,1+ALB+BHBA+Asn+Lys+Ile;0.780,248.221,1+ALB+NEFA+His+Asn+Orn;0.780,246.850,1+ALB+ALT+Glc+Asn+Thr;0.780,247.153,1+ALB+ALT+Asn+Orn+Tyr;0.780,246.544,1+ALB+BUN+NEFA+His+Asn;0.780,247.370,1+ALB+BUN+NEFA+Asn+Trp;0.780,246.891,1+ALB+AST+Asn+Arg+Ile;0.780,249.628,1+ALB+Ca+Asn+Orn+Ile;0.780,247.432,1+ALB+BUN+Asn+Orn+Trp;0.780,246.884,1+ALB+BUN+His+Asn+Ile;0.780,247.860,1+ALB+BUN+BHBA+Asn+Ile;0.780,247.111,1+ALB+BUN+Asn+3MeHis+Tyr;0.780,247.082,1+ALB+ALT+T-BIL+Asn+Ile;0.780,249.779,1+ALB+T-BIL+Asn+Orn+Ile;0.780,250.007,1+ALB+His+Asn+Thr+Lys;0.779,247.995,1+ALB+BUN+Asn+Tyr+Phe;0.779,250.174,1+ALB+gGT+Asn+Lys+Ile;0.779,251.443,1+ALB+NEFA+Asn+Tyr+Trp;0.779,246.539,1+ALB+AST+ALT+Asn+Ile;0.779,247.590,1+ALB+BUN+Ca+Asn+Ile;0.779,247.813,1+ALB+BUN+Asn+Arg+Tyr;0.779,248.254,1+ALB+His+Asn+Thr+Orn;0.779,243.753,1+ALB+BUN+Asn+3MeHis+Asp;0.779,2

46.169,1+ALB+ALT+Asn+Thr+Lys;0.779,247.424,1+ALB+BUN+Asn+Phe+Trp;0.779,246.770,1+ALB+BUN+Asn+Thr+Lys;0.779,247.872,1+ALB+BUN+NEFA+Asn+Thr;0.779,246.985,1+ALB+ALT+NEFA+His+Asn;0.779,249.937,1+ALB+NEFA+Glc+Asn+Ile;0.779,247.817,1+ALB+BUN+NEFA+Asn+Lys;0.779,249.745,1+ALB+gGT+Asn+Orn+Ile;0.778,251.713,1+ALB+Asn+Tyr+Phe+Trp;0.778,247.192,1+ALB+ALT+gGT+Asn+Ile;0.778,247.381,1+ALB+BUN+Asn+Arg+Trp;0.778,249.303,1+ALB+BHBA+Asn+Arg+Ile;0.778,248.252,1+ALB+BUN+Asn+Orn+Tyr;0.778,247.424,1+ALB+ALT+Asn+Val+Trp;0.778,249.930,1+ALB+Ca+Asn+Lys+Ile;0.778,244.034,1+ALB+ALT+Asn+3MeHis+Asp;0.778,247.816,1+ALB+Asn+Asp+Tyr+Trp;0.778,249.035,1+ALB+AST+Asn+Tyr+Trp;0.778,251.890,1+ALB+NEFA+BHBA+Asn+Ile;0.778,247.663,1+ALB+ALT+NEFA+Asn+Thr;0.778,247.741,1+ALB+ALT+BHBA+Asn+Thr;0.778,244.216,1+ALB+ALT+Asn+Asp+Tyr;0.778,247.069,1+ALB+Ca+ALT+Asn+Ile;0.778,245.959,1+ALB+ALT+Asn+Arg+Trp;0.778,247.364,1+ALB+ALT+Asn+Orn+Val;0.778,246.867,1+ALB+BUN+T-BIL+His+Asn;0.778,247.316,1+ALB+ALT+NEFA+Glc+Asn;0.778,249.779,1+ALB+T-BIL+Asn+Arg+Ile;0.778,252.443,1+ALB+NEFA+Asn+Tyr+Phe;0.778,248.036,1+ALB+BUN+Asn+Lys+Val;0.778,246.754,1+ALB+ALT+Glc+Asn+Orn;0.778,247.334,1+ALB+ALT+Asn+3MeHis+Trp;0.778,247.319,1+ALB+AST+His+Asn+Orn;0.778,246.960,1+ALB+ALT+His+Asn+Thr;0.778,249.183,1+ALB+NEFA+His+Asn+Lys;0.778,248.365,1+ALB+BUN+NEFA+Asn+Tyr;0.778,245.754,1+ALB+BUN+AST+Asn+Trp;0.777,247.686,1+ALB+ALT+T-BIL+Asn+Thr;0.777,251.795,1+ALB+Asn+Tyr+Val+Trp;0.777,245.307,1+ALB+BUN+NEFA+Asn+Asp;0.777,247.732,1+ALB+ALT+gGT+Asn+Thr;0.777,247.216,1+ALB+ALT+Asn+Lys+Tyr;0.777,245.568,1+ALB+ALT+His+Asn+Lys;0.777,247.595,1+ALB+BUN+Asn+3MeHis+Lys;0.777,247.482,1+ALB+ALT+NEFA+Asn+Trp;0.777,248.147,1+ALB+BUN+T-BIL+Asn+Thr;0.777,248.494,1+ALB+BUN+Asn+Orn+Val;0.777,247.462,1+ALB+BUN+Asn+Thr+Orn;0.777,251.568,1+ALB+NEFA+Asn+Lys+Tyr;0.777,250.743,1+ALB+NEFA+Asn+Arg+Tyr;0.777,247.664,1+ALB+BUN+Asn+Arg+Trp;0.777,248.944,1+ALB+gGT+His+Asn+Orn;0.777,247.827,1+ALB+BUN+NEFA+Glc+Asn;0.777,246.391,1+ALB+ALT+Glc+Asn+Arg;0.777,248.142,1+ALB+BUN+NEFA+Asn+Phe;0.777,245.481,1+ALB+BUN+Asn+Asp+Lys;0.777,247.415,1+ALB+ALT+Asn+3MeHis+Phe;0.777,247.551,1+ALB+ALT+NEFA+T-BIL+Asn;0.777,247.175,1+ALB+BUN+His+Asn+Thr;0.777,246.060,1+ALB+BUN+AST+His+Asn;0.777,249.538,1+ALB+gGT+Asn+Arg+Ile;0.777,244.700,1+ALB+ALT+Asn+Asp+Trp;0.777,247.109,1+ALB+AST+ALT+Asn+Thr;0.777,247.146,1+ALB+ALT+gGT+His+Asn;0.777,247.843,1+ALB+BUN+Glc+Asn+Lys;0.777,249.468,1+ALB+Glc+His+Asn+Lys;0.776,247.147,1+ALB+ALT+BHBA+His+Asn;0.776,248.899,1+ALB+T-BIL+His+Asn+Orn;0.776,248.894,1+ALB+His+Asn+Orn+Lys;0.776,247.321,1+ALB+BUN+AST+Asn+Tyr;0.776,247.665,1+ALB+BUN+Glc+Asn+Thr;0.776,248.499,1+ALB+BUN+Asn+3MeHis+Tyr;0.776,249.009,1+ALB+BHBA+His+Asn+Orn;0.776,250.580,1+ALB+NEFA+Asn+Thr+Lys;0.776,247.144,1+ALB+ALT+T-BIL+His+Asn;0.776,249.515,1+ALB+Asn+Arg+Thr+Ile;0.776,246.612,1+ALB+AST+ALT+Asn+Trp;0.776,247.306,1+ALB+ALT+Asn+3MeHis+Orn;0.776,248.054,1+ALB+ALT+Asn+3MeHis+Tyr;0.776,248.563,1+ALB+BUN+NEFA+T-BIL+Asn;0.776,247.146,1+ALB+ALT+Asn+Orn+Trp;0.776,244.910,1+ALB+ALT+Asn+Arg+Asp;0.776,251.143,1+ALB+NEFA+His+Asn+Ile;0.776,246.671,1+ALB+BUN+AST+Asn+Thr;0.776,247.995,1+ALB+BUN+Asn+3MeHis+Phe;0.776,248.234,1+ALB+ALT+NEFA+Asn+Tyr;0.776,246.500,1+ALB+ALT+Asn+3MeHis+Arg;0.776,248.359,1+ALB+BUN+NEFA+Asn+3MeHis;0.776,247.301,1+ALB+ALT+Asn+Phe+Trp;0.776,246.909,1+ALB+BUN+AST+Asn+3MeHis;0.776,247.668,1+ALB+Ca+ALT+Asn+Thr;0.776,248.130,1+ALB+BUN+T-BIL+Asn+Lys;0.776,246.664,1+ALB+ALT+Asn+Arg+Trp;0.776,248.671,1+ALB+BUN+Asn+Val+Phe;0.776,248.335,1+ALB+BUN+NEFA+Asn+Orn;0.776,248.561,1+ALB+BUN+Asn+3MeHis+Val;0.776,247.397,1+ALB+ALT+T-BIL+Glc+Asn;0.776,248.055,1+ALB+BUN+T-BIL+Glc+Asn;0.776,251.238,1+ALB+Asn+3MeHis+Tyr+Trp;0.776,248.620,1+ALB+BUN+NEFA+BHBA+Asn;0.776,247.137,1+ALB+BUN+Ca+His+Asn;0.776,247.386,1+ALB+ALT+gGT+Glc+Asn;0.776,248.160,1+ALB+BUN+NEFA+Asn+Arg;0.776,251.376,1+ALB+NEFA+T-BIL+Asn+Ile;0.776,247.332,1+ALB+ALT+BHBA+Glc+Asn;0.776,251.696,1+ALB+NEFA+Asn+Orn+Tyr;0.776,249.264,1+ALB+AST+NEFA+Asn+Ile;0.775,252.118,1+ALB+NEFA+Asn+Thr+Ile;0.775,246.884,1+ALB+ALT+Asn+Arg+Val;0.775,

247.748, 1+ALB+ALT+NEFA+Asn+Phe; 0.775, 248.128, 1+ALB+BUN+Asn+3MeHis+Orn; 0.775, 248.569, 1+ALB+NEFA+His+Asn+Arg; 0.775, 245.758, 1+ALB+BUN+Asn+Asp+Phe; 0.775, 247.171, 1+ALB+ALT+Asn+Lys+Trp; 0.775, 246.939, 1+ALB+BUN+AST+Asn+Lys; 0.775, 248.591, 1+ALB+BUN+NEFA+Asn+Val; 0.775, 248.857, 1+ALB+Ca+His+Asn+Orn; 0.775, 252.228, 1+ALB+Asn+Orn+Tyr+Phe; 0.775, 247.502, 1+ALB+ALT+BHBA+Asn+Orn; 0.775, 248.253, 1+ALB+ALT+NEFA+BHBA+Asn; 0.775, 246.715, 1+ALB+BUN+AST+Glc+Asn; 0.775, 251.772, 1+ALB+Asn+Arg+Lys+Tyr; 0.775, 246.970, 1+ALB+ALT+NEFA+Asn+Arg; 0.775, 247.243, 1+ALB+BUN+gGT+His+Asn; 0.775, 248.483, 1+ALB+His+Asn+Arg+Orn; 0.775, 246.931, 1+ALB+ALT+BHBA+Asn+Arg; 0.775, 250.450, 1+ALB+T-BIL+His+Asn+Lys; 0.775, 248.283, 1+ALB+BUN+BHBA+Asn+Lys; 0.775, 247.784, 1+ALB+BUN+Asn+3MeHis+Arg; 0.775, 249.678, 1+ALB+Ca+Asn+Arg+Ile; 0.775, 248.348, 1+ALB+BUN+gGT+Asn+Lys; 0.775, 251.382, 1+ALB+NEFA+BHBA+His+Asn; 0.775, 247.549, 1+ALB+ALT+gGT+Asn+Orn; 0.775, 248.568, 1+ALB+BUN+gGT+NEFA+Asn; 0.775, 247.683, 1+Ala+Trp+ALT+ALB+BUN; 0.775, 248.179, 1+ALB+ALT+Asn+Tyr+Val; 0.775, 248.332, 1+ALB+BUN+gGT+Asn+Thr; 0.775, 244.881, 1+ALB+ALT+Asn+Asp+Lys; 0.775, 246.944, 1+ALB+ALT+Asn+Arg+Orn; 0.775, 245.753, 1+ALB+BUN+Asn+Arg+Asp; 0.775, 247.390, 1+ALB+Ca+ALT+Glc+Asn; 0.775, 248.405, 1+ALB+BUN+Ca+NEFA+Asn; 0.775, 253.156, 1+ALB+Asn+Lys+Tyr+Phe; 0.775, 247.550, 1+ALB+ALT+NEFA+Asn+Orn; 0.775, 248.077, 1+ALB+BUN+Glc+Asn+Orn; 0.775, 248.369, 1+ALB+BUN+Asn+Orn+Lys; 0.775, 248.082, 1+ALB+ALT+NEFA+Asn+3MeHis; 0.775, 246.737, 1+ALB+AST+ALT+His+Asn; 0.775, 246.867, 1+ALB+ALT+Glc+Asn+Lys; 0.775, 246.961, 1+ALB+ALT+gGT+Asn+Arg; 0.775, 245.649, 1+ALB+BUN+Asn+Asp+Val; 0.774, 248.073, 1+ALB+ALT+Asn+3MeHis+Val; 0.774, 248.354, 1+ALB+BUN+Asn+Lys+Phe; 0.774, 247.327, 1+ALB+ALT+T-BIL+Asn+Orn; 0.774, 246.774, 1+ALB+ALT+T-BIL+Asn+Arg; 0.774, 247.107, 1+ALB+BUN+BHBA+His+Asn; 0.774, 245.035, 1+ALB+ALT+Asn+Asp+Orn; 0.774, 246.279, 1+ALB+AST+ALT+Asn+Arg; 0.774, 246.734, 1+ALB+BUN+AST+NEFA+Asn; 0.774, 247.046, 1+ALB+Ca+ALT+His+Asn; 0.774, 247.141, 1+ALB+ALT+Asn+3MeHis+Lys; 0.774, 249.610, 1+ALB+His+Asn+Arg+Lys; 0.774, 245.764, 1+ALB+BUN+Asn+Asp+Orn; 0.774, 248.265, 1+ALB+BUN+Ca+Asn+Thr; 0.774, 245.119, 1+ALB+ALT+NEFA+Asn+Asp; 0.774, 248.591, 1+ALB+BUN+T-BIL+Asn+Orn; 0.774, 247.311, 1+ALB+ALT+Asn+Orn+Phe; 0.774, 248.101, 1+ALB+BUN+Glc+Asn+Arg; 0.774, 248.913, 1+ALB+BUN+T-BIL+BHBA+Asn; 0.774, 247.824, 1+ALB+ALT+Asn+Val+Phe; 0.774, 247.495, 1+ALB+AST+ALT+NEFA+Asn; 0.774, 248.192, 1+ALB+BUN+gGT+Glc+Asn; 0.774, 248.275, 1+ALB+BUN+BHBA+Asn+Thr; 0.774, 248.487, 1+ALB+BUN+T-BIL+Asn+Arg; 0.774, 249.458, 1+ALB+AST+His+Asn+Lys; 0.774, 248.963, 1+ALB+BUN+Asn+Tyr+Val; 0.774, 247.476, 1+ALB+ALT+Asn+Lys+Phe; 0.774, 250.204, 1+ALB+Glc+His+Asn+Ile; 0.774, 250.372, 1+ALB+T-BIL+Glc+His+Asn; 0.774, 247.376, 1+ALB+ALT+Asn+Orn+Lys; 0.774, 250.251, 1+ALB+Asn+3MeHis+Arg+Tyr; 0.774, 251.247, 1+ALB+NEFA+His+Asn+Thr; 0.774, 246.930, 1+ALB+ALT+Asn+Arg+Phe; 0.774, 248.565, 1+ALB+BUN+Asn+Arg+Val; 0.774, 247.021, 1+ALB+BUN+AST+Asn+Orn; 0.774, 246.903, 1+ALB+ALT+Asn+Arg+Lys; 0.774, 251.597, 1+ALB+Asn+Orn+Val+Trp; 0.774, 244.469, 1+ALB+AST+ALT+Asn+Asp; 0.774, 249.487, 1+ALB+Asn+Asp+Orn+Tyr; 0.774, 248.955, 1+ALB+AST+Glc+Asn+Ile; 0.774, 249.659, 1+ALB+AST+Asn+Thr+Lys; 0.774, 248.288, 1+ALB+BUN+Ca+Glc+Asn; 0.774, 245.089, 1+ALB+ALT+Asn+Asp+Phe; 0.774, 248.277, 1+ALB+ALT+NEFA+Asn+Val; 0.774, 249.208, 1+ALB+NEFA+Asn+Asp+Tyr; 0.773, 247.322, 1+ALB+AST+ALT+Asn+Phe; 0.773, 250.872, 1+ALB+NEFA+Asn+Thr+Orn; 0.773, 252.372, 1+ALB+gGT+NEFA+Asn+Ile; 0.773, 247.421, 1+Ala+Phe+ALT+ALB+BUN; 0.773, 244.073, 1+ALB+BUN+AST+Asn+Asp; 0.773, 246.945, 1+ALB+Ca+ALT+Asn+Arg; 0.773, 252.620, 1+ALB+NEFA+BHBA+Asn+Thr; 0.773, 247.500, 1+ALB+ALT+NEFA+Asn+Lys; 0.773, 248.295, 1+ALB+ALT+gGT+NEFA+Asn; 0.773, 248.650, 1+ALB+BUN+gGT+Asn+Orn; 0.773, 251.617, 1+ALB+Asn+3MeHis+Lys+Tyr; 0.773, 247.569, 1+ALB+ALT+gGT+Asn+Lys; 0.773, 248.324, 1+ALB+BUN+Asn+Arg+Lys; 0.773, 247.503, 1+ALB+ALT+T-BIL+Asn+Lys; 0.773, 248.681, 1+ALB+BUN+BHBA+Asn+Orn; 0.773, 248.577, 1+ALB+BUN+Asn+Arg+Orn; 0.773, 251.459, 1+ALB+Asn+3MeHis+Orn+Tyr; 0.773, 247.484, 1+ALB+Ca+ALT+Asn+Orn; 0.773, 251.582, 1+ALB+Asn+3MeHis+Orn+Val; 0.773, 246.817, 1+ALB+AST+ALT+Glc+Asn; 0.773, 245.135, 1+ALB+ALT+Asn+Asp+Val; 0.773, 248.744, 1+ALB+Glc+His+Asn+Arg; 0.773, 247.385, 1+ALB+Asn+3MeHis+Asp+Tyr; 0.773, 247.569, 1+ALB+ALT+BHBA

+Asn+Lys;0.773,248.829,1+ALB+BUN+gGT+T-BIL+Asn;0.773,247.43
1,1+ALB+BUN+AST+gGT+Asn;0.773,253.147,1+ALB+Asn+Lys+Tyr+Val;0.773,250.959,1+ALB+NEFA+T-
BIL+His+Asn;0.773,251.547,1+ALB+Asn+Arg+Orn+Tyr;0.773,247.425,1+ALB+ALT+Asn+Lys+Val;0.773,
248.203,1+ALB+Ca+ALT+NEFA+Asn;0.773,248.260,1+ALB+Ca+ALT+BH
5 BA+Asn;0.773,248.606,1+ALB+BUN+BHBA+Asn+Arg;0.773,249.371,1
+ALB+AST+NEFA+Asn+Trp;0.773,251.538,1+ALB+T-BIL+Asn+Thr+Ly
s;0.773,247.657,1+ALB+AST+ALT+Asn+Tyr;0.773,250.926,1+ALB+g
GT+His+Asn+Lys;0.773,246.902,1+Trp+Phe+ALT+ALB+BUN;0.773,25
1.872,1+ALB+Asn+Arg+Tyr+Val;0.773,248.335,1+ALB+ALT+gGT+BHB
10 A+Asn;0.773,248.557,1+ALB+BUN+Asn+Orn+Phe;0.773,247.474,1+A
LB+BUN+AST+Asn+Val;0.773,248.724,1+ALB+AST+Asn+Thr+Orn;0.77
3,248.217,1+ALB+BUN+Ca+Asn+Lys;0.773,250.873,1+ALB+BHBA+His
+Asn+Lys;0.773,246.969,1+ALB+AST+ALT+Asn+Lys;0.773,247.075,1+ALB+BUN+AST+T-
BIL+Asn;0.773,247.002,1+ALB+BUN+AST+Asn+Arg;0.773,248.717,1+ALB+BUN+Ca+T-
15 BIL+Asn;0.773,251.656,1+ALB+Asn+3MeHis+Lys+Val;0.773,252.067,1+ALB+NEFA+T-BIL+Asn+Thr;0.
773,247.238,1+ALB+BUN+AST+Asn+Phe;0.772,250.747,1+ALB+Ca+Hi
s+Asn+Lys;0.772,248.566,1+ALB+BUN+Ca+Asn+Orn;0.772,251.379,
1+ALB+NEFA+Glc+Asn+Thr;0.772,248.576,1+ALB+BUN+Asn+Arg+Phe;0.772,249.752,1+ALB+T-
BIL+His+Asn+Arg;0.772,247.378,1+ALB+AST+ALT+Asn+3MeHis;0.772,249.465,1+ALB+AST+Asn+Arg+Tyr;0.772,
20 252.237,1+ALB+Asn+Orn+Lys+Tyr;0.772,252.292,1+ALB+NEFA+Asn+
Lys+Val;0.772,246.741,1+ALB+AST+ALT+Asn+Orn;0.772,249.725,1
+ALB+AST+NEFA+Asn+Thr;0.772,249.745,1+ALB+AST+Asn+Orn+Tyr;0.
772,248.034,1+ALB+BUN+BHBA+Glc+Asn;0.772,251.418,1+ALB+gGT+
NEFA+His+Asn;0.772,251.995,1+ALB+Asn+Arg+Tyr+Phe;0.772,251.
25 022,1+ALB+Glc+Asn+Thr+Lys;0.772,249.136,1+ALB+AST+NEFA+His+
Asn;0.772,249.262,1+ALB+AST+Glc+His+Asn;0.772,248.168,1+ALB+Ca+ALT+T-
BIL+Asn;0.772,251.197,1+ALB+Ca+NEFA+His+Asn;0.772,
252.344,1+ALB+NEFA+Asn+Orn+Val;0.772,249.467,1+ALB+Asn+Arg+
Asp+Tyr;0.772,247.298,1+ALB+BUN+AST+BHBA+Asn;0.772,251.022,1+ALB+T-
30 BIL+Glc+Asn+Ile;0.772,248.249,1+ALB+AST+His+Asn+Arg;0.772,250.541,1+ALB+AST+T-
BIL+Asn+Ile;0.772,248.834,1+ALB+BUN+Ca+gGT+Asn;0.772,248.249,1+ALB+Ca+ALT+gGT+Asn;0.772,24
7.662,1+ALB+AST+ALT+gGT+Asn;0.772,248.539,1+ALB+BUN+gGT+Asn
+Arg;0.771,250.851,1+ALB+Glc+His+Asn+Thr;0.771,252.452,1+AL
B+Asn+Orn+Tyr+Val;0.771,252.150,1+ALB+Ca+NEFA+Asn+Ile;0.771,
35 252.667,1+ALB+gGT+NEFA+Asn+Thr;0.771,247.693,1+ALB+AST+ALT+
BHBA+Asn;0.771,248.127,1+BCAA+Phe+ALT+ALB+BUN;0.771,249.782,
1+ALB+AST+Asn+Val+Trp;0.771,250.511,1+ALB+Glc+Asn+Thr+Orn;0.
771,249.625,1+ALB+His+Asn+Arg+Thr;0.771,247.690,1+ALB+AST+ALT+T-
BIL+Asn;0.771,249.996,1+ALB+BHBA+His+Asn+Arg;0.771,247.
40 479,1+ALB+BUN+ALT+3MeHis+Phe;0.771,248.527,1+ALB+BUN+Ca+Asn
+Arg;0.771,251.227,1+ALB+Glc+Asn+Thr+Ile;0.771,248.246,1+ALB+ALT+gGT+T-
BIL+Asn;0.771,248.804,1+ALB+BUN+Ca+BHBA+Asn;0.7
71,248.045,1+ALB+Asn+3MeHis+Asp+Lys;0.771,250.569,1+ALB+AST+Asn+Thr+Ile;0.771,253.115,1+ALB+T-
BIL+Asn+Thr+Ile;0.771,251.360,1+ALB+Asn+3MeHis+Lys+Trp;0.771,250.595,1+Ala+Gly+Trp+
45 ALB+BUN;0.771,249.415,1+ALB+AST+Asn+Orn+Trp;0.771,250.945,1
+ALB+Asn+Thr+Orn+Lys;0.771,252.485,1+ALB+His+Asn+Thr+Ile;0.
771,252.773,1+ALB+Asn+3MeHis+Tyr+Phe;0.771,251.695,1+ALB+NEFA+T-
BIL+Asn+Orn;0.771,247.269,1+ALB+BUN+Ca+AST+Asn;0.771,2
47.485,1+ALB+Ca+ALT+Asn+Lys;0.771,252.129,1+ALB+Asn+Lys+Val+Trp;0.771,248.963,
50 1+ALB+BUN+gGT+BHBA+Asn;0.771,251.681,1+A
LB+Asn+3MeHis+Val+Trp;0.771,251.276,1+ALB+Asn+3MeHis+Orn+Tr
p;0.771,251.028,1+Ala+Trp+Phe+ALB+BUN;0.771,251.816,1+ALB+NEFA+T-
BIL+Glc+Asn;0.771,252.276,1+ALB+NEFA+Asn+Val+Trp;0.770,248.227,1+ALB+ALT+T-
BIL+BHBA+Asn;0.770,249.886,1+ALB+AST+Asn+Lys+Trp;0.770,251.138,1+ALB+NEFA+Asn+Arg+Thr;0.770,248.
55 086,1+Gly+Phe+ALT+ALB+BUN;0.770,249.809,1+ALB+AST+NEFA+Asn+
Lys;0.770,251.352,1+ALB+BHBA+Asn+Thr+Orn;0.770,252.613,1+AL
B+BHBA+His+Asn+Ile;0.770,251.792,1+ALB+NEFA+Asn+3MeHis+Trp;
0.770,250.410,1+ALB+AST+His+Asn+Ile;0.770,247.566,1+Trp+Lys
+ALT+ALB+BUN;0.770,251.088,1+ALB+gGT+Glc+Asn+Ile;0.770,248.
60 244,1+Phe+Tyr+ALT+ALB+BUN;0.770,248.219,1+Phe+ALT+gGT+ALB+B
UN;0.770,251.686,1+ALB+NEFA+Asn+3MeHis+Lys;0.770,253.256,1+ALB+T-
BIL+BHBA+Asn+Ile;0.770,252.046,1+ALB+Asn+3MeHis+Lys+P
he;0.770,252.885,1+ALB+NEFA+Asn+3MeHis+Tyr;0.770,247.663,1+
ALB+AST+ALT+Asn+Val;0.770,250.869,1+ALB+AST+gGT+Asn+Ile;0.7
65 70,253.257,1+ALB+BHBA+Asn+Thr+Ile;0.770,252.263,1+ALB+Asn+L
ys+Phe+Trp;0.770,252.392,1+ALB+NEFA+BHBA+Asn+Lys;0.770,252.

558,1+ALB+NEFA+Asn+Lys+Phe;0.770,251.827,1+ALB+Asn+3MeHis+Phe+Trp;
0.770,250.751,1+ALB+gGT+Glc+His+Asn; 0.770,251.541,1+ALB+NEFA+Glc+Asn+Lys;0.770,252.574,1+ALB+T-
BIL+BHBA+His+Asn;0.770,249.781,1+ALB+gGT+His+Asn+Arg;0.770,251.898,1+ALB+A
sn+Arg+Val+Trp;0.770,247.078,1+ALB+BUN+ALT+Lys+Phe;0.770,24
5 9.483,1+ALB+AST+Asn+Arg+Trp;0.770,251.346,1+ALB+T-BIL+Asn+Thr+Orn;0.770,252.320,1+ALB+T-
BIL+His+Asn+Ile;0.770,251.467,1+ALB+NEFA+Glc+Asn+Arg;0.770,248.076,1+ALB+Asn+3MeHis+Asp+T
rp;0.770,250.893,1+ALB+AST+BHBA+Asn+Ile;0.770,250.904,1+ALB
+AST+Asn+Lys+Tyr;0.770,247.657,1+ALB+BUN+ALT+Orn+Phe;0.770,
248.547,1+ALB+Asn+3MeHis+Asp+Val;0.769,252.329,1+ALB+T-BIL+
10 His+Asn+Thr;0.769,251.738,1+ALB+BHBA+Asn+Thr+Lys;0.769,249.
865,1+ALB+AST+Asn+3MeHis+Lys;0.769,250.197,1+ALB+AST+Asn+Or
n+Val;0.769,251.845,1+ALB+NEFA+Asn+3MeHis+Orn;0.769,250.487,
1+ALB+Asn+Asp+Tyr+Phe;0.769,252.008,1+ALB+NEFA+Asn+Lys+Trp;
0.769,253.105,1+ALB+NEFA+Asn+Tyr+Val;0.769,249.549,1+ALB+AS
15 T+NEFA+Asn+Orn;0.769,251.812,1+ALB+NEFA+T-BIL+Asn+Lys;0.769,
248.229,1+Phe+Glc+ALT+ALB+BUN;0.769,250.914,1+ALB+Asn+3MeHi
s+Arg+Trp;0.769,250.113,1+ALB+AST+NEFA+T-BIL+Asn;0.769,247.
565,1+ALB+AST+Asn+Asp+Trp;0.769,252.460,1+ALB+gGT+His+Asn+I
le;0.769,251.270,1+ALB+Ca+Asn+Thr+Orn;0.769,252.139,1+ALB+A
20 sn+Orn+Lys+Trp;0.769,252.283,1+ALB+NEFA+BHBA+Asn+Orn;0.769,
250.530,1+Ala+Trp+Lys+ALB+BUN;0.769,251.913,1+ALB+NEFA+Asn+
Orn+Trp;0.769,249.900,1+ALB+Ca+His+Asn+Arg;0.769,250.977,1+
ALB+Ca+Glc+His+Asn;0.769,251.118,1+ALB+Asn+Arg+Thr+Orn;0.76
9,253.090,1+ALB+gGT+Asn+Thr+Ile;0.769,247.627,1+Arg+Phe+ALT
25 +ALB+BUN;0.769,248.070,1+Phe+ALT+ALB+BUN+NEFA;0.769,252.800,
1+ALB+Asn+Orn+Lys+Val;0.769,251.281,1+ALB+BHBA+Glc+Asn+Ile;
0.769,251.457,1+ALB+NEFA+Glc+Asn+Orn;0.769,253.490,1+ALB+T-
BIL+BHBA+Asn+Lys;0.769,248.263,1+ALB+BUN+ALT+Val+Phe;0.769,
249.757,1+Ala+Trp+His+ALB+BUN;0.769,251.700,1+ALB+Asn+3MeHi
30 s+Orn+Lys;0.769,252.060,1+ALB+Asn+Orn+Phe+Trp;0.769,248.377,
1+ALB+Asn+3MeHis+Arg+Asp;0.769,251.285,1+ALB+gGT+Asn+Thr+Or
n;0.769,251.767,1+ALB+gGT+Asn+Thr+Lys;0.769,252.589,1+ALB+A
sn+Val+Phe+Trp;0.769,248.093,1+Phe+TG+ALT+ALB+BUN;0.769,249.
816,1+ALB+AST+Asn+Phe+Trp;0.769,251.327,1+ALB+Ca+Glc+Asn+Ile;0.769,250.353,1+ALB+AST+T-
35 BIL+His+Asn;0.769,251.362,1+ALB+Asn+3MeHis+Arg+Orn;0.769,252.803,1+ALB+NEFA+T-BIL+BHBA+As
n;0.769,245.539,1+ALB+BUN+ALT+Asp+Phe;0.769,249.151,1+ALB+A
ST+Asn+3MeHis+Trp;0.769,247.970,1+Phe+TCHO+ALT+ALB+BUN;0.76
9,250.487,1+ALB+BHBA+Glc+His+Asn;0.769,250.302,1+ALB+NEFA+A
sn+Asp+Lys;0.769,249.491,1+ALB+AST+Asn+Arg+Thr;0.769,252.00
40 8,1+Ala+Gly+Lys+ALB+BUN;0.769,252.768,1+ALB+gGT+NEFA+T-BIL+
Asn;0.769,247.592,1+ALB+Ca+AST+ALT+Asn;0.768,252.615,1+ALB+
BHBA+His+Asn+Thr;0.768,247.922,1+Phe+ALT+ALB+BUN+TP;0.768,2
52.371,1+ALB+NEFA+Asn+Phe+Trp;0.768,252.344,1+ALB+Ca+His+Asn+Ile;0.768,252.470,1+ALB+T-
BIL+Glc+Asn+Lys;0.768,252.975,1+ALB+Asn+Orn+Val+Phe;0.768,251.352,1+ALB+NEFA+Asn+3MeHis+Ar
45 g;0.768,247.395,1+Phe+His+ALT+ALB+BUN;0.768,251.326,1+ALB+Asn+Arg+Thr+Lys;0.768,252.196,1+ALB+T-
BIL+Glc+Asn+Thr;0.768,253.024,1+ALB+Ca+Asn+Thr+Ile;0.768,253.440,1+ALB+NEFA+Asn+V
al+Phe;0.768,253.621,1+ALB+T-BIL+BHBA+Asn+Thr;0.768,250.111,
1+ALB+AST+Glc+Asn+Thr;0.768,249.413,1+ALB+AST+Asn+3MeHis+Or
n;0.768,252.540,1+ALB+Ca+NEFA+Asn+Thr;0.768,251.921,1+ALB+A
50 sn+3MeHis+Orn+Phe;0.768,248.611,1+ALB+NEFA+Asn+3MeHis+Asp;O.
768,251.274,1+ALB+Asn+3MeHis+Arg+Lys;0.768,248.194,1+Phe+AL
T+ALB+BUN+Ca;0.768,250.614,1+ALB+Ca+AST+Asn+Ile;0.768,251.418,1+ALB+NEFA+T-
BIL+Asn+Arg;0.768,247.955,1+Phe+ALT+ALB+BUN
+BHBA;0.768,248.058,1+Thr+Phe+ALT+ALB+BUN;0.768,250.306,1+A
55 LB+AST+NEFA+Asn+Tyr;0.768,252.466,1+ALB+Ca+His+Asn+Thr;0.76
8,251.672,1+ALB+Ca+Asn+Thr+Lys;0.768,252.377,1+ALB+NEFA+Asn
+Arg+Val;0.768,248.493,1+ALB+Asn+3MeHis+Asp+Orn;0.768,251.9
23,1+ALB+Asn+Arg+Phe+Trp;0.768,254.003,1+ALB+Asn+Tyr+Val+Ph
e;0.768,248.657,1+ALB+Asn+3MeHis+Asp+Phe;0.768,252.553,1+AL
60 B+NEFA+Asn+Orn+Phe;0.768,251.250,1+Ala+Trp+Arg+ALB+BUN;0.76
8,250.521,1+ALB+NEFA+Asn+Asp+Orn;0.768,251.811,1+ALB+NEFA+A
sn+Arg+Trp;0.768,250.565,1+ALB+AST+His+Asn+Thr;0.768,251.25
8,1+ALB+Glc+Asn+Arg+Thr;0.768,251.297,1+ALB+Asn+3MeHis+Arg+
Val;0.768,252.340,1+ALB+NEFA+Asn+Orn+Lys;0.768,252.011,1+ALB+Asn+Arg+Orn+Trp;
65 0.768,245.550,1+ALB+BUN+ALT+Asp+Lys; 0.768,
249.459,1+ALB+AST+NEFA+Glc+Asn;0.768,252.730,1+ALB+Asn+Arg+Orn+Val; 0.768,248.187,

1+Trp+Arg+ALT+ALB+BUN; 0.767,252.138,1
 +ALB+Asn+Arg+Lys+Trp; 0.767,252.193,1+ALB+NEFA+Asn+Arg+Lys;0.
 767,250.259,1+ALB+Asn+Asp+Orn+Trp;0.767,250.297,1+ALB+Asn+A sp+Lys+Trp;0.767,252.356,1+ALB+Ca+T-
 BIL+His+Asn;0.767,253.223,1+ALB+Ca+T-BIL+Asn+Ile;0.767,250.157,1+ALB+Asn+Asp+Val+T
 5 rp;0.767,252.538,1+ALB+gGT+NEFA+Asn+Lys;0.767,247.885,1+ALB
 +AST+Asn+Asp+Tyr;0.767,253.397,1+ALB+gGT+BHBA+Asn+Ile;0.767,
 252.259,1+ALB+NEFA+Asn+Arg+Orn;0.767,252.463,1+ALB+gGT+T-BI
 L+His+Asn;0.767,253.188,1+ALB+Asn+3MeHis+Tyr+Val;0.767,251.
 331,1+ALB+AST+Asn+Lys+Val;0.767,251.344,1+Ala+BCAA+Trp+ALB+
 10 BUN;0.767,253.602,1+ALB+Asn+Lys+Val+Phe;0.767,251.408,1+Ala
 +Lys+His+ALB+BUN;0.767,252.531,1+ALB+gGT+His+Asn+Thr;0.767,
 250.990,1+BCAA+Trp+Lys+ALB+BUN;0.767,253.025,1+ALB+Asn+Orn+ Lys+Phe;0.767,253.321,1+ALB+gGT+T-
 BIL+Asn+Ile;0.767,252.990, 1+ALB+NEFA+Asn+3MeHis+Val;0.767,250.507,1+ALB+AST+BHBA+Asn+
 Orn;0.767,251.608,1+Ala+Trp+Thr+ALB+BUN;0.767,250.360,1+ALB +AST+T-
 15 BIL+Asn+Orn;0.767,250.595,1+ALB+NEFA+Asn+Arg+Asp;0.7
 67,250.910,1+Ala+Trp+ALB+BUN+TP;0.767,250.509,1+ALB+AST+Asn +Orn+Lys;0.767,253.038,1+ALB+T-
 BIL+Asn+Orn+Lys;0.767,251.503,1+ALB+Asn+3MeHis+Arg+Phe;0.767,250.006,1+ALB+NEFA+Asn+Asp + Trp;
 0.767,251.382,1+Ala+Trp+ALB+BUN+NEFA; 0.767,248.112,1 + P
 he+ALT+AST+ALB+BUN;0.767,251.836,1+ALB+AST+Asn+Tyr+Phe;0.76
 20 6,253.327,1+ALB+Ca+BHBA+Asn+Ile;0.766,252.361,1+ALB+Ca+NEFA
 +Asn+Lys;0.766,253.059,1+ALB+BHBA+Asn+Orn+Lys;0.766,252.083,
 1+ALB+gGT+NEFA+Glc+Asn;0.766,253.062,1+ALB+T-BIL+BHBA+Asn+O
 rn;0.766,250.033,1+ALB+Asn+Asp+Phe+Trp;0.766,252.238,1+ALB+
 NEFA+BHBA+Glc+Asn;0.766,251.590,1+Ala+Trp+TG+ALB+BUN;0.766,
 25 250.758,1+ALB+NEFA+Asn+Asp+Val;0.766,250.794,1+ALB+AST+T-BI L+Asn+Thr; 0.766,246.203,
 1+ALB+BUN+ALT+Asp+Trp; 0.766,251.950, 1+ALB+T-BIL+Asn+Arg+Thr;0.766,252.264,1+ALB+gGT+Glc+Asn+Th
 r;0.766,251.198,1+ALB+Asn+Asp+Lys+Val;0.766,253.331,1+ALB+g
 GT+NEFA+BHBA+Asn;0.766,251.281,1+ALB+AST+Asn+Lys+Phe;0.766,
 248.776,1+ALB+AST+Asn+Asp+Lys;0.766,252.504,1+ALB+gGT+NEFA+
 30 Asn+Orn;0.766,251.556,1+Ala+Trp+Tyr+ALB+BUN;0.766,252.442,1
 +ALB+NEFA+Asn+Arg+Phe;0.766,251.487,1+Ala+Trp+ALB+BUN+BHBA;
 0.766,249.422,1+ALB+AST+NEFA+Asn+Arg;0.766,252.670,1+ALB+NE
 FA+Asn+3MeHis+Phe;0.766,250.068,1+ALB+Asn+Asp+Tyr+Val;0.766, 253.488,1+ALB+gGT+T-
 BIL+Asn+Thr;0.766,250.776,1+ALB+AST+BHB
 35 A+His+Asn;0.766,249.184,1+Ala+Arg+ALT+ALB+BUN;0.766,250.333,
 1+ALB+Asn+Arg+Asp+Trp;0.766,250.918,1+ALB+AST+gGT+His+Asn;0. 766,252.537,1+ALB+Ca+NEFA+T-
 BIL+Asn;0.766,252.409,1+ALB+Ca+ NEFA+Asn+Orn;0.766,250.765,1+ALB+NEFA+Asn+Asp+Phe;0.766,249.
 718,1+Ala+Trp+AST+ALB+BUN;0.766,247.607,1+ALB+AST+NEFA+Asn+ Asp; 0.766,252.879,
 1+ALB+Asn+Arg+Orn+Lys; 0.766,249.761, 1+ALB
 40 +AST+Glc+Asn+Orn;0.766,249.043,1+ALB+AST+Asn+3MeHis+Arg;0.7
 66,251.286,1+ALB+AST+BHBA+Asn+Lys;0.766,253.240,1+ALB+Ca+NE
 FA+BHBA+Asn;0.766,252.024,1+ALB+BHBA+Asn+Arg+Thr;0.766,250.
 477,1+ALB+AST+Asn+Orn+Phe;0.766,253.079,1+ALB+Asn+3MeHis+Va
 1+Phe;0.766,250.448,1+ALB+AST+gGT+Asn+Orn;0.766,250.469,1+A
 45 LB+AST+NEFA+Asn+Phe;0.766,251.258,1+Ala+Trp+TCHO+ALB+BUN;0.
 766,252.108,1+ALB+NEFA+BHBA+Asn+Arg;0.766,252.317,1+ALB+gGT
 +NEFA+Asn+Arg;0.765,252.745,1+ALB+gGT+BHBA+His+Asn;0.765,24
 8.640,1+Lys+Thr+ALT+ALB+BUN;0.765,253.356,1+ALB+Ca+T-BIL+As
 n+Lys;0.765,251.301,1+ALB+AST+gGT+Asn+Lys;0.765,250.955,1+A LB+AST+T-
 50 BIL+Asn+Lys;0.765,247.781,1+Ala+Lys+ALT+ALB+BUN;0.
 765,248.266,1+ALB+BUN+ALT+Arg+Lys;0.765,248.266,1+Arg+Lys+A
 LT+ALB+BUN;0.765,251.063,1+ALB+Asn+Asp+Orn+Val;0.765,248.38
 6,1+Lys+His+ALT+ALB+BUN;0.765,246.081,1+ALB+AST+Asn+3MeHis+
 Asp;0.765,247.689,1+Lys+ALT+ALB+BUN+TP;0.765,252.602,1+ALB+
 55 Ca+BHBA+His+Asn;0.765,252.892,1+ALB+T-BIL+Asn+Arg+Orn;0.765,
 251.584,1+Ala+Trp+gGT+ALB+BUN;0.765,251.610,1+Ala+Trp+Glc+A
 LB+BUN;0.765,250.151,1+ALB+AST+NEFA+Asn+3MeHis;0.765,253.462,1+ALB+Ca+T-
 BIL+Asn+Thr;0.765,252.112,1+ALB+T-BIL+Glc+Asn+
 Orn;0.765,252.206,1+ALB+BHBA+Glc+Asn+Thr;0.765,248.168,1+AL
 60 B+BUN+ALT+3MeHis+Lys;0.765,251.288,1+Trp+Phe+ALB+BUN+TP;0.7
 65,250.526,1+ALB+AST+NEFA+BHBA+Asn;0.765,248.945,1+Trp+ALT+
 ALB+BUN+TP;0.765,253.449,1+ALB+gGT+T-BIL+Asn+Lys;0.765,251.
 119,1+ALB+Asn+Asp+Orn+Lys;0.765,251.080,1+ALB+AST+BHBA+Asn+
 Thr;0.765,253.131,1+ALB+Ca+gGT+Asn+Ile;0.765,252.972,1+ALB+
 65 gGT+Asn+Orn+Lys;0.765,248.751,1+Lys+ALT+ALB+BUN+NEFA;0.765,
 253.009,1+ALB+Ca+BHBA+Asn+Orn;0.765,253.058,1+ALB+Asn+Arg+L ys+Val; 0.765,252.878,

1+ALB+BHBA+Asn+Arg+Orn; 0.765,250.694,1
 +ALB+AST+Asn+Arg+Lys;0.765,253.483,1+ALB+Ca+BHBA+Asn+Lys;0.
 765,252.093,1+ALB+Glc+Asn+Arg+Orn;0.765,252.590,1+ALB+gGT+G
 lc+Asn+Lys;0.765,251.250,1+ALB+Asn+Arg+Asp+Lys;0.765,250.29
 5 9,1+ALB+AST+Asn+Arg+Orn;0.765,252.070,1+Ala+Gly+Trp+AST+AL
 B;0.765,252.465,1+ALB+Ca+Glc+Asn+Thr;0.765,249.945,1+Trp+Ly
 s+ALB+BUN+TP;0.765,251.528,1+Ala+Trp+ALB+BUN+Ca;0.764,251.188,1+ALB+Asn+Arg+Asp+Orn;
 0.764,252.185,1+ALB+Glc+Asn+Orn+Lys;0.764,247.592,1+ALB+BUN+3MeHis+Asp+Lys;0.764,248.713,1+AL
 B+BUN+ALT+T-BIL+Lys;0.764,251.820,1+ALB+gGT+Asn+Arg+Thr;0.7
 10 64,252.840,1+ALB+Asn+Arg+Orn+Phe;0.764,250.940,1+ALB+Asn+As
 p+Lys+Phe;0.764,250.704,1+ALB+Ca+AST+His+Asn;0.764,253.620,
 1+ALB+gGT+BHBA+Asn+Thr;0.764,252.569,1+ALB+BHBA+Glc+Asn+Ly
 s;0.764,248.613,1+ALB+BUN+ALT+Lys+Ile;0.764,250.301,1+Trp+L
 ys+His+ALB+BUN;0.764,251.187,1+ALB+AST+gGT+Asn+Thr;0.764,25
 15 2.161,1+ALB+Ca+NEFA+Glc+Asn;0.764,253.555,1+Ala+Gly+Lys+AST +ALB;0.764,253.065,1+ALB+T-
 BIL+Asn+Arg+Lys;0.764,248.805,1+ Lys+ALT+gGT+ALB+BUN;0.764,250.523,1+ALB+AST+Glc+Asn+Lys;0.7
 64,250.798,1+ALB+AST+Asn+3MeHis+Tyr;0.764,252.148,1+ALB+BHB
 A+Glc+Asn+Orn;0.764,250.585,1+ALB+AST+NEFA+Asn+Val;0.764,25
 2.382,1+ALB+Glc+Asn+Arg+Lys;0.764,248.797,1+ALB+AST+Asn+Arg
 20 +Asp;0.764,251.291,1+Lys+His+ALB+BUN+TP;0.764,253.026,1+ALB +gGT+T-
 BIL+Asn+Orn;0.764,248.515,1+ALB+AST+Asn+Asp+Orn;0.764,253.005,1+ALB+Ca+T-
 BIL+Asn+Orn;0.764,252.326,1+ALB+T-BIL+ Glc+Asn+Arg; 0.764,253.136, 1+ALB+BHBA+Asn+Arg+Lys; 0.764,251.
 067,1+ALB+Asn+Asp+Orn+Phe;0.764,250.379,1+ALB+Ca+AST+Asn+Or
 n;0.764,251.041,1+ALB+Ca+AST+Asn+Thr;0.764,253.576,1+ALB+Ca
 25 +BHBA+Asn+Thr;0.764,252.800,1+ALB+Ca+Asn+Arg+Orn;0.764,253.
 585,1+ALB+gGT+BHBA+Asn+Lys;0.764,251.948,1+ALB+Ca+Asn+Arg+T
 hr;0.764,252.692,1+ALB+Ca+Glc+Asn+Lys;0.764,252.932,1+ALB+C
 a+Asn+Orn+Lys;0.764,253.011,1+ALB+gGT+BHBA+Asn+Orn;0.764,25
 1.661,1+Ala+Lys+ALB+BUN+NEFA;0.764,252.749,1+ALB+gGT+Asn+Ar
 30 g+Orn;0.764,251.629,1+ALB+BUN+Lys+Val+Trp;0.763,251.973,1+B
 CAA+Trp+Phe+ALB+BUN;0.763,248.825,1+Lys+TG+ALT+ALB+BUN;0.76
 3,251.188,1+ALB+Ca+AST+Asn+Lys;0.763,253.043,1+Gly+Lys+AST+
 ALB+TP;0.763,252.949,1+ALB+Asn+Arg+Lys+Phe;0.763,252.998,1+
 Ala+Gly+Phe+ALB+BUN;0.763,248.693,1+Lys+Tyr+ALT+ALB+BUN;0.7
 35 63,249.163,1+Arg+Thr+ALT+ALB+BUN;0.763,248.830,1+ALB+BUN+AL
 T+Orn+Lys;0.763,253.221,1+ALB+Asn+Arg+Val+Phe;0.763,248.828,
 1+Gly+Lys+ALT+ALB+BUN;0.763,252.317,1+ALB+Ca+NEFA+Asn+Arg;0.
 763,250.047,1+Trp+ALT+gGT+ALB+BUN;0.763,250.098,1+ALB+AST+G
 lc+Asn+Arg;0.763,252.530,1+ALB+Ca+gGT+His+Asn;0.763,252.160,
 40 1+ALB+Ca+Glc+Asn+Orn;0.763,250.428,1+ALB+AST+gGT+NEFA+Asn;0.
 763,252.413,1+ALB+BHBA+Glc+Asn+Arg;0.763,253.023,1+BCAA+Lys
 +Phe+ALB+BUN;0.763,252.671,1+Ala+Lys+Phe+ALB+BUN;0.763,251.
 636,1+Trp+Lys+Phe+ALB+BUN;0.763,248.861,1+Lys+Glc+ALT+ALB+B
 UN;0.763,249.278,1+ALB+BUN+Asp+Lys+Trp;0.763,250.724,1+ALB+ AST+Asn+Arg+Val;0.763,253.165,1+ALB+T-
 45 BIL+BHBA+Asn+Arg;0.763,254.122,1+Ala+Gly+Trp+Lys+ALB;0.763,256.142,1+Ala+Gly+BCA
 A+Lys+ALB;0.763,248.593,1+Lys+ALT+ALB+BUN+BHBA;0.763,250.59
 4,1+ALB+AST+Asn+Arg+Phe;0.762,252.022,1+ALB+gGT+Glc+Asn+Or
 n;0.762,248.874,1+ALB+BUN+ALT+Lys+Val;0.762,249.064,1+ALB+B
 UN+ALT+Orn+Trp;0.762,251.968,1+Trp+Lys+AST+ALB+TP;0.762,253.
 50 442,1+ALB+Ca+gGT+Asn+Thr;0.762,250.238,1+Trp+Phe+His+ALT+AL
 B;0.762,254.848,1+Ala+Gly+Lys+His+ALB;0.762,250.969,1+ALB+A
 ST+gGT+Glc+Asn;0.762,253.043,1+ALB+gGT+T-BIL+Asn+Arg;0.762,
 248.817,1+BCAA+Lys+ALT+ALB+BUN;0.762,250.658,1+Gly+Trp+Phe+
 ALT+ALB;0.762,253.406,1+ALB+Ca+gGT+Asn+Lys;0.762,252.859,1+ ALB+gGT+T-
 55 BIL+Glc+Asn;0.762,251.919,1+Trp+Lys+gGT+ALB+BUN;0.
 762,255.139,1+Ala+Gly+Trp+Phe+ALB;0.762,253.807,1+Ala+Gly+T
 rp+Arg+ALB;0.762,250.052,1+Gly+Arg+Phe+ALT+ALB;0.762,251.65
 9,1+ALB+AST+Asn+Tyr+Val;0.762,251.457,1+ALB+Asn+Arg+Asp+Va 1; 0.762,251.821,1+Lys+Phe+His+ALB+BUN;
 0.762,249.487, 1 + Trp+T hr+ALT+ALB+BUN;0.762,250.502,1+ALB+AST+T-BIL+Asn+Arg;0.762,
 60 254.308,1+ALB+Ca+T-BIL+BHBA+Asn;0.762,250.952,1+ALB+BUN+3Me
 His+Lys+Trp;0.762,250.731,1+ALB+AST+BHBA+Asn+Arg;0.762,248.
 365,1+Lys+TCHO+ALT+ALB+BUN;0.762,251.673,1+Gly+Trp+Lys+ALB+
 BUN;0.762,252.180,1+Lys+AST+ALB+TP+NEFA;0.762,253.025,1+ALB
 +Ca+Asn+Arg+Lys;0.762,250.960,1+Ala+Gly+Lys+ALT+ALB;0.762,2
 65 51.574,1+ALB+BUN+3MeHis+Lys+Phe;0.762,251.618,1+Trp+Lys+ALB
 +BUN+NEFA;0.762,251.618,1+ALB+BUN+NEFA+Lys+Trp;0.762,252.95

5, 1+Ala+Gly+Arg+AST+ALB; 0.762,250.330, 1+ALB+Ca+AST+NEFA+Asn; 0.762,250.828, 1+BCAA+Lys+Phe+ALT+ALB; 0.762,252.975, 1+ALB+gGT+Asn+Arg+Lys; 0.762,250.695, 1+ALB+AST+Asn+3MeHis+Phe; 0.762,253.285, 1+ALB+Ca+gGT+NEFA+Asn; 0.762,254.307, 1+ALB+gGT+T-BIL+BHBA+Asn; 0.762,248.560, 1+Lys+ALT+AST+ALB+BUN; 0.762,250.353, 1+ALB+BUN+AST+Lys+Trp; 0.762,250.353, 1+Trp+Lys+AST+ALB+BUN; 0.762,253.079, 1+ALB+T-BIL+BHBA+Glc+Asn; 0.762,250.966, 1+ALB+ALT+Orn+Tyr+Phe; 0.762,250.828, 1+ALB+AST+Asn+3MeHis+Val; 0.762,249.655, 1+Trp+TCHO+ALT+ALB+BUN; 0.761,251.691, 1+ALB+AST+T-BIL+BHBA+Asn; 0.761,253.150, 1+ALB+Ca+T-BIL+Asn+Arg; 0.761,252.889, 1+ALB+Ca+gGT+Asn+Orn; 0.761,253.069, 1+ALB+gGT+BHBA+Asn+Arg; 0.761,251.468, 1+Ala+Gly+Trp+ALT+ALB; 0.761,250.694, 1+Ala+Gly+Arg+ALT+ALB; 0.761,249.907, 1+Trp+Arg+Phe+ALT+ALB; 0.761,250.239, 1+ALB+ALT+Orn+Phe+Trp; 0.761,250.454, 1+ALB+AST+T-BIL+Glc+Asn; 0.761,250.539, 1+Gly+Lys+Phe+ALT+ALB; 0.761,252.948, 1+Ala+BCAA+Lys+ALB+BUN; 0.761,256.425, 1+Ala+Gly+Lys+TG+ALB; 0.761,252.473, 1+Trp+Phe+Tyr+ALB+BUN; 0.761,249.909, 1+ALB+ALT+3MeHis+Lys+Phe; 0.761,251.888, 1+Trp+Lys+Tyr+ALB+BUN; 0.761,249.968, 1+Trp+TG+ALT+ALB+BUN; 0.761,248.788, 1+Lys+ALT+ALB+BUN+Ca; 0.761,251.819, 1+Trp+Arg+Lys+ALB+BUN; 0.761,251.926, 1+Trp+Lys+TG+ALB+BUN; 0.761,252.443, 1+ALB+Ca+Glc+Asn+Arg; 0.761,253.052, 1+ALB+Ca+T-BIL+Glc+Asn; 0.761,250.271, 1+Ala+Trp+Arg+ALT+ALB; 0.761,251.976, 1+Lys+His+ALB+BUN+NEFA; 0.761,253.154, 1+Ala+Lys+Thr+ALB+BUN; 0.761,251.275, 1+ALB+Asn+Arg+Asp+Phe; 0.761,250.883, 1+Trp+Phe+His+ALB+BUN; 0.761,250.301, 1+Trp+Lys+Phe+ALT+ALB; 0.761,250.737, 1+ALB+AST+gGT+Asn+Arg; 0.761,252.657, 1+Ala+Phe+ALB+BUN+NEFA; 0.761,252.567, 1+ALB+BUN+3MeHis+Lys+Val; 0.761,251.572, 1+ALB+Asn+Asp+Val+Phe; 0.761,247.995, 1+ALB+BUN+ALT+Arg+Asp; 0.761,251.291, 1+ALB+BUN+AST+3MeHis+Lys; 0.761,253.194, 1+ALB+Ca+BHBA+Asn+Arg; 0.761,250.958, 1+Ala+Trp+Phe+ALT+ALB; 0.761,251.076, 1+BCAA+Trp+Phe+ALT+ALB; 0.761,250.684, 1+Gly+Lys+ALT+ALB+TP; 0.761,256.419, 1+Ala+Gly+Lys+Tyr+ALB; 0.761,250.915, 1+ALB+ALT+Orn+Val+Phe; 0.761,252.230, 1+Gly+Lys+ALB+BUN+TP; 0.761,249.033, 1+ALB+AST+Asn+Asp+Val; 0.760,256.418, 1+Ala+Gly+Lys+Glc+ALB; 0.760,256.421, 1+Ala+Gly+Lys+Thr+ALB; 0.760,252.263, 1+Gly+Trp+Phe+ALB+BUN; 0.760,250.127, 1+ALB+ALT+3MeHis+Orn+Phe; 0.760,252.162, 1+ALB+BUN+NEFA+3MeHis+Lys; 0.760,252.644, 1+Trp+Phe+TG+ALB+BUN; 0.760,249.991, 1+BCAA+Trp+ALT+ALB+BUN; 0.760,253.147, 1+Ala+Lys+Glc+ALB+BUN; 0.760,249.394, 1+ALB+BUN+ALT+3MeHis+Arg; 0.760,250.036, 1+ALB+BUN+ALT+3MeHis+Trp; 0.760,249.887, 1+ALB+BUN+ALT+Val+Trp; 0.760,250.058, 1+Trp+ALT+ALB+BUN+BHBA; 0.760,250.161, 1+ALB+BUN+Asp+Phe+Trp; 0.760,250.925, 1+Gly+Lys+ALT+AST+ALB; 0.760,255.071, 1+Gly+BCAA+Lys+AST+ALB; 0.760,251.494, 1+ALB+Ca+AST+T-BIL+Asn; 0.760,251.919, 1+ALB+BUN+Orn+Lys+Trp; 0.760,249.589, 1+Trp+Arg+ALT+AST+ALB; 0.760,250.045, 1+Lys+Phe+His+ALT+ALB; 0.760,253.182, 1+Ala+Lys+Tyr+ALB+BUN; 0.760,250.273, 1+Ala+Thr+ALT+ALB+BUN; 0.760,250.662, 1+Arg+Phe+Tyr+ALT+ALB; 0.760,255.606, 1+Ala+Gly+Lys+ALB+TP; 0.760,250.934, 1+ALB+ALT+NEFA+Orn+Phe; 0.760,253.432, 1+Ala+Trp+Lys+His+ALB; 0.760,250.736, 1+Trp+Phe+ALT+ALB+TP; 0.760,251.968, 1+ALB+AST+Asn+Val+Phe; 0.760,252.977, 1+Lys+Thr+His+ALB+BUN; 0.760,250.805, 1+Trp+Phe+TCHO+ALT+ALB; 0.760,256.248, 1+Ala+Gly+Lys+Phe+ALB; 0.760,251.902, 1+Trp+Lys+Thr+ALB+BUN; 0.760,251.932, 1+Trp+Lys+Glc+ALB+BUN; 0.760,250.501, 1+Trp+Arg+Tyr+ALT+ALB; 0.760,251.211, 1+Trp+Phe+ALT+gGT+ALB; 0.760,253.368, 1+Gly+Arg+Lys+AST+ALB; 0.760,251.652, 1+ALB+AST+gGT+T-BIL+Asn; 0.760,252.728, 1+Ala+Lys+TCHO+ALB+BUN; 0.760,252.292, 1+Lys+Phe+ALB+BUN+NEFA; 0.760,251.188, 1+Trp+Phe+Tyr+ALT+ALB; 0.760,251.210, 1+Trp+Phe+TG+ALT+ALB; 0.760,249.642, 1+ALB+ALT+Arg+Lys+Ile; 0.760,253.763, 1+ALB+BUN+Thr+Lys+Ile; 0.760,251.591, 1+Ala+Gly+Phe+ALT+ALB; 0.760,252.287, 1+Trp+Phe+ALB+BUN+NEFA; 0.760,249.959, 1+ALB+BUN+ALT+Arg+Orn; 0.760,250.124, 1+Trp+Glc+ALT+ALB+BUN; 0.760,253.124, 1+Gly+Lys+Phe+ALB+BUN; 0.760,251.633, 1+Trp+Lys+TCHO+ALB+BUN; 0.760,250.574, 1+ALB+ALT+Arg+Thr+Ile; 0.760,248.914, 1+ALB+ALT+Asp+Phe+Trp; 0.760,255.475, 1+Ala+Gly+Trp+TG+ALB; 0.760,252.081, 1+ALB+BUN+T-BIL+His+Lys; 0.760,254.840, 1+Gly+Lys+His+AST+ALB; 0.760,251.844, 1+Trp+Lys+ALB+BUN+Ca; 0.760,252.305, 1+Ala+Lys+ALB+BUN+TP; 0.760,252.905, 1+ALB+gGT+BHBA+Glc+Asn; 0.760,256.386, 1+Ala+Gly+Lys+gGT+ALB; 0.760,251.778, 1+Trp+Lys+ALB+BUN+BHBA; 0.760,248.913, 1+ALB+AST+Asn+Asp+Phe; 0.760,254.436, 1+Lys+His+AST+ALB+TP; 0.760,252.869, 1+AL

B+BUN+His+Orn+Lys;0.760,252.554,1+Trp+Lys+His+ALB+TP;0.760,
 251.090,1+Lys+AST+ALB+BUN+TP;0.760,253.175,1+Ala+Lys+TG+ALB
 +BUN;0.760,251.620,1+ALB+BUN+3MeHis+Phe+Trp;0.760,254.052,1
 +Ala+Lys+His+ALB+NEFA;0.760,251.207,1+Trp+Phe+ALT+ALB+BHBA;
 5 0.760,251.236,1+Trp+Phe+Glc+ALT+ALB;0.759,249.579,1+Arg+Phe
 +His+ALT+ALB;0.759,255.457,1+Ala+Gly+Trp+Glc+ALB;0.759,251.
 462,1+Lys+ALB+BUN+TP+NEFA;0.759,251.686,1+Ala+Lys+AST+ALB+BUN;0.759,251.956,
 1+ALB+AST+gGT+BHBA+Asn;0.759,251.795,1+Gly
 +Phe+His+ALT+ALB;0.759,252.422,1+Gly+Lys+AST+ALB+BUN;0.759,
 10 253.014,1+Ala+Arg+Lys+ALB+BUN;0.759,252.536,1+ALB+BUN+Val+P
 he+Trp;0.759,252.540,1+ALB+BUN+3MeHis+Orn+Lys;0.759,250.542,
 1+Ala+Trp+Lys+ALT+ALB;0.759,250.851,1+Ala+Arg+Phe+ALT+ALB;0.
 759,252.657,1+Trp+Phe+gGT+ALB+BUN;0.759,250.314,1+Arg+Lys+P
 he+ALT+ALB;0.759,251.243,1+Trp+Thr+Phe+ALT+ALB;0.759,253.25
 15 5,1+Ala+Trp+Lys+AST+ALB;0.759,250.072,1+Trp+ALT+ALB+BUN+NEF
 A;0.759,250.514,1+BCAA+Trp+Arg+ALT+ALB;0.759,250.060,1+ALB+
 AST+ALT+Lys+Trp;0.759,250.060,1+Trp+Lys+ALT+AST+ALB;0.759,2
 50.582,1+Trp+Phe+ALT+AST+ALB;0.759,250.905,1+ALB+Ca+AST+Glc+Asn;0.759,250.643,
 1+ALB+ALT+NEFA+Arg+Phe;0.759,250.643,1+A
 20 rg+Phe+ALT+ALB+NEFA;0.759,250.263,1+Arg+Glc+ALT+ALB+BUN;0.7
 59,251.242,1+ALB+ALT+Val+Phe+Trp;0.759,253.041,1+ALB+Ca+gGT
 +Glc+Asn;0.759,255.191,1+Ala+Gly+Arg+Lys+ALB;0.759,249.932,
 1+Trp+Arg+Lys+ALT+ALB;0.759,253.019,1+Phe+His+ALB+BUN+NEFA;
 0.759,251.631,1+Trp+Arg+ALB+BUN+TP;0.759,249.466,1+Trp+Arg+
 25 His+ALT+ALB;0.759,250.163,1+Arg+Tyr+ALT+ALB+BUN;0.759,250.6
 49,1+ALB+Ca+AST+Asn+Arg;0.759,250.004,1+Arg+ALT+ALB+BUN+TP;
 0.759,250.567,1+ALB+ALT+3MeHis+Phe+Trp;0.759,250.000,1+Trp+
 ALT+ALB+BUN+Ca;0.759,251.150,1+ALB+ALT+Lys+Val+Phe;0.759,25
 1.155,1+Trp+Phe+ALT+ALB+NEFA;0.759,250.658,1+Lys+Phe+ALT+AL
 30 B+TP;0.759,253.535,1+Gly+Trp+Lys+ALB+TP;0.759,252.539,1+ALB
 +BUN+3MeHis+Lys+Tyr;0.759,252.651,1+Trp+Phe+Glc+ALB+BUN;0.7
 59,252.656,1+Trp+Thr+Phe+ALB+BUN;0.759,250.128,1+Arg+TG+ALT
 +ALB+BUN;0.759,251.078,1+Ala+Lys+Phe+ALT+ALB;0.759,250.751,
 1+Lys+Phe+ALT+ALB+NEFA;0.759,251.372,1+Lys+AST+ALB+BUN+NEF
 35 A;0.759,255.117,1+Gly+Lys+Glc+AST+ALB;0.759,256.315,1+Ala+G
 ly+Lys+ALB+BHBA;0.759,255.531,1+Ala+Gly+Trp+ALB+BHBA;0.759,250.036,1+Trp+His+ALT+ALB+BUN;0.759,
 250.373,1+Arg+ALT+gGT+ALB+BUN;0.759,253.294,1+BCAA+Trp+Lys+AST+ALB;0.759,254.896,1
 +Gly+Lys+AST+ALB+BHBA;0.759,251.845,1+ALB+Ca+AST+gGT+Asn;0.
 759,252.965,1+ALB+Ca+gGT+Asn+Arg;0.759,252.191,1+ALB+gGT+Gl
 40 c+Asn+Arg;0.759,253.646,1+Lys+Phe+Tyr+ALB+BUN;0.759,250.807,
 1+BCAA+Arg+Phe+ALT+ALB;0.759,253.867,1+Ala+Gly+Trp+His+ALB;
 0.759,250.113,1+Gly+Trp+ALT+ALB+BUN;0.759,254.702,1+Gly+Lys
 +TCHO+AST+ALB;0.759,250.709,1+ALB+ALT+Orn+Lys+Phe;0.759,255.
 121,1+Gly+Lys+TG+AST+ALB;0.759,256.376,1+Ala+Gly+Lys+ALB+C
 45 a;0.759,252.762,1+Ala+Lys+ALB+BUN+BHBA;0.759,250.308,1+ALB+
 BUN+NEFA+Asp+Lys;0.759,250.523,1+ALB+ALT+Arg+Orn+Phe;0.759,
 252.734,1+ALB+BUN+NEFA+Lys+Ile;0.759,249.963,1+Trp+Arg+ALT+
 ALB+TP;0.759,253.142,1+Ala+Lys+gGT+ALB+BUN;0.759,255.534,1+
 Ala+Gly+Trp+Thr+ALB;0.759,248.110,1+ALB+ALT+3MeHis+Asp+Phe;
 50 0.759,250.606,1+ALB+AST+BHBA+Glc+Asn;0.759,250.472,1+Trp+AS
 T+ALB+BUN+TP;0.759,252.239,1+Ala+ALT+ALB+BUN+NEFA;0.759,250.
 218,1+BCAA+Arg+ALT+ALB+BUN;0.759,255.514,1+Ala+Gly+Trp+ALB+
 NEFA;0.759,249.015,1+ALB+ALT+Arg+Asp+Lys;0.759,249.426,1+AL
 B+BUN+3MeHis+Asp+Phe;0.759,253.330,1+Gly+Lys+His+ALB+BUN;0.
 55 759,249.998,1+Trp+Lys+His+ALT+ALB;0.759,250.048,1+Gly+Trp+A
 rg+ALT+ALB;0.759,251.166,1+Lys+Phe+Tyr+ALT+ALB;0.759,250.41
 8,1+ALB+AST+ALT+3MeHis+Lys;0.758,253.092,1+Ala+Lys+ALB+BUN+
 Ca;0.758,250.585,1+ALB+ALT+Arg+Val+Trp;0.758,250.588,1+Trp+
 Arg+ALT+gGT+ALB;0.758,249.804,1+Trp+Lys+ALT+ALB+TP;0.758,25
 60 2.585,1+Gly+Trp+Lys+AST+ALB;0.758,254.835,1+ALB+AST+Orn+Lys+Ile;0.758,253.610,1+ALB+BUN+Lys+Val
 +Phe;0.758,252.190,1+ALB+BUN+Orn+Phe+Trp;0.758,253.188,1+Lys+gGT+ALB+BUN+NEFA;0.75
 8,250.095,1+Gly+Arg+ALT+ALB+BUN;0.758,250.323,1+ALB+BUN+ALT+T-
 BIL+Arg;0.758,250.980,1+ALB+ALT+NEFA+3MeHis+Lys;0.758,25
 0.434,1+ALB+AST+ALT+Orn+Phe;0.758,253.933,1+ALB+BUN+Orn+Lys
 65 +Ile;0.758,252.074,1+Ala+Trp+ALT+ALB+TP;0.758,248.517,1+ALB
 +BUN+ALT+Asp+Orn;0.758,250.305,1+Arg+ALT+ALB+BUN+BHBA;0.758,

250.587, 1+Trp+Arg+Glc+ALT+ALB; 0.758, 250.829, 1+Arg+Phe+TG+AL
 T+ALB; 0.758, 248.900, 1+ALB+ALT+Arg+Asp+Trp; 0.758, 251.296, 1+A
 la+Trp+ALT+AST+ALB; 0.758, 253.090, 1+ALB+Ca+BHBA+Glc+Asn; 0.75
 8, 251.117, 1+ALB+BUN+Asp+Lys+Phe; 0.758, 252.751, 1+BCAA+Lys+AL
 5 B+BUN+TP; 0.758, 254.050, 1+BCAA+Lys+Thr+ALB+BUN; 0.758, 249.568,
 1+Trp+Tyr+ALT+ALB+BUN; 0.758, 250.563, 1+Trp+Arg+ALT+ALB+BHBA;
 0.758, 250.589, 1+Trp+Arg+ALT+ALB+NEFA; 0.758, 250.807, 1+Arg+Th
 r+Phe+ALT+ALB; 0.758, 251.025, 1+ALB+ALT+3MeHis+Lys+Val; 0.758,
 252.273, 1+Gly+Phe+ALT+gGT+ALB; 0.758, 249.812, 1+ALB+BUN+AST+A
 10 sp+Lys; 0.758, 249.923, 1+Arg+ALT+AST+ALB+BUN; 0.758, 255.809, 1+
 Ala+Gly+Lys+ALB+NEFA; 0.758, 250.558, 1+Gly+Arg+ALT+AST+ALB; 0.
 758, 252.751, 1+BCAA+Trp+ALB+BUN+TP; 0.758, 250.177, 1+Trp+Arg+T
 CHO+ALT+ALB; 0.758, 251.735, 1+ALB+Ca+AST+BHBA+Asn; 0.758, 254.138, 1+ALB+Ca+gGT+T-
 BIL+Asn; 0.758, 252.446, 1+Ala+Trp+TG+ALT+ALB; 0.758, 253.631, 1+ALB+BUN+His+Lys+Ile; 0.758, 251.165,
 15 1+Lys+Phe+ALT+gGT+ALB; 0.758, 249.543, 1+ALB+ALT+3MeHis+Arg+Lys; 0.758,
 250.662, 1+Lys+Phe+ALT+AST+ALB; 0.758, 254.922, 1+Gly+Lys+Thr+A
 ST+ALB; 0.758, 252.344, 1+Ala+Trp+Thr+ALT+ALB; 0.758, 250.275, 1+
 Arg+ALT+ALB+BUN+NEFA; 0.758, 252.466, 1+Ala+Trp+ALT+ALB+NEFA; 0.
 758, 255.490, 1+Ala+Gly+Trp+Tyr+ALB; 0.758, 249.506, 1+ALB+ALT+3
 20 MeHis+Arg+Phe; 0.758, 252.195, 1+Lys+Phe+AST+ALB+BUN; 0.758, 250.
 553, 1+Lys+ALT+AST+ALB+TP; 0.758, 252.032, 1+Ala+Trp+TCHO+ALT+A
 LB; 0.758, 251.427, 1+ALB+BUN+Asp+Lys+Val; 0.758, 252.438, 1+Ala+
 Trp+Glc+ALT+ALB; 0.758, 252.477, 1+Ala+Trp+ALT+gGT+ALB; 0.758, 2
 50.936, 1+Arg+Phe+ALT+gGT+ALB; 0.758, 250.373, 1+ALB+BUN+ALT+Ar
 25 g+Ile; 0.758, 247.111, 1+ALB+ALT+3MeHis+Asp+Lys; 0.758, 251.417,
 1+ALB+BUN+Asp+Orn+Lys; 0.758, 251.962, 1+ALB+BUN+3MeHis+Arg+Ly
 s; 0.758, 252.906, 1+BCAA+Lys+ALB+BUN+NEFA; 0.758, 250.936, 1+ALB
 +ALT+Arg+Val+Phe; 0.758, 248.401, 1+ALB+ALT+Asp+Lys+Trp; 0.758,
 250.089, 1+Arg+His+ALT+ALB+BUN; 0.758, 250.690, 1+Lys+Phe+TCHO+
 30 ALT+ALB; 0.758, 251.426, 1+ALB+BUN+Arg+Asp+Lys; 0.758, 253.024, 1+ALB+BUN+T-
 BIL+Lys+Ile; 0.758, 248.974, 1+ALB+BUN+3MeHis+Asp+T
 rp; 0.758, 252.761, 1+Trp+TG+ALB+BUN+TP; 0.758, 249.721, 1+Arg+Ly
 s+His+ALT+ALB; 0.758, 250.894, 1+ALB+ALT+3MeHis+Lys+Tyr; 0.758, 251.554, 1+ALB+BUN+AST+T-
 BIL+Lys; 0.758, 250.031, 1+Arg+TCHO+ALT+ALB+BUN; 0.758, 253.670, 1+Lys+Phe+Glc+ALB+BUN; 0.758, 252.386,
 35 1+Ala+BCAA+Trp+ALT+ALB; 0.758, 249.366, 1+ALB+ALT+Asp+Orn+Trp;
 0.758, 249.974, 1+ALB+BUN+ALT+Arg+Val; 0.758, 250.649, 1+ALB+ALT
 +Orn+Lys+Trp; 0.758, 254.912, 1+Ala+Gly+Trp+ALB+TP; 0.758, 250.5
 05, 1+Gly+Trp+Lys+ALT+ALB; 0.758, 253.560, 1+ALB+AST+NEFA+Orn+Lys; 0.758, 249.997,
 1+Arg+ALT+ALB+BUN+Ca; 0.758, 251.422, 1+Ala+L
 40 ys+ALT+ALB+NEFA; 0.758, 250.423, 1+ALB+ALT+Arg+Orn+Trp; 0.758, 2
 49.503, 1+Trp+ALT+AST+ALB+BUN; 0.758, 250.404, 1+Trp+Arg+TG+ALT
 +ALB; 0.758, 251.112, 1+ALB+BUN+AST+Orn+Trp; 0.758, 252.850, 1+AL
 B+BUN+AST+Lys+Ile; 0.758, 253.385, 1+ALB+AST+Orn+Val+Trp; 0.758,
 248.970, 1+ALB+BUN+AST+Asp+Trp; 0.758, 251.135, 1+Ala+BCAA+ALT+
 45 ALB+BUN; 0.758, 252.847, 1+Lys+TG+ALB+BUN+TP; 0.758, 253.397, 1+A
 la+Gly+Arg+ALB+BUN; 0.758, 253.064, 1+Lys+TG+ALB+BUN+NEFA; 0.75
 8, 249.497, 1+ALB+ALT+Arg+Asp+Phe; 0.758, 249.166, 1+ALB+ALT+NEF
 A+Asp+Lys; 0.758, 250.607, 1+BCAA+Trp+Lys+ALT+ALB; 0.758, 253.48
 3, 1+ALB+AST+NEFA+Lys+Ile; 0.757, 252.476, 1+Ala+Trp+ALT+ALB+BH
 50 BA; 0.757, 252.841, 1+Lys+Thr+ALB+BUN+TP; 0.757, 255.503, 1+Ala+G
 ly+Trp+gGT+ALB; 0.757, 249.422, 1+ALB+ALT+Asp+Orn+Phe; 0.757, 25
 0.377, 1+ALB+BUN+ALT+Thr+Orn; 0.757, 251.188, 1+Ala+Arg+ALT+AST
 +ALB; 0.757, 251.114, 1+ALB+ALT+Orn+Lys+Ile; 0.757, 249.396, 1+AL
 B+AST+3MeHis+Asp+Lys; 0.757, 253.858, 1+Gly+Lys+AST+ALB+NEFA; 0.
 55 757, 253.638, 1+ALB+BUN+Glc+His+Lys; 0.757, 252.576, 1+Trp+Thr+A
 LB+BUN+TP; 0.757, 250.988, 1+ALB+BUN+AST+Phe+Trp; 0.757, 251.013,
 1+Trp+Arg+AST+ALB+BUN; 0.757, 254.674, 1+Ala+Gly+Trp+TCHO+ALB;
 0.757, 253.535, 1+ALB+BUN+Orn+Lys+Phe; 0.757, 253.201, 1+Lys+Glc
 +ALB+BUN+NEFA; 0.757, 252.430, 1+Gly+Trp+ALB+BUN+TP; 0.757, 253.
 60 641, 1+ALB+BUN+gGT+His+Lys; 0.757, 250.396, 1+ALB+AST+ALT+Orn+T
 rp; 0.757, 252.788, 1+ALB+BUN+His+Arg+Lys; 0.757, 253.316, 1+Ala+
 Lys+AST+ALB+NEFA; 0.757, 253.627, 1+Ala+Trp+AST+ALB+TP; 0.757, 2
 52.631, 1+ALB+BUN+3MeHis+Orn+Phe; 0.757, 252.760, 1+Trp+Glc+ALB
 +BUN+TP; 0.757, 251.353, 1+Lys+ALT+gGT+ALB+TP; 0.757, 252.970, 1+
 65 BCAA+Lys+AST+ALB+BUN; 0.757, 252.884, 1+Lys+Glc+ALB+BUN+TP; 0.7
 57, 252.787, 1+ALB+BUN+AST+Orn+Phe; 0.757, 252.943, 1+ALB+AST+NE

FA+3MeHis+Lys;0.757,255.473,1+Ala+Gly+Trp+ALB+Ca;0.757,250.
 467,1+Trp+Arg+ALT+ALB+Ca;0.757,254.124,1+Gly+Lys+gGT+ALB+BU
 N;0.757,251.407,1+ALB+BUN+Asp+Lys+Tyr;0.757,253.904,1+Gly+L
 ys+Thr+ALB+BUN;0.757,252.323,1+ALB+BUN+Arg+Phe+Trp;0.757,25
 5 3.106,1+Lys+Thr+ALB+BUN+NEFA;0.757,250.831,1+Lys+ALT+ALB+TP +NEFA;
 0.757,250.930,1+ALB+AST+ALT+Orn+Lys; 0.757,252.795, 1+L
 ys+Thr+AST+ALB+BUN;0.757,251.939,1+Gly+Trp+Arg+AST+ALB;0.75
 7,253.514,1+Ala+Trp+AST+ALB+NEFA;0.757,252.296,1+Lys+ALB+BU
 N+TP+BHBA;0.757,251.354,1+BCAA+Lys+ALT+ALB+TP;0.757,251.508,
 10 1+ALB+AST+NEFA+Asp+Lys;0.757,253.198,1+ALB+BUN+NEFA+Lys+Ty
 r;0.757,250.755,1+ALB+ALT+3MeHis+Orn+Lys;0.757,251.200,1+Al
 a+Lys+ALT+AST+ALB;0.757,253.027,1+ALB+AST+NEFA+Orn+Trp;0.75
 7,254.803,1+Gly+Lys+AST+gGT+ALB;0.757,254.126,1+Gly+Lys+TG+
 ALB+BUN;0.757,253.171,1+ALB+BUN+NEFA+Orn+Lys;0.757,251.569,
 15 1+ALB+BUN+ALT+gGT+Orn;0.757,252.660,1+Trp+ALB+BUN+TP+NEFA;0.
 757,250.525,1+Trp+Arg+Thr+ALT+ALB;0.757,253.054,1+Gly+Trp+A
 ST+ALB+TP;0.757,252.473,1+Trp+ALB+BUN+TP+BHBA;0.757,255.428,
 1+Ala+Gly+BCAA+Trp+ALB;0.757,249.912,1+ALB+ALT+3MeHis+Arg+T
 rp;0.757,250.724,1+ALB+ALT+His+Arg+Orn;0.757,250.844,1+Gly+
 Arg+Thr+ALT+ALB;0.757,254.195,1+ALB+AST+His+Orn+Lys;0.757,2
 20 48.940,1+ALB+ALT+Asp+Lys+Phe;0.757,250.230,1+ALB+ALT+3MeHis
 +Lys+Trp;0.757,250.365,1+ALB+AST+ALT+Arg+Phe;0.757,252.799,
 1+Lys+AST+gGT+ALB+BUN;0.757,250.094,1+Arg+Lys+ALT+AST+ALB;0.
 757,251.320,1+ALB+ALT+Thr+Lys+Ile;0.757,253.154,1+ALB+AST+0
 25 rn+Lys+Trp;0.757,253.691,1+Gly+Lys+TCHO+ALB+BUN;0.757,250.3
 18,1+Trp+Lys+TCHO+ALT+ALB;0.757,253.389,1+ALB+BUN+NEFA+3MeH
 is+Phe;0.757,250.979,1+ALB+BUN+AST+ALT+Orn;0.757,252.438,1+
 Ala+Trp+ALT+ALB+Ca;0.757,251.994,1+Ala+Gly+ALT+ALB+BUN;0.75
 7,250.833,1+ALB+ALT+NEFA+Lys+Trp;0.757,252.682,1+ALB+BUN+AS
 30 T+Orn+Lys;0.757,251.530,1+ALB+AST+Asp+Lys+Trp;0.756,254.231,
 1+ALB+Ca+gGT+BHBA+Asn;0.756,254.026,1+Gly+BCAA+Lys+ALB+BUN;
 0.756,249.371,1+ALB+ALT+Asp+Orn+Lys;0.756,253.053,1+ALB+AST
 +NEFA+Arg+Lys;0.756,252.396,1+Trp+TCHO+ALB+BUN+TP;0.756,254.
 118,1+Gly+Lys+Glc+ALB+BUN;0.756,256.211,1+Ala+Gly+Arg+TG+AL
 35 B;0.756,253.140,1+ALB+BUN+NEFA+Lys+Val;0.756,253.547,1+ALB+
 BUN+Arg+Lys+Ile;0.756,250.656,1+Ala+Arg+Lys+ALT+ALB;0.756,2
 51.658,1+ALB+ALT+NEFA+3MeHis+Phe;0.756,250.886,1+ALB+AST+AL
 T+NEFA+Lys;0.756,253.286,1+ALB+AST+NEFA+His+Lys;0.756,253.5
 85,1+ALB+BUN+Arg+Lys+Phe;0.756,251.561,1+Trp+ALT+AST+ALB+T
 40 P;0.756,251.596,1+ALB+ALT+Orn+Val+Trp;0.756,250.840,1+ALB+A
 LT+Lys+Val+Trp;0.756,251.248,1+ALB+BUN+ALT+His+Orn;0.756,25
 1.713,1+Gly+Lys+TG+ALT+ALB;0.756,251.556,1+Gly+Lys+Thr+ALT+
 ALB;0.756,252.655,1+ALB+BUN+AST+BHBA+Lys;0.756,252.864,1+AL
 B+BUN+AST+Lys+Tyr;0.756,253.476,1+ALB+AST+Orn+Tyr+Trp;0.756,
 45 252.712,1+ALB+AST+NEFA+Lys+Trp;0.756,253.152,1+ALB+BUN+NEFA
 +BHBA+Lys;0.756,251.537,1+ALB+BUN+ALT+Orn+Ile;0.756,251.580,
 1+ALB+BUN+ALT+Glc+Orn;0.756,251.222,1+Gly+Arg+TG+ALT+ALB;0.
 756,251.266,1+ALB+AST+ALT+Lys+Ile;0.756,253.170,1+ALB+BUN+B
 HBA+His+Lys;0.756,250.745,1+ALB+ALT+His+Orn+Lys;0.756,250.8
 50 53,1+Trp+Lys+Glc+ALT+ALB;0.756,252.515,1+Arg+Lys+AST+ALB+BU
 N;0.756,251.552,1+BCAA+Lys+ALT+AST+ALB;0.756,252.915,1+Ala+ TG+ALT+ALB+BUN; 0.756, 253.092,
 1+ALB+BUN+Orn+Val + Trp; 0.756, 25 3.162,1+ALB+BUN+NEFA+T-BIL+Lys;0.756,249.453,1+ALB+ALT+Asp+
 Lys+Tyr;0.756,253.013,1+Lys+TG+AST+ALB+BUN;0.756,251.924,1+
 Ala+Arg+ALT+gGT+ALB;0.756,253.458,1+ALB+BUN+NEFA+Orn+Phe;0.
 55 756,250.628,1+ALB+BUN+Asp+Orn+Trp;0.756,251.844,1+Ala+BCAA+
 Lys+ALT+ALB;0.756,250.140,1+ALB+ALT+His+Arg+Thr;0.756,251.7
 46,1+Thr+TG+ALT+ALB+BUN;0.756,251.288,1+ALB+AST+ALT+T-BIL+L
 ys;0.756,253.543,1+Gly+Arg+Lys+ALB+BUN;0.756,250.873,1+ALB+
 AST+ALT+Arg+Orn;0.756,251.353,1+ALB+ALT+NEFA+Lys+Ile;0.756,
 60 251.721,1+ALB+BUN+ALT+Thr+Ile;0.756,251.727,1+Gly+Lys+Glc+A
 LT+ALB;0.756,252.472,1+ALB+AST+3MeHis+Arg+Lys;0.756,253.008,
 1+ALB+AST+Arg+Orn+Trp;0.756,252.472,1+ALB+BUN+AST+His+Lys;0. 756,254.024,1+ALB+AST+NEFA+Lys +
 Tyr; 0.756,251.179, 1+Gly+Lys + TCHO+ALT+ALB;0.756,252.415,1+Ala+ALT+ALB+BUN+BHBA;0.756,253.
 341,1+ALB+BUN+T-BIL+Thr+Lys;0.756,253.371,1+ALB+BUN+T-BIL+O
 65 rn+Lys;0.756,248.452,1+ALB+BUN+ALT+Asp+Val;0.756,252.490,1+
 ALB+ALT+NEFA+Tyr+Phe;0.756,254.455,1+ALB+AST+Arg+Lys+Ile;0.

756,252.992, 1+ALB+BUN+AST+Lys+Val; 0.756,251.265, 1+ALB+AST+A
 LT+His+Lys; 0.756,254.319, 1+ALB+BUN+gGT+Lys+Ile; 0.756,251.52
 4, 1+ALB+ALT+NEFA+Orn+Lys; 0.756,251.747, 1+Thr+ALT+gGT+ALB+BU
 N; 0.756,251.747, 1+ALB+BUN+ALT+gGT+Thr; 0.756,251.824, 1+ALB+A
 5 LT+3MeHis+Tyr+Phe; 0.756,253.006, 1+Lys+Glc+AST+ALB+BUN; 0.756,
 253.360, 1+ALB+AST+Orn+Phe+Trp; 0.756,254.023, 1+ALB+AST+NEFA+
 BHBA+Lys; 0.756,252.730, 1+Lys+TCHO+AST+ALB+BUN; 0.756,252.713,
 1+Ala+ALT+ALB+BUN+Ca; 0.756,250.655, 1+ALB+BUN+Arg+Asp+Trp; 0.
 756,251.862, 1+Ala+Lys+ALT+gGT+ALB; 0.756,250.778, 1+ALB+ALT+A rg+Orn+Lys; 0.756, 250.844, 1 +
 10 Trp+Lys+ALT+gGT+ALB; 0.756, 253.11 9, 1+ALB+BUN+Ca+NEFA+Lys; 0.756,252.915, 1+Ala+ALT+ALB+BUN+TP;
 0.756,251.161, 1+ALB+BUN+ALT+3MeHis+Orn; 0.756,252.506, 1+Gly+
 Trp+Arg+ALB+BUN; 0.756,251.862, 1+Ala+Lys+TG+ALT+ALB; 0.756,25
 0.208, 1+Gly+Arg+Lys+ALT+ALB; 0.756,250.791, 1+ALB+ALT+Arg+Lys + Tyr; 0.756, 251.708,
 1+Gly+BCAA+Lys+ALT+ALB; 0.756, 251.825, 1+A
 15 LB+ALT+3MeHis+Val+Phe; 0.756,251.169, 1+ALB+ALT+NEFA+His+Lys;
 0.756,251.516, 1+ALB+AST+ALT+Arg+Ile; 0.756,251.583, 1+ALB+BUN
 +ALT+NEFA+Orn; 0.756,251.331, 1+Ala+Lys+TCHO+ALT+ALB; 0.756,25
 2.697, 1+Trp+gGT+ALB+BUN+TP; 0.756,252.895, 1+ALB+BUN+NEFA+Arg
 +Lys; 0.756,249.432, 1+ALB+ALT+Asp+Lys+Val; 0.756,252.993, 1+Al
 20 a+Trp+Arg+AST+ALB; 0.756,253.962, 1+ALB+AST+NEFA+Orn+Phe; 0.75
 6,253.791, 1+ALB+AST+Lys+Tyr+Trp; 0.756,253.999, 1+ALB+AST+NEF A+T-
 BIL+Lys; 0.756,255.386, 1+Ala+Gly+Lys+TCHO+ALB; 0.756,251.
 347, 1+ALB+BUN+Ca+ALT+Orn; 0.756,251.618, 1+ALB+ALT+Thr+Orn+Ly
 s; 0.755,248.473, 1+ALB+ALT+3MeHis+Arg+Asp; 0.755,251.858, 1+Al
 25 a+Lys+Glc+ALT+ALB; 0.755,250.650, 1+BCAA+Arg+Lys+ALT+ALB; 0.75
 5,251.703, 1+Gly+Lys+ALT+gGT+ALB; 0.755,251.788, 1+Ala+Lys+Thr
 +ALT+ALB; 0.755,251.555, 1+Lys+TG+ALT+AST+ALB; 0.755,254.004, 1
 +ALB+AST+NEFA+Lys+Val; 0.755,253.487, 1+ALB+BUN+Ca+His+Lys; 0.755,253.408, 1+ALB+BUN+T-
 BIL+BHBA+Lys; 0.755,251.564, 1+ALB+BU N+ALT+T-BIL+Orn; 0.755,248.774, 1+ALB+AST+ALT+Asp+Lys; 0.755,2
 30 50.622, 1+ALB+ALT+NEFA+Arg+Lys; 0.755,250.878, 1+Trp+Lys+Thr+A
 LT+ALB; 0.755,251.695, 1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Thr; 0.755,253.346, 1
 +ALB+AST+Arg+Tyr+Trp; 0.755,253.408, 1+ALB+BUN+gGT + T-BIL+Lys;
 0.755,252.534, 1+ALB+BUN+3MeHis+Orn+Trp; 0.755,255.123, 1+Ala+
 BCAA+Trp+Lys+ALB; 0.755,250.741, 1+ALB+BUN+ALT+Orn+Tyr; 0.755,
 35 251.302, 1+ALB+BUN+ALT+Orn+Val; 0.755,251.145, 1+ALB+AST+ALT+N
 EFA+Arg; 0.755,251.340, 1+ALB+ALT+Arg+Thr+Orn; 0.755,251.367, 1
 +ALB+AST+ALT+BHBA+Lys; 0.755,252.771, 1+Ala+Glc+ALT+ALB+BUN; 0.
 755,254.169, 1+ALB+BUN+Thr+Orn+Lys; 0.755,251.566, 1+ALB+ALT+N
 EFA+Orn+Trp; 0.755,253.962, 1+BCAA+Arg+Lys+ALB+BUN; 0.755,250.
 40 885, 1+ALB+BUN+Asp+Val+Trp; 0.755,251.556, 1+BCAA+Thr+ALT+ALB+
 BUN; 0.755,251.531, 1+ALB+ALT+BHBA+His+Lys; 0.755,251.554, 1+Ly
 s+Glc+ALT+AST+ALB; 0.755,253.984, 1+ALB+AST+NEFA+Thr+Lys; 0.75
 5,252.928, 1+ALB+BUN+Ca+AST+Lys; 0.755,252.576, 1+Ala+TCHO+ALT
 +ALB+BUN; 0.755,250.747, 1+Arg+Thr+ALT+AST+ALB; 0.755,251.571,
 45 1+ALB+AST+ALT+BHBA+Arg; 0.755,254.326, 1+Lys+Thr+Glc+ALB+BUN;
 0.755,251.480, 1+ALB+ALT+Arg+Orn+Ile; 0.755,251.426, 1+Ala+Arg +Thr+ALT+ALB; 0.755,251.714, 1+ALB+ALT+T-
 BIL+Lys+Ile; 0.755,25 4.843, 1+ALB+AST+T-BIL+Lys+Ile; 0.755,250.879, 1+Lys+TCHO+ALT+
 AST+ALB; 0.755,251.924, 1+ALB+BUN+3MeHis+Arg+Trp; 0.755,250.80 4, 1+ALB+ALT+T-
 BIL+Arg+Lys; 0.755,251.513, 1+ALB+ALT+T-BIL+His
 50 +Lys; 0.755,254.002, 1+ALB+AST+NEFA+Glc+Lys; 0.755,254.770, 1+G
 ly+Arg+TG+AST+ALB; 0.755,251.927, 1+Ala+BCAA+Arg+ALT+ALB; 0.75
 5,252.749, 1+ALB+BUN+Arg+Orn+Trp; 0.755,250.723, 1+Arg+Lys+Thr
 +ALT+ALB; 0.755,251.656, 1+ALB+BUN+ALT+BHBA+Thr; 0.755,251.726,
 1+ALB+AST+Asp+Orn+Trp; 0.755,251.602, 1+Ala+Arg+TCHO+ALT+ALB;
 55 0.755,252.886, 1+Ala+ALT+gGT+ALB+BUN; 0.755,254.051, 1+ALB+BUN
 +BHBA+Thr+Lys; 0.755,254.303, 1+ALB+BUN+Glc+Orn+Lys; 0.755,251.
 987, 1+Ala+Arg+Glc+ALT+ALB; 0.755,252.933, 1+Trp+Arg+TG+ALB+BU N; 0.755,251.688, 1+ALB+ALT + T-
 BIL+Orn+Lys; 0.755,250.867, 1 + Trp +Lys+TG+ALT+ALB; 0.755,253.853, 1+Ala+Gly+Thr+ALT+ALB; 0.755,2
 51.500, 1+BCAA+Arg+Thr+ALT+ALB; 0.755,255.339, 1+ALB+AST+BHBA+ Orn+Lys; 0.755,253.407, 1+ALB+BUN+T-
 60 BIL+Glc+Lys; 0.755,254.518, 1+Lys+Glc+gGT+ALB+BUN; 0.755,254.538, 1+ALB+BUN+Orn+Tyr+Phe; 0.
 755,254.307, 1+ALB+BUN+Glc+Lys+Ile; 0.755,250.733, 1+ALB+ALT+3 MeHis+Arg+Orn;
 0.755,250.272, 1+ALB+ALT+Arg+Asp+Orn; 0.755,251.
 794, 1+ALB+ALT+NEFA+BHBA+Lys; 0.755,250.808, 1+Arg+Lys+Glc+ALT
 +ALB; 0.755,251.709, 1+ALB+ALT+NEFA+Thr+Lys; 0.755,254.502, 1+A
 65 LB+AST+NEFA+His+Orn; 0.755,252.576, 1+Trp+ALB+BUN+TP+Ca; 0.755,
 250.231, 1+ALB+AST+ALT+3MeHis+Arg; 0.755,254.048, 1+ALB+BUN+BH

BA+Lys+Ile;0.755,251.696,1+Thr+Glc+ALT+ALB+BUN;0.755,251.688,1+ALB+BUN+ALT+T-
 BIL+Thr;0.755,252.338,1+ALB+AST+3MeHis+Lys+Trp;0.755,251.517,1+ALB+AST+ALT+T-
 BIL+Arg;0.755,251.588,1+Arg+ALT+AST+gGT+ALB;0.755,254.482,1+Gly+BCAA+Trp+Lys+ALB;0.
 755,251.873,1+Ala+Arg+TG+ALT+ALB;0.755,251.582,1+Gly+Arg+Gl
 5 c+ALT+ALB;0.755,253.767,1+Trp+Lys+Thr+AST+ALB;0.755,251.331,
 1+ALB+Ca+AST+ALT+Arg;0.755,250.069,1+ALB+ALT+NEFA+Asp+Phe;0.
 755,251.558,1+ALB+ALT+Orn+Tyr+Trp;0.755,250.877,1+ALB+ALT+Lys+Tyr+Trp;
 0.755,251.518,1+Arg+Thr+ALT+gGT+ALB;0.755,251.51
 8,1+ALB+ALT+gGT+Arg+Thr;0.755,254.527,1+ALB+AST+T-BIL+Orn+L
 10 ys;0.755,251.511,1+ALB+Ca+AST+ALT+Lys;0.755,254.142,1+Arg+L
 ys+TG+ALB+BUN;0.755,251.694,1+ALB+ALT+gGT+Orn+Lys;0.755,251.
 585,1+Gly+Arg+ALT+gGT+ALB;0.755,255.449,1+ALB+AST+Orn+Lys+V
 al;0.755,254.070,1+ALB+AST+NEFA+Arg+Orn;0.755,251.171,1+Arg
 +TCHO+ALT+AST+ALB;0.755,254.304,1+Lys+Thr+TG+ALB+BUN;0.755,
 15 254.524,1+ALB+BUN+Orn+Val+Phe;0.755,253.977,1+ALB+BUN+Arg+T
 hr+Lys;0.755,251.858,1+ALB+ALT+Glc+Lys+Ile;0.755,251.543,1+
 ALB+ALT+BHBA+Arg+Thr;0.755,255.105,1+ALB+AST+T-BIL+His+Orn;
 0.754,256.886,1+ALB+NEFA+Orn+Tyr+Phe;0.754,254.067,1+ALB+BU
 N+BHBA+Orn+Lys;0.754,252.926,1+ALB+BUN+Arg+Tyr+Trp;0.754,25
 20 1.799,1+ALB+ALT+NEFA+Lys+Val;0.754,250.807,1+ALB+ALT+gGT+Ar
 g+Lys;0.754,251.473,1+ALB+ALT+NEFA+Arg+Thr;0.754,251.533,1+
 ALB+ALT+Glc+Arg+Thr;0.754,251.944,1+ALB+ALT+BHBA+Thr+Lys;0.
 754,252.536,1+ALB+AST+3MeHis+Orn+Trp;0.754,253.774,1+ALB+AS
 T+Lys+Val+Trp;0.754,253.818,1+ALB+AST+Lys+Phe+Trp;0.754,251.
 25 409,1+ALB+AST+ALT+gGT+Lys;0.754,252.737,1+ALB+AST+NEFA+Arg+
 Trp;0.754,254.365,1+Ala+Trp+AST+ALB+BHBA;0.754,254.811,1+AL
 B+AST+NEFA+Thr+Orn;0.754,253.996,1+ALB+Ca+AST+NEFA+Lys;0.75
 4,254.091,1+ALB+BUN+Arg+Orn+Lys;0.754,251.309,1+ALB+ALT+3Me
 His+Orn+Trp;0.754,254.142,1+ALB+BUN+Arg+Lys+Val;0.754,251.6
 30 68,1+ALB+ALT+BHBA+Orn+Lys;0.754,250.765,1+ALB+BUN+NEFA+Asp+
 Trp;0.754,250.790,1+ALB+ALT+BHBA+Arg+Lys;0.754,251.838,1+AL
 B+ALT+gGT+Lys+Ile;0.754,251.503,1+ALB+AST+ALT+Lys+Val;0.754,
 253.344,1+ALB+AST+NEFA+Asp+Orn;0.754,251.550,1+ALB+AST+ALT+
 Glc+Arg;0.754,254.314,1+ALB+BUN+Orn+Lys+Val;0.754,253.673,1
 35 +ALB+AST+NEFA+Lys+Phe;0.754,251.633,1+ALB+ALT+His+Lys+Ile;0.754,251.973,1+ALB+ALT+T-
 BIL+Thr+Lys;0.754,254.441,1+Ala+BCAA+Trp+AST+ALB;0.754,253.192,1+ALB+BUN+T-BIL+Arg+Lys;0.754,2
 51.783,1+ALB+ALT+NEFA+Glc+Lys;0.754,250.808,1+ALB+ALT+Arg+Lys+Val;0.754,254.316,1+ALB+AST+T-
 BIL+Arg+Lys;0.754,251.532,1+ALB+BUN+ALT+His+Thr;0.754,251.372,1+ALB+AST+ALT+Thr+Lys;0.
 754,255.371,1+ALB+AST+NEFA+Orn+Ile;0.754,255.774,1+ALB+AST+
 40 Thr+Orn+Ile;0.754,251.636,1+ALB+Ca+ALT+Orn+Lys;0.754,251.70
 1,1+ALB+ALT+Orn+Lys+Val;0.754,253.331,1+ALB+AST+3MeHis+Orn+
 Lys;0.754,251.777,1+ALB+ALT+BHBA+Lys+Ile;0.754,252.562,1+AL
 B+ALT+Thr+Orn+Ile;0.754,253.094,1+ALB+AST+Arg+Lys+Trp;0.754,253.314,1+ALB+BUN+Ca+T-
 BIL+Lys;0.754,251.686,1+ALB+BUN+Ca+ALT+Thr;0.754,250.851,1+ALB+3MeHis+Asp+Lys+Trp;0.754,251.376,
 45 1+ALB+3MeHis+Arg+Asp+Lys;0.754,251.043,1+ALB+ALT+NEFA+3MeHi
 s+Arg;0.754,251.535,1+ALB+BUN+ALT+BHBA+Orn;0.754,251.697,1+
 ALB+ALT+Glc+Orn+Lys;0.754,249.916,1+ALB+AST+ALT+Arg+Asp;0.754,251.528,1+ALB+ALT+T-
 BIL+Arg+Thr;0.754,252.611,1+ALB+BUN+AST+3MeHis+Phe;0.754,255.248,1+ALB+AST+Orn+Lys+Phe;0.754,25
 2.512,1+ALB+BUN+AST+NEFA+Phe;0.754,251.943,1+ALB+Ca+ALT+Arg
 50 +Ile;0.754,251.760,1+ALB+Ca+ALT+NEFA+Lys;0.754,254.223,1+AL
 B+BUN+Ca+Thr+Lys;0.754,254.323,1+ALB+BUN+gGT+Thr+Lys;0.754,
 254.384,1+ALB+BUN+Lys+Tyr+Val;0.754,254.468,1+ALB+BUN+NEFA+
 Tyr+Phe;0.754,254.315,1+ALB+BUN+gGT+Orn+Lys;0.754,250.174,1
 +ALB+ALT+Arg+Asp+Val;0.754,254.323,1+ALB+3MeHis+Lys+Val+Tr
 55 p;0.754,251.622,1+ALB+ALT+Orn+Lys+Tyr;0.754,251.984,1+ALB+A
 LT+Glc+Thr+Lys;0.754,254.451,1+Ala+Trp+TG+AST+ALB;0.754,250.
 699,1+ALB+Ca+ALT+Arg+Lys;0.754,251.547,1+ALB+Ca+ALT+Arg+Or
 n;0.754,254.399,1+ALB+BUN+Ca+gGT+Lys;0.754,254.241,1+ALB+BU
 N+Orn+Lys+Tyr;0.754,251.740,1+ALB+ALT+Glc+His+Lys;0.754,251.
 60 962,1+ALB+AST+ALT+3MeHis+Orn;0.754,255.449,1+ALB+AST+Glc+Or
 n+Lys;0.754,252.095,1+ALB+ALT+NEFA+Arg+Ile;0.754,256.009,1+
 ALB+AST+Glc+His+Orn;0.754,255.793,1+ALB+Ca+AST+His+Orn;0.75
 4,252.683,1+ALB+BUN+3MeHis+Arg+Phe;0.754,249.268,1+ALB+AST+
 ALT+Asp+Trp;0.754,252.788,1+ALB+BUN+NEFA+Arg+Trp;0.754,252.
 65 973,1+ALB+BUN+Arg+Val+Trp;0.754,253.079,1+ALB+BUN+NEFA+Orn+
 Trp;0.754,251.774,1+ALB+ALT+gGT+NEFA+Lys;0.754,254.120,1+AL

B+BUN+3MeHis+Val+Phe;0.754,254.752,1+ALB+NEFA+Arg+Lys+Ile;0.754,253.719,1+ALB+AST+3MeHis+Lys+Phe;0.754,254.396,1+ALB+BU
 N+Ca+Glc+Lys;0.754,251.292,1+ALB+AST+ALT+His+Arg;0.754,251.786,1+ALB+AST+ALT+NEFA+Phe;0.754,252.437,1+ALB+ALT+NEFA+Val + Phe;
 5 0.754,252.202,1+ALB+AST+ALT+His+Orn; 0.754,253.146, 1+AL B+BUN+Orn+Tyr+Trp; 0.754,251.719, 1+ALB+ALT+NEFA+Arg+Orn; 0.75 4,255.426,1+ALB+AST+Arg+Orn+Ile;0.754,251.981,1+ALB+Ca+ALT+
 Thr+Lys;0.754,250.900,1+ALB+BUN+Asp+Tyr+Trp;0.754,251.773,1
 +ALB+ALT+Glc+Arg+Orn;0.754,252.071,1+ALB+ALT+T-BIL+Glc+Lys; 0.754,252.079,1+ALB+ALT+gGT+T-
 BIL+Lys;0.754,254.112,1+ALB+B UN+Glc+Arg+Lys; 0.754,254.488, 1+ALB+AST + T-BIL+His+Lys; 0.753,
 10 251.542,1+ALB+AST+ALT+Arg+Tyr;0.753,254.135,1+ALB+BUN+Arg+L
 ys+Tyr;0.753,250.506,1+ALB+ALT+NEFA+Arg+Asp;0.753,251.708,1 +ALB+ALT+NEFA+T-
 BIL+Lys;0.753,252.048,1+ALB+ALT+gGT+BHBA+Ly
 s;0.753,251.716,1+ALB+ALT+NEFA+Lys+Tyr;0.753,255.430,1+ALB+
 AST+Orn+Lys+Tyr; 0.753,254.332,1+Ala+Trp+AST+gGT+ALB;0.753,2
 15 52.714,1+ALB+BUN+Asp+Orn+Phe;0.753,251.672,1+ALB+ALT+Arg+Or
 n+Val;0.753,251.865,1+ALB+AST+ALT+Thr+Orn;0.753,254.116,1+A
 LB+AST+3MeHis+Lys+Val;0.753,255.350,1+ALB+AST+NEFA+T-BIL+Or
 n;0.753,255.377,1+ALB+AST+NEFA+Glc+Orn;0.753,254.177,1+ALB+
 BUN+Ca+Orn+Lys;0.753,251.771,1+ALB+ALT+BHBA+Arg+Orn;0.753,2
 20 51.032,1+ALB+ALT+3MeHis+Arg+Tyr;0.753,251.919,1+ALB+AST+3Me
 His+Arg+Trp;0.753,254.103,1+ALB+BUN+3MeHis+Tyr+Phe;0.753,25
 1.450,1+ALB+AST+ALT+3MeHis+Phe;0.753,251.251,1+ALB+ALT+His+
 Thr+Lys;0.753,251.796,1+ALB+Ca+ALT+Lys+Ile;0.753,252.012,1+
 ALB+ALT+gGT+Thr+Lys;0.753,252.425,1+Gly+Trp+ALT+ALB+TP;0.75
 25 3,254.946,1+ALB+AST+Arg+Orn+Lys;0.753,256.100,1+ALB+AST+T-B
 IL+Orn+Ile;0.753,254.174,1+Trp+AST+ALB+TP+BHBA;0.753,252.03
 9,1+ALB+Ca+ALT+gGT+Arg;0.753,256.678,1+ALB+Ca+AST+Orn+Ile;0.
 753,255.293,1+ALB+Ca+AST+NEFA+Orn;0.753,254.179,1+ALB+BUN+C a+Lys+Ile;0.753,252.051,1+ALB+ALT+T-
 BIL+BHBA+Lys;0.753,249.923,1+ALB+ALT+Asp+Val+Trp;0.753,251.980,1+ALB+AST+Arg+Asp+T
 30 rp;0.753,254.131,1+ALB+BUN+gGT+Arg+Lys;0.753,252.333,1+Trp+
 TG+AST+ALB+BUN;0.753,256.256,1+ALB+AST+His+Lys+Ile;0.753,25
 2.292,1+ALB+ALT+BHBA+Arg+Ile;0.753,254.491,1+ALB+BUN+Arg+Or n+Phe;
 0.753,250.351,1+ALB+AST+ALT+Asp+Orn; 0.753,254.570,1+A
 LB+AST+NEFA+3MeHis+Orn;0.753,255.920,1+ALB+AST+BHBA+His+Or n ; 0.753,254.429,
 35 1+Ala+Trp+Glc+AST+ALB; 0.753,254.438, 1 + Trp+G
 lc+AST+ALB+TP;0.753,251.545,1+ALB+Ca+ALT+His+Arg;0.753,253.
 451,1+ALB+BUN+3MeHis+Tyr+Trp;0.753,251.447,1+ALB+3MeHis+Asp
 +Lys+Tyr;0.753,251.767,1+ALB+ALT+Arg+Orn+Tyr;0.753,249.105,
 1+ALB+ALT+3MeHis+Asp+Trp;0.753,252.019,1+Trp+AST+gGT+ALB+BU
 40 N;0.753,250.942,1+ALB+ALT+3MeHis+Arg+Val;0.753,251.755,1+AL
 B+BUN+ALT+Tyr+Val;0.753,250.364,1+ALB+ALT+Asp+Val+Phe;0.753,
 251.762,1+ALB+ALT+gGT+Arg+Orn;0.753,255.293,1+ALB+AST+gGT+O
 rn+Lys;0.753,251.935,1+ALB+Ca+ALT+NEFA+Arg;0.753,254.119,1+
 Ala+Trp+TCHO+AST+ALB;0.753,251.683,1+ALB+Ca+ALT+His+Lys;0.7
 45 53,252.243,1+ALB+ALT+gGT+Arg+Ile;0.753,253.893,1+ALB+BUN+BH
 BA+Arg+Lys;0.753,254.200,1+ALB+BUN+gGT+BHBA+Lys;0.753,248.9
 80,1+ALB+BUN+ALT+Asp+Tyr;0.753,252.831,1+ALB+ALT+NEFA+Thr+O
 rn;0.753,253.851,1+ALB+BUN+AST+NEFA+Orn;0.753,255.336,1+ALB
 +AST+NEFA+BHBA+Orn;0.753,255.379,1+ALB+AST+Thr+Orn+Lys;0.75
 50 3,251.602,1+ALB+ALT+NEFA+His+Arg;0.753,251.831,1+ALB+ALT+NE
 FA+Arg+Val;0.753,250.917,1+ALB+ALT+Asp+Orn+Val;0.753,252.02
 8,1+ALB+ALT+BHBA+Glc+Lys;0.753,252.169,1+ALB+ALT+gGT+Glc+Ly
 s;0.753,252.195,1+Trp+AST+ALB+BUN+BHBA;0.753,253.640,1+ALB+
 AST+Arg+Asp+Lys;0.753,251.870,1+ALB+BUN+AST+3MeHis+Trp;0.75
 55 3,252.051,1+Gly+Trp+AST+ALB+BUN;0.753,255.632,1+ALB+AST+T-B IL+Thr+Orn; 0.753,253.973,
 1+ALB+BUN+Ca+Arg+Lys; 0.753, 251.521,
 1+ALB+3MeHis+Asp+Lys+Phe;0.753,252.958,1+ALB+ALT+NEFA+His+O
 rn;0.753,251.729,1+ALB+ALT+gGT+His+Lys;0.753,254.381,1+ALB+
 NEFA+His+Orn+Lys;0.753,252.394,1+ALB+AST+ALT+NEFA+Orn;0.753,
 60 253.663,1+ALB+AST+3MeHis+Orn+Phe;0.753,252.262,1+ALB+ALT+Gl c+Arg+Ile;0.753,252.292,1+ALB+ALT+T-
 BIL+Arg+Ile;0.753,254.2 00,1+ALB+BUN+BHBA+Glc+Lys;0.753,251.764,1+ALB+ALT+T-BIL+Arg
 +Orn;0.753,251.179,1+ALB+AST+ALT+Arg+Val;0.753,253.984,1+AL B+BUN+AST+T-
 BIL+Orn;0.753,256.002,1+ALB+AST+T-BIL+BHBA+Orn;
 0.753,251.966,1+ALB+BUN+NEFA+Asp+Phe;0.753,251.969,1+ALB+AL
 65 T+Lys+Tyr+Val;0.753,254.365,1+BCAA+Trp+AST+ALB+TP;0.753,255.
 387,1+ALB+Ca+AST+Orn+Lys;0.753,254.410,1+Ala+Trp+AST+ALB+C

a;0.752,251.328,1+ALB+3MeHis+Asp+Lys+Val;0.752,251.390,1+ALB+BUN+AST+ALT+Thr;0.752,253.657,1+Trp+AST+ALB+TP+NEFA;0.752,252.040,1+ALB+Ca+ALT+T-BIL+Lys;0.752,252.114,1+ALB+Ca+ALT+Glc+Lys;0.752,251.912,1+ALB+ALT+NEFA+T-BIL+Arg;0.752,250.293,1+ALB+ALT+NEFA+Asp+Trp;0.752,252.137,1+ALB+BUN+AST+Tyr+Trp;
5 0.752,255.846,1+ALB+AST+Orn+Val+Phe;0.752,256.841,1+ALB+AST+Glc+Orn+Ile;0.752,251.883,1+ALB+ALT+Arg+Tyr+Val;0.752,250.234,1+ALB+ALT+Asp+Tyr+Trp;0.752,254.337,1+ALB+BUN+AST+His+Orn;0.752,255.030,1+ALB+AST+T-BIL+Arg+Orn;0.752,256.093,1+ALB+BUN+AST+T-BIL+Glc+Orn;0.752,256.795,1+ALB+AST+BHBA+Orn+Ile;0.752,252.115,1+ALB+Ca+ALT+gGT+Lys;0.752,252.180,1+ALB+ALT+NEFA+Glc+Arg;0.752,252.145,1+ALB+ALT+NEFA+BHBA+Arg;0.752,252.854,1+ALB+ALT+gGT+Thr+Orn;0.752,255.842,1+ALB+AST+Orn+Tyr+Phe;0.752,256.039,1+ALB+AST+Thr+Lys+Ile;0.752,256.004,1+ALB+Ca+AST+T-BIL+Orn;0.752,251.946,1+Trp+TCHO+ALT+AST+ALB;0.752,252.611,1+Ala+ALT+AST+ALB+BUN;0.752,252.317,1+ALB+ALT+gGT+B
15 HBA+Arg;0.752,249.646,1+ALB+ALT+3MeHis+Asp+Orn;0.752,253.029,1+ALB+ALT+BHBA+His+Orn;0.752,255.930,1+ALB+AST+gGT+T-BIL+Orn;0.752,254.413,1+ALB+AST+His+Arg+Orn;0.752,252.026,1+ALB+Ca+ALT+BHBA+Lys;0.752,252.163,1+ALB+ALT+NEFA+Arg+Tyr;0.752,252.317,1+ALB+ALT+gGT+T-BIL+Arg;0.752,254.292,1+BCAA+Trp+TG+ALB+BUN;0.752,255.234,1+ALB+T-BIL+His+Orn+Lys;0.752,252.550,1+ALB+AST+ALT+T-BIL+Orn;0.752,253.520,1+ALB+AST+Asp+Orn+Lys;0.752,255.961,1+ALB+AST+BHBA+His+Lys;0.752,256.796,1+ALB+AST+BHBA+Glc+Orn;0.752,253.569,1+ALB+AST+gGT+NEFA+Lys;0.752,252.072,1+ALB+Ca+ALT+T-BIL+Arg;0.752,256.669,1+ALB+Ca+AST+BHBA+Orn;0.752,254.042,1+ALB+BUN+3MeHis+Arg+Orn;0.752,254.300,1+BCAA+Trp+gGT+ALB+BUN;0.752,254.629,1+ALB+3MeHis+Lys+Tyr+Trp;0.752,251.862,1+ALB+ALT+gGT+His+Arg;0.752,254.433,1+ALB+NEFA+3MeHis+Lys+Trp;0.752,252.244,1+ALB+BUN+AST+Val+Trp;0.752,256.185,1+ALB+AST+BHBA+Thr+Orn;0.752,251.433,1+ALB+Ca+ALT+Arg+Thr;0.752,253.727,1+ALB+3MeHis+Arg+Lys+Trp;0.752,254.093,1+Gly+Trp+TG+ALB+BUN;0.752,253.032,1+ALB+ALT+gGT+His+Orn;0.752,251.339,1+ALB+AST+ALT+Lys+Tyr;0.752,251.884,1+ALB+ALT+T-BIL+His+Arg;0.752,251.364,1+ALB+NEFA+3MeHis+Asp+Lys;0.752,252.156,1+ALB+ALT+gGT+NEFA+Arg;0.752,252.419,1+ALB+AST+ALT+Orn+Val;0.752,256.297,1+ALB+AST+Glc+His+Lys;0.752,256.711,1+ALB+AST+gGT+Orn+Ile;0.752,254.337,1+Ala+Gly+BCAA+ALT+ALB;0.752,248.631,1+ALB+BUN+ALT+3MeHis+Asp;0.752,253.714,1+ALB+BUN+3MeHis+Val+Trp;0.752,252.846,1+ALB+ALT+BHBA+Thr+Orn;0.752,252.863,1+Trp+Glc+ALT+ALB+TP;0.752,252.604,1+ALB+AST+ALT+Glc+Orn;0.752,252.878,1+Trp+ALT+ALB+TP+NEFA;0.752,252.509,1+BCAA+Trp+ALT+ALB+TP;0.752,255.943,1+ALB+AST+His+Orn+Ile;0.752,252.072,1+ALB+Ca+ALT+Glc+Arg;0.752,252.340,1+ALB+ALT+T-BIL+Glc+Arg;0.752,254.507,1+ALB+3MeHis+Arg+Lys+Val;0.752,251.876,1+ALB+ALT+Glc+His+Arg;0.752,254.523,1+ALB+3MeHis+Lys+Phe+Trp;0.752,250.697,1+ALB+ALT+Arg+Asp+Tyr;0.752,252.948,1+ALB+ALT+His+Orn+Ile;0.752,253.045,1+Gly+BCAA+Trp+ALT+ALB;0.752,252.604,1+ALB+AST+ALT+Orn+Ile;0.752,253.650,1+ALB+BUN+AST+3MeHis+Orn;0.752,254.929,1+ALB+BUN+AST+Glc+Orn;0.752,254.390,1+ALB+AST+His+Arg+Lys;0.752,255.355,1+ALB+AST+Arg+Thr+Orn;0.752,255.230,1+ALB+AST+T-BIL+Thr+Lys;0.752,254.448,1+Trp+TG+AST+ALB+TP;0.752,256.562,1+ALB+Ca+AST+gGT+Orn;0.752,254.110,1+ALB+BUN+Ca+BHBA+Lys;0.752,254.543,1+ALB+BUN+NEFA+Val+Phe;0.752,254.319,1+Trp+TG+gGT+ALB+BUN;0.752,251.604,1+ALB+3MeHis+Asp+Orn+Lys;0.752,254.123,1+Gly+Trp+gGT+ALB+BUN;0.752,253.938,1+ALB+BUN+His+Thr+Orn;0.752,252.367,1+BCAA+Trp+AST+ALB+BUN;0.752,255.875,1+ALB+AST+gGT+His+Orn;0.752,250.434,1+ALB+AST+3MeHis+Asp+Trp;0.752,252.466,1+ALB+BUN+AST+Asp+Orn;0.752,254.547,1+ALB+AST+His+Thr+Orn;0.752,255.547,1+ALB+AST+Arg+Thr+Ile;0.752,252.338,1+ALB+ALT+BHBA+Glc+Arg;0.752,253.026,1+ALB+ALT+T-BIL+His+Orn;0.752,253.034,1+ALB+ALT+Glc+His+Orn;0.752,252.875,1+ALB+ALT+Tyr+Val+Phe;0.752,253.568,1+ALB+BUN+AST+Arg+Phe;0.752,252.378,1+Trp+Glc+AST+ALB+BUN;0.752,252.315,1+BCAA+Trp+ALT+AST+ALB;0.752,252.444,1+ALB+Ca+AST+ALT+Orn;0.752,254.334,1+ALB+3MeHis+Orn+Lys+Trp;0.752,255.525,1+ALB+3MeHis+Lys+Val+Phe;0.752,255.885,1+ALB+Orn+Tyr+Phe+Trp;0.752,252.052,1+ALB+AST+ALT+Val+Trp;0.752,255.314,1+ALB+AST+NEFA+Orn+Val;0.752,256.491,1+ALB+AST+Glc+Lys+Ile;0.752,254.173,1+Trp+TCHO+AST+ALB+TP;0.751,252.297,1+ALB+ALT+gGT+Glc+Arg;0.751,252.857,1+ALB+ALT+3MeHis+Orn+Val;0.751,254.299,1+BCAA+Trp+Glc+ALB+BUN;0.751,254.318,1+Trp+Glc+T

G+ALB+BUN;0.751,252.880,1+Trp+TG+ALT+ALB+TP;0.751,255.399,1
+ALB+AST+Arg+Lys+Tyr;0.751,255.043,1+ALB+AST+gGT+NEFA+Orn;0.
751,254.128,1+Gly+Trp+Glc+ALB+BUN;0.751,253.961,1+ALB+BUN+A
ST+Arg+Orn;0.751,256.652,1+ALB+AST+gGT+BHBA+Orn;0.751,256.7
5 20,1+ALB+AST+gGT+Glc+Orn;0.751,252.065,1+ALB+Ca+ALT+BHBA+Ar
g;0.751,256.694,1+ALB+Ca+AST+Glc+Orn;0.751,255.558,1+ALB+Ca
+AST+Arg+Orn;0.751,255.366,1+ALB+3MeHis+Orn+Lys+Val;0.751,2
51.901,1+ALB+ALT+BHBA+His+Arg;0.751,253.704,1+ALB+BUN+NEFA+
Arg+Phe;0.751,254.034,1+Gly+Trp+ALB+BUN+BHBA;0.751,254.035,
10 1+ALB+BUN+Tyr+Val+Trp;0.751,252.464,1+ALB+AST+ALT+gGT+Orn;0.
751,253.354,1+ALB+AST+3MeHis+Arg+Orn;0.751,254.236,1+ALB+AS
T+NEFA+Arg+Thr;0.751,253.150,1+Trp+Glc+TCHO+ALT+ALB;0.751,2
54.659,1+ALB+3MeHis+Arg+Orn+Lys;0.751,255.766,1+ALB+3MeHis+
Lys+Tyr+Phe;0.751,255.940,1+ALB+His+Orn+Lys+Ile;0.751,251.2
15 03,1+ALB+ALT+NEFA+Asp+Orn;0.751,253.926,1+ALB+BUN+AST+Thr+O
rn;0.751,256.190,1+ALB+AST+Glc+Thr+Orn;0.751,254.408,1+Trp+
AST+gGT+ALB+TP;0.751,251.079,1+ALB+ALT+Asp+Orn+Tyr;0.751,25
2.588,1+ALB+AST+ALT+BHBA+Orn;0.751,255.213,1+ALB+AST+NEFA+O
rn+Tyr;0.751,255.325,1+ALB+AST+Arg+Thr+Lys;0.751,256.274,1+
20 ALB+AST+BHBA+Lys+Ile;0.751,256.160,1+ALB+Ca+AST+Thr+Orn;0.7
51,252.280,1+Trp+AST+ALB+BUN+Ca;0.751,253.704,1+ALB+Asp+Lys
+Tyr+Trp;0.751,250.167,1+ALB+AST+ALT+Asp+Phe;0.751,252.827,1+ALB+ALT+T-
BIL+Thr+Orn;0.751,251.495,1+ALB+ALT+His+Thr+Or
n;0.751,252.126,1+Trp+AST+ALB+BUN+NEFA;0.751,254.806,1+ALB+
25 BUN+AST+BHBA+Orn;0.751,255.375,1+ALB+AST+Arg+Orn+Phe;0.751,
252.143,1+ALB+AST+NEFA+Asp+Trp;0.751,255.638,1+ALB+3MeHis+O
rn+Val+Phe;0.751,255.673,1+ALB+NEFA+Orn+Lys+Ile;0.751,254.0
65,1+ALB+BUN+NEFA+Val+Trp;0.751,255.389,1+ALB+NEFA+Lys+Tyr+ Trp; 0.751,252.442,1+ALB+AST+ALT+Val
+ Phe; 0.751,252.846, 1 + Trp +ALT+ALB+TP+BHBA;0.751,253.931,1+ALB+AST+Asp+Lys+Val;0.751,
30 256.323,1+ALB+AST+gGT+Lys+Ile;0.751,253.249,1+ALB+AST+NEFA+
Arg+Asp;0.751,254.023,1+Trp+TCHO+gGT+ALB+BUN;0.751,254.619,
1+ALB+3MeHis+Arg+Lys+Tyr;0.751,256.062,1+ALB+Glc+His+Orn+Ly
s;0.751,254.021,1+ALB+AST+Asp+Lys+Tyr;0.751,257.105,1+ALB+N
EFA+Orn+Val+Phe;0.751,252.008,1+ALB+AST+ALT+Tyr+Trp;0.751,2
35 54.323,1+Trp+Glc+gGT+ALB+BUN;0.751,252.760,1+ALB+ALT+Glc+Th
r+Orn;0.751,255.168,1+ALB+NEFA+His+Thr+Lys;0.751,255.420,1+
ALB+AST+Glc+Arg+Lys;0.751,252.766,1+ALB+AST+Asp+Val+Trp;0.7
51,252.799,1+ALB+Ca+ALT+His+Orn;0.751,252.480,1+Trp+TCHO+AL
T+ALB+TP;0.751,251.915,1+ALB+ALT+His+Arg+Ile;0.751,252.989,
40 1+ALB+ALT+NEFA+Val+Trp;0.751,254.196,1+Trp+TG+ALB+BUN+BHBA;
0.751,256.006,1+Ala+Gly+BCAA+ALB+BUN;0.751,252.873,1+Trp+AL
T+gGT+ALB+TP;0.751,253.257,1+BCAA+Trp+ALT+gGT+ALB;0.751,253.
873,1+ALB+NEFA+His+Arg+Lys;0.751,253.593,1+ALB+AST+Arg+Val+
Trp;0.751,255.405,1+ALB+AST+Arg+Lys+Phe;0.751,252.772,1+ALB
45 +AST+Asp+Phe+Trp;0.751,252.363,1+ALB+ALT+T-BIL+BHBA+Arg;0.7
51,254.122,1+Gly+Trp+ALB+BUN+NEFA;0.751,251.101,1+ALB+AST+3
MeHis+Arg+Asp;0.751,252.084,1+Trp+TCHO+AST+ALB+BUN;0.751,25
4.206,1+Trp+gGT+ALB+BUN+BHBA;0.751,253.693,1+Trp+ALT+gGT+AL
B+BHBA;0.751,255.268,1+ALB+AST+BHBA+Arg+Lys;0.751,253.985,1
50 +BCAA+Trp+TCHO+ALB+BUN;0.751,254.115,1+Gly+BCAA+Trp+ALB+BU N;0.751,256.743,1+ALB+T-
BIL+Orn+Lys+Ile;0.751,251.767,1+ALB +BUN+ALT+3MeHis+Tyr;0.751,251.633,1+ALB+AST+3MeHis+Asp+Orn;
0.751,252.146,1+Gly+Trp+ALT+AST+ALB;0.751,254.956,1+ALB+NEF
A+3MeHis+Lys+Phe;0.751,252.850,1+ALB+ALT+3MeHis+Val+Trp;0.7
51,254.162,1+Trp+TG+ALB+BUN+NEFA;0.751,252.812,1+ALB+ALT+Ty
55 r+Val+Trp;0.751,253.233,1+BCAA+Trp+TG+ALT+ALB;0.751,257.370,
1+Ala+Gly+BCAA+AST+ALB;0.751,253.580,1+ALB+AST+Arg+Phe+Trp;
0.750,255.683,1+ALB+Orn+Lys+Tyr+Trp;0.750,252.603,1+Trp+TG+
ALT+AST+ALB;0.750,252.101,1+ALB+AST+ALT+Orn+Tyr;0.750,255.222,1+ALB+AST+T-
BIL+BHBA+Lys;0.750,252.969,1+ALB+ALT+NEFA+3MeHis+Orn;0.750,253.618,1+ALB+BUN+ALT+T-
60 BIL+Ile;0.750,252.672,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Val;0.750,254.002,1+ALB+AST+3MeHis+Lys + Tyr;
0.750,252.326, 1+ALB+BUN+AST+ALT+Val; 0.750,253.693, 1 + Tr
p+ALT+gGT+ALB+NEFA;0.750,256.337,1+ALB+AST+BHBA+Thr+Lys;0.7
50,256.257,1+ALB+Ca+AST+His+Lys;0.750,253.169,1+Trp+TCHO+AL
T+gGT+ALB;0.750,254.392,1+Trp+AST+ALB+TP+Ca;0.750,252.410,1
65 +ALB+ALT+3MeHis+Orn+Tyr;0.750,253.828,1+ALB+BUN+NEFA+3MeHis
+Trp;0.750,254.212,1+Trp+gGT+ALB+BUN+NEFA;0.750,253.396,1+G

- ly+Trp+ALT+ALB+BHBA;0.750,253.759,1+ALB+BUN+AST+Arg+Thr;0.750,255.180,1+ALB+AST+T-BIL+Glc+Lys;0.750,253.628,1+ALB+BUN+ Asp+Tyr+Phe;0.750,252.600,1+Trp+ALT+AST+ALB+BHBA;0.750,253.376,1+Gly+Trp+Glc+ALT+ALB;0.750,256.177,1+ALB+Lys+Tyr+Phe+Trp;0.750,256.632,1+ALB+T-BIL+Glc+His+Lys;0.750,255.104,1+ALB+AST+3MeHis+Orn+Val;0.750,256.125,1+ALB+AST+gGT+Thr+Orn;0.
- 5 750,252.782,1+Trp+ALT+ALB+TP+Ca;0.750,252.720,1+BCAA+Trp+TC HO+ALT+ALB;0.750,253.359,1+ALB+BUN+Arg+Asp+Phe;0.750,252.567,1+Trp+ALT+AST+ALB+NEFA;0.750,254.193,1+BCAA+Trp+ALB+BUN+N EFA;0.750,255.368,1+ALB+NEFA+His+Lys + Ile; 0.750,253.328,1+ALB+BUN+AST+NEFA+Arg;0.750,253.171,1+Trp+TCHO+ALT+ALB+BHBA;0.
- 10 750,253.172,1+Trp+TCHO+ALT+ALB+NEFA;0.750,254.171,1+BCAA+Trp+ALB+BUN+BHBA;0.750,250.602,1+ALB+ALT+Asp+Tyr+Phe;0.750,254.206,1+Trp+Glc+ALB+BUN+BHBA;0.750,253.680,1+Trp+TG+ALT+gGT +ALB; 0.750,255.966,1+ALB+BHBA+His+Orn+Lys; 0.750,255.493,1+ALB+gGT+NEFA+His+Lys;0.750,255.701,1+ALB+AST+BHBA+Arg+Orn;0.
- 15 750,255.720,1+ALB+AST+Glc+Arg+Orn;0.750,255.737,1+ALB+AST+Arg+Orn+Tyr;0.750,252.785,1+ALB+Ca+ALT+Thr+Orn;0.750,255.558,1+ALB+3MeHis+Orn+Lys+Tyr;0.750,255.796,1+ALB+BUN+Thr+Orn+Ile; 0.750,254.883,1+Gly+Trp+TG+AST+ALB;0.750,254.023,1+Trp+TC HO+TG+ALB+BUN;0.750,252.476,1+BCAA+ALT+ALB+BUN+TP;0.750,254.027,1+Trp+Glc+TCHO+ALB+BUN;0.750,253.169,1+Trp+TCHO+TG+ALT+ALB;0.750,253.259,1+BCAA+Trp+Glc+ALT+ALB;0.750,252.889,1+Gly+Trp+TCHO+ALT+ALB;0.750,255.757,1+Ala+BCAA+ALB+BUN+NEFA;0.
- 20 750,252.863,1+BCAA+TG+ALT+ALB+BUN;0.750,256.977,1+Ala+Trp+TG+ALB+NEFA;0.750,254.169,1+Trp+TG+ALB+BUN+Ca;0.750,252.570,1+Trp+ALT+AST+ALB+Ca;0.750,254.216,1+Trp+Glc+ALB+BUN+NEFA;0.
- 25 750,253.265,1+BCAA+Trp+ALT+ALB+BHBA;0.750,253.675,1+Trp+Glc+ALT+gGT+ALB;0.750,254.491,1+Gly+Trp+AST+gGT+ALB;0.750,252.942,1+BCAA+ALT+gGT+ALB+BUN;0.750,253.682,1+Trp+Glc+ALT+ALB+ BHBA; 0.749,252.388, 1 + Trp+ALT+AST+gGT+ALB; 0.749,253.707, 1 + Trp+ALT+ALB+NEFA+BHBA;0.749,254.173,1+Trp+gGT+ALB+BUN+Ca;0.749,252.623,1+Trp+Glc+ALT+AST+ALB;0.749,257.001,1+Ala+BCAA+Trp+ALB+NEFA;0.749,253.320,1+Gly+Trp+TG+ALT+ALB;0.749,253.687,1+Trp+Glc+ALT+ALB+NEFA;0.749,253.689,1+Trp+TG+ALT+ALB+BHBA;0.749,252.967,1+Gly+BCAA+ALT+ALB+BUN;0.749,253.671,1+Trp+Glc+TG+ALT+ALB;0.749,256.885,1+Ala+Trp+Glc+ALB+NEFA;0.749,254.
- 35 853,1+Gly+Trp+AST+ALB+BHBA;0.749,254.158,1+BCAA+Trp+ALB+BUN+Ca;0.749,253.321,1+Gly+Trp+ALT+ALB+Ca;0.749,253.685,1+Trp+TG+ALT+ALB+NEFA;0.749,253.277,1+BCAA+Trp+ALT+ALB+NEFA;0.749,252.942,1+BCAA+ALT+ALB+BUN+NEFA;0.749,254.161,1+Trp+ALB+BUN+NEFA+BHBA;0.749,254.323,1+Ala+AST+ALB+BUN+NEFA;0.749,253.878,1+Trp+TCHO+ALB+BUN+NEFA;0.749,253.807,1+Gly+Trp+TCHO+ALB+BUN;0.749,253.087,1+Trp+TCHO+ALT+ALB+Ca;0.749,256.298,1+Ala+Gly+ALB+BUN+NEFA;0.749,256.205,1+Ala+Trp+TCHO+ALB+NEFA;0.
- 40 749,254.822,1+Gly+Trp+AST+ALB+NEFA;0.749,253.989,1+Gly+Trp+ALB+BUN+Ca;0.749,253.917,1+Trp+TCHO+ALB+BUN+BHBA;0.749,252.572,1+BCAA+ALT+ALB+BUN+BHBA;0.749,253.258,1+Gly+Trp+ALT+ALB +NEFA; 0.749, 253.216, 1+BCAA+Trp+ALT+ALB+Ca; 0.749, 252.945, 1+B CAA+Glc+ALT+ALB+BUN;0.749,254.176,1+Trp+Glc+ALB+BUN+Ca;0.749,254.907,1+Gly+Trp+Glc+AST+ALB;0.749,252.456,1+BCAA+TCHO+A LT+ALB+BUN;0.749,254.080,1+Trp+ALB+BUN+Ca+NEFA;0.748,254.556,1+Gly+Trp+TCHO+AST+ALB;0.748,252.643,1+BCAA+ALT+AST+ALB+B UN;0.748,254.857,1+Gly+BCAA+Trp+AST+ALB;0.748,254.971,1+Ala+Gly+AST+ALB+BUN;0.748,255.329,1+Ala+Gly+ALT+AST+ALB;0.748,257.451,1+Ala+BCAA+Trp+Glc+ALB;0.747,256.771,1+Ala+Trp+Glc+TCHO+ALB;0.747,257.042,1+Ala+Gly+Glc+ALB+BUN;0.747,257.426,
- 55 1+Ala+Trp+Glc+TG+ALB;0.746,256.868,1+Ala+BCAA+Trp+TCHO+ALB;0.746,257.484,1+Ala+BCAA+Trp+TG+ALB;0.746,256.855,1+Ala+Trp+TCHO+TG+ALB;0.746,254.535,1+Ala+BCAA+TCHO+ALT+ALB;0.746,257.358,1+Ala+Trp+Glc+gGT+ALB;0.745,257.137,1+Ala+Gly+TG+ALB+BUN;0.745,255.111,1+Ala+BCAA+ALT+gGT+ALB;0.745,254.487,1+Ala+BCAA+ALT+AST+ALB;0.745,255.107,1+Ala+BCAA+TG+ALT+ALB;0.745,255.118,1+Ala+BCAA+Glc+ALT+ALB;0.745,257.425,1+Ala+BCAA+Trp+gGT+ALB;0.745,256.835,1+Ala+Trp+TCHO+gGT+ALB;0.745,255.824,1+BCAA+Trp+Glc+AST+ALB;0.745,255.840,1+BCAA+Trp+TG+AST+A LB;0.745,255.695,1+Trp+TG+AST+gGT+ALB;0.744,255.453,1+Ala+B CAA+AST+ALB+BUN;0.744,257.412,1+Ala+Trp+TG+gGT+ALB;0.744,255.462,1+BCAA+Trp+TCHO+AST+ALB;0.744,255.581,1+BCAA+Trp+AST+
- 65

- gGT+ALB;0.744,255.698,1+Trp+Glc+AST+gGT+ALB;0.744,255.943,1
+Trp+Glc+TG+AST+ALB;0.744,255.584,1+Trp+TCHO+TG+AST+ALB;0.7
44,257.216,1+Ala+BCAA+Glc+ALB+BUN;0.744,255.366,1+Trp+TCHO+
AST+gGT+ALB;0.744,256.951,1+Ala+Gly+gGT+ALB+BUN;0.744,257.2
5 60,1+Ala+BCAA+TG+ALB+BUN;0.744,254.943,1+Gly+BCAA+ALT+AST+A
LB;0.744,259.063,1+Ala+Gly+Glc+AST+ALB;0.743,260.493,1+Ala+
Gly+BCAA+Glc+ALB;0.743,259.080,1+Ala+Gly+TG+AST+ALB;0.743,2
56.208,1+Ala+Gly+TCHO+ALB+BUN;0.743,255.573,1+Trp+Glc+TCHO+
AST+ALB;0.743,260.492,1+Ala+Gly+BCAA+TG+ALB;0.743,256.348,1
10 +Ala+Gly+TG+ALT+ALB;0.743,257.886,1+Gly+BCAA+Trp+Glc+ALB;0.
743,255.588,1+Gly+BCAA+TG+ALT+ALB;0.743,256.560,1+Ala+BCAA+
TCHO+ALB+BUN;0.743,255.004,1+Gly+BCAA+TCHO+ALT+ALB;0.743,25
6.370,1+Ala+Gly+Glc+ALT+ALB;0.742,255.641,1+Gly+BCAA+Glc+AL
T+ALB;0.742,255.633,1+Gly+BCAA+ALT+gGT+ALB;0.742,259.075,1+
15 Ala+Gly+AST+gGT+ALB;0.742,256.325,1+Ala+Gly+ALT+gGT+ALB;0.7
42,257.921,1+Gly+BCAA+Trp+TG+ALB;0.742,257.116,1+Ala+BCAA+g
GT+ALB+BUN;0.741,257.922,1+Gly+BCAA+Trp+gGT+ALB;0.741,254.5
91,1+BCAA+TCHO+ALT+AST+ALB;0.741,255.896,1+Ala+Gly+TCHO+ALT
+ALB;0.741,255.184,1+BCAA+ALT+AST+gGT+ALB;0.741,255.279,1+B
20 CAA+Glc+ALT+AST+ALB;0.741,255.840,1+BCAA+TG+ALT+gGT+ALB;0.7
41,255.262,1+BCAA+TG+ALT+AST+ALB;0.741,255.201,1+BCAA+TCHO+
TG+ALT+ALB;0.741,255.841,1+BCAA+Glc+TG+ALT+ALB;0.741,255.20
3,1+BCAA+TCHO+ALT+gGT+ALB;0.741,260.354,1+Ala+Gly+BCAA+gGT+
ALB;0.740,255.203,1+BCAA+Glc+TCHO+ALT+ALB;0.740,255.851,1+B
25 CAA+Glc+ALT+gGT+ALB;0.740,257.322,1+Ala+Glc+AST+ALB+BUN;0.7
40,259.049,1+Ala+Gly+BCAA+TCHO+ALB;0.740,258.001,1+Gly+Trp+
Glc+TG+ALB;0.739,258.038,1+Gly+Trp+TG+gGT+ALB;0.739,258.434,
1+Ala+Gly+TCHO+AST+ALB;0.739,258.000,1+Gly+Trp+Glc+gGT+ALB;
0.738,257.594,1+Ala+ALT+AST+gGT+ALB;0.738,259.684,1+Gly+BCAA+AST+gGT+ALB;0.738,259.876,
30 1+Gly+BCAA+TG+AST+ALB;0.738,257.266,1+Gly+BCAA+Trp+TCHO+ALB;0.738,257.564,1+Ala+Glc+ALT+AST
+ALB;0.738,259.877,1+Gly+BCAA+Glc+AST+ALB;0.738,257.455,1+A
la+AST+gGT+ALB+BUN;0.738,257.301,1+Gly+BCAA+AST+ALB+BUN;0.7
38,257.560,1+BCAA+AST+gGT+ALB+BUN;0.738,257.440,1+Gly+Trp+T
CHO+gGT+ALB;0.738,257.370,1+Gly+Trp+Glc+TCHO+ALB;0.738,257.
35 558,1+Ala+TG+ALT+AST+ALB;0.737,257.106,1+Ala+TCHO+AST+ALB+B
UN;0.737,258.542,1+Ala+Glc+TCHO+ALB+BUN;0.737,257.443,1+Gly
+Trp+TCHO+TG+ALB;0.737,257.116,1+Ala+TCHO+ALT+AST+ALB;0.737,
258.112,1+Ala+TG+ALT+gGT+ALB;0.737,257.691,1+Ala+TCHO+TG+AL
T+ALB;0.736,259.821,1+Ala+BCAA+TG+AST+ALB;0.736,259.855,1+A
40 la+BCAA+Glc+AST+ALB;0.736,257.644,1+Ala+TCHO+ALT+gGT+ALB;0.
736,257.402,1+Ala+TG+AST+ALB+BUN;0.736,258.022,1+BCAA+Trp+G
lc+TCHO+ALB;0.736,259.840,1+Ala+BCAA+AST+gGT+ALB;0.736,258.
181,1+Ala+Glc+TG+ALT+ALB;0.736,256.653,1+Gly+TCHO+ALT+ALB+B
UN;0.736,257.689,1+BCAA+TG+AST+ALB+BUN;0.735,258.123,1+Ala+
45 Glc+ALT+gGT+ALB;0.735,259.289,1+Gly+BCAA+TCHO+AST+ALB;0.735,
257.673,1+BCAA+Glc+AST+ALB+BUN;0.735,256.953,1+Gly+Glc+ALT+
ALB+BUN;0.735,258.060,1+BCAA+Trp+TCHO+TG+ALB;0.735,258.630,
1+BCAA+Trp+Glc+gGT+ALB;0.735,257.109,1+Gly+ALT+gGT+ALB+BUN
- 50 [35. Fórmula con seis variables de aminoácido+bioquímica]
0.798,245.367,1+ALB+BUN+His+Asn+Lys+Ile;0.797,245.864,1+ALB
+BUN+NEFA+Asn+Lys+Ile;0.797,241.939,1+ALB+BUN+ALT+Asn+Lys+Ile;0.796,242.147,
1+ALB+BUN+ALT+Asn+Arg+Ile;0.796,244.074,1+
ALB+BUN+ALT+Asn+Tyr+Phe;0.795,246.402,1+ALB+BUN+Asn+Orn+Lys
55 +Ile;0.795,243.435,1+ALB+BUN+ALT+Glc+Asn+Ile;0.795,245.378,
1+ALB+BUN+Glc+Asn+Lys+Ile;0.795,245.911,1+ALB+BUN+Asn+Arg+Lys+Ile;0.794,243.433,
1+ALB+BUN+ALT+Asn+Orn+Ile;0.794,246.04
8,1+ALB+BUN+Asn+Thr+Lys+Ile;0.794,244.832,1+ALB+BUN+ALT+Asn
+Tyr+Trp;0.793,246.792,1+ALB+BUN+BHBA+Asn+Lys+Ile;0.793,246.473,1+ALB+BUN+T-
60 BIL+Asn+Lys+Ile;0.793,243.782,1+ALB+ALT+His
+Asn+Arg+Ile;0.793,244.761,1+ALB+BUN+ALT+Asn+Arg+Tyr;0.793,
246.793,1+ALB+BUN+gGT+Asn+Lys+Ile;0.793,246.514,1+ALB+BUN+C
a+Asn+Lys+Ile;0.793,244.524,1+ALB+BUN+ALT+Asn+Thr+Ile;0.792,
246.409,1+ALB+Glc+His+Asn+Orn+Ile;0.792,245.753,1+ALB+BUN+H
65 is+Asn+Arg+Ile;0.792,245.599,1+ALB+BUN+His+Asn+Orn+Ile;0.79
2,243.756,1+ALB+ALT+Glc+Asn+Arg+Ile;0.792,244.065,1+ALB+BUN

+ALT+His+Asn+Ile;0.792,243.750,1+ALB+BUN+Asn+Asp+Tyr+Trp;0.792,247.825,1+ALB+BUN+Asn+Tyr+Phe+Trp;0.792,244.925,1+ALB+BUN+ALT+Asn+Val+Trp;0.792,245.917,1+ALB+BUN+AST+Asn+Orn+Ile;0.791,244.667,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Asn+Ile;0.791,244.672,1+ALB+BUN+ALT+BHBA+Asn+Ile;0.791,246.246,1+ALB+BUN+Glc+Asn+Orn+Ile;0.791,241.142,1+ALB+BUN+ALT+Asn+Asp+Tyr;0.791,248.008,1+ALB+BUN+Asn+Lys+Tyr+Trp;0.791,244.672,1+ALB+BUN+ALT+gGT+Asn+Ile;0.791,243.971,1+ALB+BUN+ALT+Glc+His+Asn;0.791,244.827,1+ALB+ALT+His+Asn+Orn+Ile;0.790,243.310,1+ALB+BUN+ALT+His+Asn+Arg;0.790,244.651,1+ALB+BUN+ALT+T-BIL+Asn+Ile;0.790,244.438,1+ALB+ALT+Glc+Asn+Lys+Ile;0.790,244.609,1+ALB+ALT+Glc+Asn+Orn+Ile;0.790,244.829,1+ALB+ALT+Asn+Arg+Orn+Ile;0.790,244.068,1+ALB+ALT+Asn+Arg+Lys+Ile;0.790,246.992,1+ALB+BUN+Asn+Arg+Orn+Ile;0.790,245.391,1+ALB+ALT+Asn+Orn+Lys+Ile;0.790,247.812,1+ALB+BUN+BHBA+Asn+Orn+Ile;0.790,244.254,1+ALB+BUN+ALT+Asn+Thr+Lys;0.790,246.085,1+ALB+ALT+Asn+Thr+Orn+Ile;0.790,244.604,1+ALB+BUN+ALT+Asn+Val+Phe;0.790,248.175,1+ALB+NEFA+Glc+Asn+Lys+Ile;0.790,247.692,1+ALB+BUN+Asn+Arg+Tyr+Trp;0.790,247.626,1+ALB+BUN+NEFA+Asn+Orn+Ile;0.790,248.936,1+ALB+BUN+NEFA+His+Asn+Lys+Ile;0.790,248.530,1+ALB+NEFA+His+Asn+Arg+Ile;0.789,247.434,1+ALB+BUN+Asn+Thr+Orn+Ile;0.789,244.503,1+ALB+BUN+Ca+ALT+Asn+Ile;0.789,245.000,1+ALB+BUN+ALT+Glc+Asn+Thr;0.789,243.470,1+ALB+BUN+ALT+His+Asn+Lys;0.789,249.675,1+ALB+NEFA+BHBA+Asn+Lys+Ile;0.789,248.345,1+ALB+His+Asn+Arg+Lys+Ile;0.789,245.213,1+ALB+ALT+His+Asn+Lys+Ile;0.789,245.534,1+ALB+BUN+AST+Asn+Lys+Ile;0.789,245.038,1+ALB+BUN+ALT+Asn+Thr+Orn;0.789,244.715,1+ALB+BUN+ALT+Asn+Arg+Thr;0.789,248.363,1+ALB+BUN+NEFA+Asn+Tyr+Trp;0.789,243.811,1+ALB+BUN+ALT+His+Asn+Orn;0.789,248.289,1+ALB+BUN+Asn+Orn+Tyr+Trp;0.789,247.263,1+ALB+ALT+Asn+Arg+Tyr+Phe;0.789,246.228,1+ALB+BUN+Glc+Asn+Arg+Ile;0.789,247.894,1+ALB+BUN+gGT+Asn+Orn+Ile;0.788,245.689,1+ALB+BUN+ALT+Asn+Orn+Tyr;0.788,242.143,1+ALB+BUN+ALT+Asn+Asp+Trp;0.788,244.481,1+ALB+ALT+BHBA+Asn+Arg+Ile;0.788,244.747,1+ALB+ALT+T-BIL+Asn+Arg+Ile;0.788,246.815,1+ALB+AST+Glc+Asn+Orn+Ile;0.788,248.885,1+ALB+ALT+NEFA+Asn+Tyr+Phe;0.788,249.197,1+ALB+NEFA+Asn+Arg+Lys+Ile;0.788,245.249,1+ALB+ALT+NEFA+Asn+Arg+Ile;0.788,248.518,1+ALB+Glc+His+Asn+Lys+Ile;0.788,241.772,1+ALB+BUN+ALT+Asn+3MeHis+Asp;0.788,245.089,1+ALB+BUN+ALT+Asn+Lys+Tyr;0.788,247.613,1+ALB+His+Asn+Arg+Orn+Ile;0.788,247.903,1+ALB+BUN+T-BIL+Asn+Orn+Ile;0.788,247.431,1+ALB+BUN+BHBA+Asn+Arg+Ile;0.788,244.367,1+ALB+BUN+AST+ALT+Asn+Ile;0.788,249.946,1+ALB+NEFA+Asn+Orn+Lys+Ile;0.788,246.021,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Asn+Tyr;0.788,245.194,1+ALB+BUN+ALT+Glc+Asn+Arg;0.788,245.614,1+ALB+BUN+Asn+Asp+Tyr+Phe;0.788,245.065,1+ALB+ALT+Asn+Arg+Thr+Ile;0.788,246.644,1+ALB+ALT+gGT+Asn+Orn+Ile;0.788,245.981,1+ALB+BUN+ALT+Asn+3MeHis+Tyr;0.788,244.943,1+ALB+BUN+ALT+Asn+Phe+Trp;0.788,247.260,1+ALB+ALT+NEFA+Glc+Asn+Ile;0.788,244.650,1+ALB+BUN+ALT+His+Asn+Thr;0.788,249.682,1+ALB+NEFA+Asn+Thr+Lys+Ile;0.788,245.394,1+ALB+BUN+ALT+Asn+Orn+Trp;0.788,246.573,1+ALB+BUN+AST+Glc+Asn+Ile;0.788,246.026,1+ALB+BUN+ALT+Asn+Tyr+Val;0.788,245.311,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Asn+Trp;0.788,248.155,1+ALB+AST+NEFA+Asn+Lys+Ile;0.788,249.084,1+ALB+NEFA+BHBA+Asn+Arg+Ile;0.788,245.956,1+ALB+ALT+BHBA+Asn+Orn+Ile;0.788,247.347,1+ALB+BUN+Asn+Arg+Thr+Ile;0.788,246.847,1+ALB+AST+His+Asn+Orn+Ile;0.788,248.420,1+ALB+NEFA+His+Asn+Orn+Ile;0.788,245.376,1+ALB+BUN+ALT+Asn+3MeHis+Trp;0.788,245.179,1+ALB+BUN+ALT+Asn+Arg+Trp;0.787,248.320,1+ALB+ALT+Asn+Tyr+Phe+Trp;0.787,248.131,1+ALB+His+Asn+Orn+Lys+Ile;0.787,247.712,1+ALB+BUN+Ca+Asn+Orn+Ile;0.787,245.444,1+ALB+BUN+ALT+BHBA+Asn+Thr;0.787,248.352,1+ALB+BUN+Asn+Tyr+Val+Trp;0.787,246.940,1+ALB+BUN+NEFA+Asn+Arg+Ile;0.787,246.253,1+ALB+ALT+His+Asn+Thr+Orn;0.787,248.605,1+ALB+BUN+NEFA+Asn+Tyr+Phe;0.787,248.731,1+ALB+BHBA+His+Asn+Orn+Ile;0.787,246.638,1+ALB+ALT+NEFA+Asn+Orn+Ile;0.787,248.762,1+ALB+NEFA+Glc+Asn+Orn+Ile;0.787,248.149,1+ALB+AST+Asn+Orn+Lys+Ile;0.787,245.310,1+ALB+BUN+ALT+Asn+Arg+Val;0.787,245.528,1+ALB+BUN+ALT+gGT+Asn+Thr;0.787,248.308,1+ALB+BUN+Asn+3MeHis+Tyr+Trp;0.787,245.232,1+ALB+ALT+gGT+Asn+A

rg+Ile;0.787,248.024,1+ALB+AST+Asn+Thr+Orn+Ile;0.787,245.52
5,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Asn+Thr;0.787,247.787,1+ALB+Glc+His+As
n+Arg+Ile;0.787,250.129,1+ALB+NEFA+Asn+Arg+Orn+Ile;0.787,24
6.021,1+ALB+BUN+ALT+Asn+3MeHis+Val;0.787,242.288,1+ALB+BUN+
5 ALT+Asn+Asp+Phe;0.787,246.392,1+ALB+BUN+Glc+His+Asn+Orn;0.7
87,248.510,1+ALB+AST+BHBA+Asn+Orn+Ile;0.787,245.521,1+ALB+B UN+ALT+T-
BIL+Asn+Thr;0.787,248.275,1+ALB+BUN+ALT+Asn+Lys+Val+Tr
p;0.787,244.793,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+His+Asn;0.787,245.196,1+
ALB+BUN+ALT+Asn+Lys+Trp;0.787,245.611,1+ALB+BUN+AST+Asn+Arg
10 +Ile;0.787,247.065,1+ALB+ALT+Asn+Arg+Tyr+Trp;0.787,245.142,
1+ALB+BUN+ALT+Glc+Asn+Lys;0.787,245.559,1+ALB+BUN+ALT+gGT+G
lc+Asn;0.787,245.559,1+ALB+BUN+ALT+T-BIL+Glc+Asn;0.787,245.
562,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Glc+Asn;0.787,246.700,1+ALB+BUN+AST+ Asn+Tyr+Trp; 0.787,245.353,
1+ALB+BUN+ALT+BHBA+Glc+Asn; 0.786, 247.393,1+ALB+ALT+Glc+Asn+Thr+Ile;0.786,246.804,1+ALB+BUN+H
15 is+Asn+Thr+Lys;0.786,244.459,1+ALB+AST+ALT+Asn+Arg+Ile;0.78
6,246.643,1+ALB+BUN+Glc+His+Asn+Lys;0.786,245.224,1+ALB+Ca+
ALT+Asn+Arg+Ile;0.786,247.184,1+ALB+BUN+Glc+His+Asn+Ile;0.7 86,249.436,1+ALB+NEFA+T-
BIL+Asn+Lys+Ile;0.786,245.531,1+ALB +BUN+ALT+T-BIL+Asn+Arg;0.786,248.659,1+ALB+NEFA+Glc+Asn+Arg
+Ile;0.786,245.455,1+ALB+BUN+ALT+Glc+Asn+Orn;0.786,246.784,
20 1+ALB+ALT+Glc+His+Asn+Ile;0.786,245.977,1+ALB+ALT+NEFA+Asn+
Lys+Ile;0.786,250.694,1+ALB+gGT+NEFA+Asn+Lys+Ile;0.786,245.
700,1+ALB+BUN+ALT+Asn+Orn+Val;0.786,249.721,1+ALB+BHBA+Asn+
Arg+Orn+Ile;0.786,244.821,1+ALB+BUN+ALT+T-BIL+His+Asn;0.786,
244.822,1+ALB+BUN+ALT+gGT+His+Asn;0.786,245.165,1+ALB+BUN+A
25 LT+Asn+Arg+Phe;0.786,247.783,1+ALB+ALT+NEFA+Asn+Arg+Tyr;0.7 86,246.114,1+ALB+ALT+T-
BIL+Asn+Orn+Ile;0.786,246.616,1+ALB+ BUN+NEFA+His+Asn+Lys;0.786,247.546,1+ALB+AST+Asn+Arg+Orn+II
e;0.786,250.305,1+ALB+His+Asn+Thr+Lys+Ile;0.786,245.702,1+A
LB+ALT+Glc+His+Asn+Orn;0.786,242.161,1+ALB+BUN+ALT+Asn+Asp+
Val;0.786,248.099,1+ALB+AST+NEFA+Asn+Orn+Ile;0.786,247.361,
30 1+ALB+ALT+Asn+3MeHis+Arg+Tyr;0.786,248.970,1+ALB+T-BIL+His+
Asn+Orn+Ile;0.786,250.703,1+ALB+NEFA+Asn+Thr+Orn+Ile;0.786,
247.441,1+ALB+ALT+BHBA+Glc+Asn+Ile;0.786,244.993,1+ALB+BUN+
ALT+Asn+Lys+Val;0.786,245.586,1+ALB+BUN+ALT+Asn+Arg+Orn;0.7
86,242.330,1+ALB+BUN+ALT+Asn+Asp+Lys;0.786,245.417,1+ALB+AL
35 T+Asn+Thr+Lys+Ile;0.786,245.591,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Asn+Arg;
0.786,245.593,1+ALB+BUN+ALT+gGT+Asn+Arg;0.786,248.940,1+ALB
+gGT+His+Asn+Orn+Ile;0.786,247.011,1+ALB+BUN+His+Asn+Orn+Ly s;
0.786,247.512,1+ALB+BUN+NEFA+Glc+Asn+Ile; 0.786,248.834,1 +
ALB+ALT+Asn+3MeHis+Tyr+Phe;0.786,247.570,1+ALB+AST+NEFA+Asn
40 +Arg+Ile;0.786,246.070,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Asn+3MeHis;0.786,
245.265,1+ALB+BUN+ALT+Asn+Orn+Phe;0.786,248.677,1+ALB+His+A
sn+Thr+Orn+Ile;0.786,248.473,1+ALB+Glc+Asn+Orn+Lys+Ile;0.78
5,248.195,1+ALB+ALT+Asn+Orn+Tyr+Phe;0.785,246.095,1+ALB+BUN
+ALT+NEFA+Asn+Val;0.785,244.682,1+ALB+BUN+ALT+BHBA+His+Asn;
45 0.785,245.266,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Asn+Phe;0.785,245.427,1+AL
B+BUN+ALT+Asn+3MeHis+Lys;0.785,245.584,1+ALB+BUN+ALT+BHBA+A
sn+Arg;0.785,242.466,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Asn+Asp;0.785,245.9
20,1+ALB+BUN+ALT+Asn+3MeHis+Orn;0.785,245.436,1+ALB+BUN+ALT
+Asn+3MeHis+Arg;0.785,249.998,1+ALB+NEFA+BHBA+Asn+Orn+Ile;0. 785,247.452,1+ALB+BUN+T-
50 BIL+Asn+Arg+Ile;0.785,247.459,1+ALB +ALT+T-BIL+Glc+Asn+Ile;0.785,242.463,1+ALB+BUN+ALT+Asn+Arg+
Asp;0.785,246.896,1+ALB+BUN+His+Asn+Thr+Orn;0.785,251.941,1
+ALB+Asn+Arg+Tyr+Phe+Trp;0.785,245.549,1+ALB+BUN+ALT+gGT+As n+Lys; 0.785,250.891,
1+ALB+BHBA+His+Asn+Lys + Ile; 0.785,247.58 6,1+ALB+ALT+NEFA+Glc+His+Asn;0.785,248.759,1+ALB+AST+T-
BIL+ Asn+Orn+Ile;0.785,245.444,1+ALB+BUN+Ca+ALT+Asn+Thr;0.785,25
55 1.817,1+ALB+Asn+Arg+Orn+Tyr+Trp;0.785,245.103,1+ALB+BUN+ALT
+Asn+3MeHis+Phe;0.785,251.437,1+ALB+NEFA+Asn+Arg+Tyr+Trp;0.
785,250.227,1+ALB+BHBA+Asn+Orn+Lys+Ile;0.785,246.545,1+ALB+
Ca+ALT+Asn+Orn+Ile;0.785,246.135,1+ALB+BUN+ALT+gGT+NEFA+As
n;0.785,245.165,1+ALB+BUN+ALT+Asn+Lys+Phe;0.785,245.428,1+A
60 LB+BUN+Asn+Asp+Lys+Tyr;0.785,246.099,1+ALB+BUN+ALT+gGT+BHBA
+Asn;0.785,245.577,1+ALB+BUN+NEFA+Asn+Asp+Tyr;0.785,247.390,
1+ALB+BUN+gGT+Asn+Arg+Ile;0.785,245.627,1+ALB+AST+ALT+Asn+O
rn+Ile;0.785,247.426,1+ALB+ALT+gGT+Glc+Asn+Ile;0.785,245.52
0,1+ALB+BUN+Ca+ALT+Glc+Asn;0.785,250.399,1+ALB+Ca+NEFA+Asn+
65 Lys+Ile;0.785,245.982,1+ALB+BUN+ALT+gGT+Asn+Orn;0.785,246.1 10,1+ALB+BUN+ALT+gGT+T-
BIL+Asn;0.785,248.560,1+ALB+NEFA+Glc +His+Asn+Orn;0.785,246.104,1+ALB+ALT+gGT+Asn+Lys+Ile;0.785,

248.613, 1+ALB+AST+gGT+Asn+Orn+Ile; 0.785, 245.930, 1+ALB+BUN+A LT+T-
 BIL+Asn+Orn; 0.785, 250.882, 1+ALB+gGT+His+Asn+Lys+Ile; 0.
 785, 244.943, 1+ALB+ALT+Asn+Asp+Tyr+Trp; 0.785, 245.209, 1+ALB+B
 UN+AST+ALT+Asn+Thr; 0.785, 245.561, 1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Asn+Ly
 5 s; 0.785, 246.055, 1+ALB+BUN+ALT+NEFA+T-BIL+Asn; 0.785, 245.961,
 1+ALB+ALT+BHBA+Asn+Lys+Ile; 0.784, 246.895, 1+ALB+AST+ALT+Glc+
 Asn+Ile; 0.784, 248.255, 1+ALB+BUN+Glc+Asn+Thr+Ile; 0.784, 251.9
 26, 1+ALB+Asn+Arg+Lys+Tyr+Trp; 0.784, 244.958, 1+ALB+BUN+AST+AL T+Asn+Trp; 0.784, 246.982, 1+ALB+BUN+T-
 BIL+His+Asn+Lys; 0.784, 2 44.708, 1+ALB+BUN+Ca+ALT+His+Asn; 0.784, 247.862, 1+ALB+ALT+Asn
 10 +Arg+Tyr+Val; 0.784, 245.979, 1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Asn+Orn; 0.784,
 249.304, 1+ALB+AST+His+Asn+Lys+Ile; 0.784, 246.092, 1+ALB+BUN+A
 LT+NEFA+BHBA+Asn; 0.784, 249.075, 1+ALB+BUN+NEFA+T-BIL+Asn+Il
 e; 0.784, 245.548, 1+ALB+BUN+ALT+Asn+Orn+Lys; 0.784, 247.739, 1+A
 LB+ALT+Glc+His+Asn+Thr; 0.784, 242.373, 1+ALB+BUN+ALT+Asn+Asp+ Orn; 0.784, 245.545, 1+ALB+BUN+ALT+T-
 15 BIL+Asn+Lys; 0.784, 247.286, 1+ALB+BUN+BHBA+His+Asn+Lys; 0.784, 250.623, 1+ALB+NEFA+Asn+Arg
 +Thr+Ile; 0.784, 246.788, 1+ALB+ALT+NEFA+His+Asn+Orn; 0.784, 245.
 242, 1+ALB+BUN+AST+ALT+Glc+Asn; 0.784, 245.558, 1+ALB+ALT+Glc+H
 is+Asn+Arg; 0.784, 247.476, 1+ALB+BUN+T-BIL+Glc+His+Asn; 0.784,
 247.788, 1+ALB+ALT+Asn+Arg+Orn+Tyr; 0.784, 245.068, 1+ALB+BUN+A
 20 ST+ALT+Asn+Phe; 0.784, 246.893, 1+ALB+BUN+NEFA+His+Asn+Orn; 0.7
 84, 248.466, 1+ALB+Glc+Asn+Arg+Lys+Ile; 0.784, 247.135, 1+ALB+BU
 N+His+Asn+Arg+Lys; 0.784, 248.888, 1+ALB+NEFA+T-BIL+Asn+Arg+Il e; 0.784, 250.456, 1+ALB+T-
 BIL+His+Asn+Lys+Ile; 0.784, 249.763, 1 +ALB+T-BIL+His+Asn+Arg+Ile; 0.784, 249.896, 1+ALB+BHBA+Asn+Arg
 +Lys+Ile; 0.784, 245.968, 1+ALB+BUN+ALT+BHBA+Asn+Orn; 0.784, 246. 064, 1+ALB+ALT+T-
 25 BIL+Asn+Lys+Ile; 0.784, 249.355, 1+ALB+BHBA+Gl
 c+Asn+Orn+Ile; 0.784, 248.516, 1+ALB+Glc+Asn+Arg+Orn+Ile; 0.784,
 249.688, 1+ALB+BHBA+His+Asn+Arg+Ile; 0.784, 251.968, 1+ALB+Asn+
 Arg+Tyr+Val+Trp; 0.784, 247.872, 1+ALB+BUN+T-BIL+Glc+Asn+Ile; 0.
 784, 248.981, 1+ALB+Glc+Asn+Thr+Orn+Ile; 0.784, 244.220, 1+ALB+B
 30 UN+Asn+3MeHis+Asp+Tyr; 0.784, 247.161, 1+ALB+BUN+AST+NEFA+Asn+
 Ile; 0.784, 247.437, 1+ALB+Ca+ALT+Glc+Asn+Ile; 0.784, 248.414, 1+
 ALB+ALT+Asn+Orn+Tyr+Trp; 0.784, 247.169, 1+ALB+BUN+T-BIL+His+A sn+Orn; 0.784, 249.648, 1+ALB+AST+T-
 BIL+Asn+Lys+Ile; 0.784, 247. 869, 1+ALB+AST+Asn+Arg+Lys+Ile; 0.784, 248.851, 1+ALB+ALT+NEFA+
 BHBA+Asn+Ile; 0.784, 246.825, 1+ALB+ALT+BHBA+His+Asn+Orn; 0.784,
 35 246.829, 1+ALB+ALT+gGT+His+Asn+Orn; 0.784, 248.990, 1+ALB+ALT+A
 sn+3MeHis+Tyr+Trp; 0.784, 249.441, 1+ALB+Glc+Asn+Thr+Lys+Ile; 0.
 784, 245.512, 1+ALB+BUN+ALT+BHBA+Asn+Lys; 0.784, 250.043, 1+ALB+
 Asn+Arg+Thr+Orn+Ile; 0.784, 247.396, 1+ALB+BUN+Ca+Asn+Arg+Ile; 0.784, 251.475, 1+ALB+T-
 BIL+BHBA+Asn+Lys+Ile; 0.784, 245.710, 1+
 40 ALB+BUN+AST+ALT+Asn+Tyr; 0.784, 246.331, 1+ALB+BUN+Asn+Asp+Tyr
 +Val; 0.784, 249.184, 1+ALB+AST+Asn+Thr+Lys+Ile; 0.784, 250.599,
 1+ALB+Ca+His+Asn+Lys+Ile; 0.784, 245.979, 1+ALB+BUN+ALT+T-BIL+ BHBA+Asn; 0.784, 249.602, 1+ALB+T-
 BIL+Glc+Asn+Lys+Ile; 0.784, 24 5.054, 1+ALB+ALT+Asn+Arg+Asp+Tyr; 0.784, 248.791, 1+ALB+Ca+His+
 Asn+Orn+Ile; 0.784, 249.337, 1+ALB+BUN+Asn+Lys+Tyr+Phe; 0.784, 2
 45 47.714, 1+ALB+ALT+Asn+Arg+Lys+Tyr; 0.784, 248.883, 1+ALB+BUN+NE
 FA+Asn+Lys+Tyr; 0.784, 249.130, 1+ALB+BUN+NEFA+BHBA+Asn+Ile; 0.784, 250.301, 1+ALB+T-
 BIL+Asn+Arg+Lys+Ile; 0.784, 250.071, 1+ALB
 +AST+BHBA+Asn+Lys+Ile; 0.783, 244.645, 1+ALB+BUN+AST+ALT+His+A sn;
 0.783, 245.421, 1+ALB+BUN+ALT+Asn+Arg+Lys; 0.783, 253.020, 1 +
 50 ALB+NEFA+Asn+Tyr+Phe+Trp; 0.783, 245.801, 1+ALB+BUN+Asn+Asp+Va
 1+Trp; 0.783, 249.830, 1+ALB+Asn+Arg+Orn+Lys+Ile; 0.783, 248.214,
 1+ALB+AST+Glc+Asn+Lys+Ile; 0.783, 249.210, 1+ALB+AST+Asn+Arg+T yr+Trp; 0.783, 248.995,
 1+ALB+BUN+NEFA+Asn+Thr+Ile; 0.783, 248.6
 41, 1+ALB+BUN+Asn+Val+Phe+Trp; 0.783, 250.234, 1+ALB+NEFA+His+A
 55 sn+Thr+Lys; 0.783, 249.596, 1+ALB+NEFA+Glc+His+Asn+Lys; 0.783, 2
 47.284, 1+ALB+BUN+NEFA+Glc+His+Asn; 0.783, 247.374, 1+ALB+BUN+g
 GT+His+Asn+Orn; 0.783, 247.557, 1+ALB+BUN+gGT+His+Asn+Lys; 0.78
 3, 246.285, 1+ALB+BUN+AST+His+Asn+Orn; 0.783, 249.384, 1+ALB+T-B
 IL+Glc+Asn+Orn+Ile; 0.783, 247.636, 1+ALB+AST+His+Asn+Arg+Ile;
 60 0.783, 245.533, 1+ALB+BUN+Ca+ALT+Asn+Arg; 0.783, 245.646, 1+ALB+
 AST+ALT+Asn+Lys+Ile; 0.783, 247.383, 1+ALB+AST+Glc+Asn+Arg+Il e; 0.783, 246.768, 1+ALB+ALT+T-
 BIL+His+Asn+Orn; 0.783, 248.468, 1 +ALB+BUN+Asn+3MeHis+Val+Trp; 0.783, 246.559, 1+ALB+ALT+Glc+His
 +Asn+Lys; 0.783, 247.431, 1+ALB+BUN+AST+His+Asn+Ile; 0.783, 248. 114, 1+ALB+ALT+NEFA+T-
 BIL+Asn+Ile; 0.783, 245.886, 1+ALB+ALT+Hi s+Asn+Arg+Orn; 0.783, 246.281, 1+ALB+BUN+Asn+Asp+Orn+Tyr; 0.783,
 65 248.570, 1+ALB+Ca+AST+Asn+Orn+Ile; 0.783, 249.595, 1+ALB+Asn+Th
 r+Orn+Lys+Ile; 0.783, 248.613, 1+ALB+BUN+Asn+Orn+Val+Trp; 0.783,

252.623, 1+ALB+Asn+Orn+Tyr+Phe+Trp; 0.783, 248.108, 1+ALB+BUN+g
 GT+Glc+Asn+Ile; 0.783, 251.213, 1+ALB+BHBA+Asn+Thr+Lys+Ile; 0.7
 83, 248.233, 1+ALB+BUN+Ca+Glc+Asn+Ile; 0.783, 250.633, 1+ALB+BHB
 A+Asn+Thr+Orn+Ile; 0.783, 251.222, 1+ALB+gGT+Asn+Thr+Lys+Ile; 0.
 5 783, 242.177, 1+ALB+BUN+AST+ALT+Asn+Asp; 0.783, 248.012, 1+ALB+B
 UN+NEFA+His+Asn+Ile; 0.783, 249.558, 1+ALB+BUN+T-BIL+BHBA+Asn+
 Ile; 0.783, 249.810, 1+ALB+His+Asn+Arg+Thr+Ile; 0.783, 249.931, 1 +ALB+NEFA+T-
 BIL+Asn+Orn+Ile; 0.783, 246.709, 1+ALB+BUN+AST+His
 +Asn+Lys; 0.783, 246.029, 1+ALB+BUN+Ca+ALT+gGT+Asn; 0.783, 246.0
 10 80, 1+ALB+ALT+His+Asn+Arg+Thr; 0.783, 249.199, 1+ALB+BUN+Asn+3M
 eHis+Tyr+Phe; 0.783, 248.804, 1+ALB+BUN+NEFA+Asn+Val+Trp; 0.783,
 249.159, 1+ALB+BUN+gGT+NEFA+Asn+Ile; 0.783, 249.621, 1+ALB+Asn+
 Arg+Thr+Lys+Ile; 0.783, 245.256, 1+ALB+BUN+AST+ALT+Asn+Arg; 0.7
 83, 249.907, 1+ALB+AST+Asn+Orn+Tyr+Trp; 0.783, 245.992, 1+ALB+Ca
 15 +ALT+Asn+Lys+Ile; 0.783, 245.290, 1+ALB+BUN+AST+ALT+Asn+Lys; 0.
 783, 248.030, 1+ALB+BUN+AST+gGT+Asn+Ile; 0.783, 250.765, 1+ALB+g
 GT+NEFA+Asn+Arg+Ile; 0.782, 246.029, 1+ALB+BUN+Ca+ALT+NEFA+As
 n; 0.782, 245.465, 1+ALB+BUN+Ca+ALT+Asn+Lys; 0.782, 250.420, 1+AL
 B+NEFA+Glc+His+Asn+Ile; 0.782, 246.606, 1+ALB+ALT+His+Asn+Orn+ Lys; 0.782, 247.845, 1+ALB+ALT+T-
 20 BIL+Glc+His+Asn; 0.782, 245.743, 1+ALB+BUN+AST+ALT+Asn+3MeHis; 0.782, 246.006, 1+ALB+BUN+Ca+ALT +T-
 BIL+Asn; 0.782, 245.783, 1+ALB+BUN+AST+ALT+Asn+Val; 0.782, 24
 8.448, 1+ALB+ALT+NEFA+His+Asn+Ile; 0.782, 249.084, 1+ALB+ALT+As n+Tyr+Val+Trp; 0.782, 250.984, 1+ALB+T-
 BIL+BHBA+Asn+Orn+Ile; 0.782, 249.898, 1+ALB+AST+gGT+Asn+Lys+Ile; 0.782, 247.281, 1+ALB+B
 UN+Ca+His+Asn+Orn; 0.782, 249.084, 1+ALB+ALT+NEFA+Asn+Tyr+Trp;
 25 0.782, 249.111, 1+ALB+AST+NEFA+Glc+Asn+Ile; 0.782, 248.725, 1+AL
 B+ALT+NEFA+Glc+Asn+Thr; 0.782, 249.381, 1+ALB+BUN+Asn+Orn+Tyr+
 Phe; 0.782, 246.176, 1+ALB+BUN+Asn+Arg+Asp+Tyr; 0.782, 246.252, 1
 +ALB+ALT+NEFA+His+Asn+Arg; 0.782, 246.885, 1+ALB+BUN+NEFA+His+
 Asn+Arg; 0.782, 247.640, 1+ALB+BUN+AST+T-BIL+Asn+Ile; 0.782, 252.
 30 571, 1+ALB+NEFA+Asn+Lys+Tyr+Trp; 0.782, 247.822, 1+ALB+ALT+gGT+
 Glc+His+Asn; 0.782, 248.784, 1+ALB+BUN+Asn+3MeHis+Lys+Val; 0.78
 2, 248.280, 1+ALB+AST+NEFA+His+Asn+Orn; 0.782, 250.505, 1+ALB+Ca
 +Asn+Orn+Lys+Ile; 0.782, 249.305, 1+ALB+ALT+Asn+Tyr+Val+Phe; 0.
 782, 249.098, 1+ALB+BUN+NEFA+Glc+Asn+Thr; 0.782, 248.684, 1+ALB+
 35 BUN+Asn+Arg+Val+Trp; 0.782, 246.839, 1+ALB+BUN+AST+Glc+His+As
 n; 0.782, 246.752, 1+ALB+Ca+ALT+His+Asn+Orn; 0.782, 248.893, 1+AL
 B+BUN+Ca+NEFA+Asn+Ile; 0.782, 246.382, 1+ALB+ALT+BHBA+His+Asn+
 Arg; 0.782, 246.862, 1+ALB+ALT+His+Asn+Thr+Lys; 0.782, 248.501, 1
 +ALB+ALT+Asn+Lys+Tyr+Trp; 0.782, 247.153, 1+ALB+AST+ALT+Asn+Ar
 40 g+Tyr; 0.782, 245.891, 1+ALB+BUN+Ca+ALT+Asn+Orn; 0.782, 245.970,
 1+ALB+BUN+Ca+ALT+BHBA+Asn; 0.782, 248.994, 1+ALB+BUN+NEFA+Asn+
 Arg+Tyr; 0.782, 245.618, 1+ALB+BUN+AST+ALT+Asn+Orn; 0.782, 247.0
 59, 1+ALB+BUN+His+Asn+Arg+Orn; 0.782, 252.922, 1+ALB+NEFA+Asn+O
 rn+Tyr+Phe; 0.782, 247.556, 1+ALB+ALT+BHBA+Glc+His+Asn; 0.782, 2 50.705, 1+ALB+T-
 45 BIL+Asn+Orn+Lys+Ile; 0.782, 248.908, 1+ALB+ALT+
 NEFA+Asn+Thr+Ile; 0.782, 249.552, 1+ALB+NEFA+His+Asn+Thr+Orn; 0.
 782, 247.978, 1+ALB+BUN+Glc+His+Asn+Thr; 0.782, 248.140, 1+ALB+A
 ST+ALT+Asn+Tyr+Trp; 0.782, 250.971, 1+ALB+T-BIL+Asn+Thr+Lys+I
 e; 0.782, 252.168, 1+ALB+NEFA+Asn+Arg+Tyr+Phe; 0.782, 253.253, 1+
 50 ALB+NEFA+Asn+Lys+Tyr+Phe; 0.782, 249.002, 1+ALB+ALT+NEFA+T-BIL
 +Asn+Thr; 0.782, 253.243, 1+ALB+Asn+Lys+Tyr+Phe+Trp; 0.782, 245.
 800, 1+ALB+BUN+AST+ALT+NEFA+Asn; 0.782, 245.821, 1+ALB+BUN+AST+ ALT+T-
 BIL+Asn; 0.782, 252.478, 1+ALB+NEFA+Asn+Orn+Tyr+Trp; 0.78
 2, 252.633, 1+ALB+Asn+Orn+Tyr+Val+Trp; 0.782, 245.761, 1+ALB+BUN
 +AST+ALT+gGT+Asn; 0.782, 250.027, 1+ALB+gGT+Glc+Asn+Lys+Ile; 0.
 781, 253.213, 1+ALB+Asn+Lys+Tyr+Val+Trp; 0.781, 247.368, 1+ALB+B
 UN+AST+Asn+Thr+Lys; 0.781, 247.501, 1+ALB+BUN+His+Asn+Arg+Thr;
 0.781, 251.015, 1+ALB+gGT+Asn+Thr+Orn+Ile; 0.781, 250.487, 1+ALB
 +gGT+Asn+Arg+Orn+Ile; 0.781, 248.126, 1+ALB+BUN+NEFA+Asn+Thr+L ys; 0.781, 246.345, 1+ALB+ALT+T-
 60 BIL+His+Asn+Arg; 0.781, 249.194, 1+ALB+BUN+Asn+Arg+Tyr+Phe; 0.781, 249.625, 1+ALB+BUN+BHBA+Asn+
 Thr+Ile; 0.781, 249.866, 1+ALB+BHBA+Glc+Asn+Arg+Ile; 0.781, 249.
 380, 1+ALB+Ca+Glc+Asn+Orn+Ile; 0.781, 247.610, 1+ALB+ALT+Glc+As n+Thr+Orn; 0.781, 248.914, 1+ALB+ALT+T-
 BIL+Asn+Thr+Ile; 0.781, 2 45.393, 1+ALB+ALT+Asn+Asp+Tyr+Phe; 0.781, 249.334, 1+ALB+BUN+As
 n+Arg+Lys+Tyr; 0.781, 249.416, 1+ALB+Asn+Asp+Orn+Tyr+Trp; 0.781,
 65 249.036, 1+ALB+Asn+Arg+Asp+Tyr+Trp; 0.781, 250.694, 1+ALB+gGT+A
 sn+Orn+Lys+Ile; 0.781, 249.419, 1+ALB+BUN+Ca+Asn+Thr+Ile; 0.781,

251.113, 1+ALB+Ca+BHBA+Asn+Orn+Ile; 0.781, 250.192, 1+ALB+Ca+Asn+Arg+Lys+Ile; 0.781, 248.949, 1+ALB+Glc+His+Asn+Thr+Orn; 0.781, 249.534, 1+ALB+BUN+gGT+T-BIL+Asn+Ile; 0.781, 249.311, 1+ALB+BUN+Asn+Lys+Phe+Trp; 0.781, 251.384, 1+ALB+gGT+NEFA+Asn+Orn+Ile; 0.781, 245.203, 1+ALB+BUN+Asn+3MeHis+Asp+Trp; 0.781, 250.779, 1+ALB+Ca+NEFA+Asn+Arg+Ile; 0.781, 251.046, 1+ALB+T-BIL+Asn+Thr+Orn+Ile; 0.781, 245.747, 1+ALB+BUN+AST+ALT+BHBA+Asn; 0.781, 247.830, 1+ALB+BUN+AST+Asn+Thr+Ile; 0.781, 250.248, 1+ALB+gGT+Asn+Arg+Lys+Ile; 0.781, 250.854, 1+ALB+T-BIL+BHBA+Asn+Arg+Ile; 0.781, 248.032, 1+ALB+ALT+NEFA+Asn+Thr+Lys; 0.781, 249.380, 1+ALB+BUN+T-BIL+Asn+Thr+Ile; 0.781, 247.863, 1+ALB+BUN+gGT+Glc+His+Asn; 0.781, 246.921, 1+ALB+BUN+Glc+His+Asn+Arg; 0.781, 247.959, 1+BCAA+Lys+Phe+ALT+ALB+BUN; 0.781, 249.074, 1+ALB+BUN+Asn+3MeHis+Lys+Tyr; 0.781, 250.959, 1+ALB+Asn+3MeHis+Arg+Tyr+Trp; 0.781, 248.348, 1+ALB+AST+ALT+Asn+Thr+Ile; 0.781, 249.079, 1+ALB+NEFA+Glc+His+Asn+Arg; 0.781, 246.670, 1+ALB+BUN+Asn+Asp+Lys+Trp; 0.781, 249.607, 1+ALB+gGT+His+Asn+Arg+Ile; 0.781, 250.564, 1+ALB+T-BIL+Asn+Arg+Orn+Ile; 0.781, 249.119, 1+ALB+ALT+gGT+NEFA+Asn+Ile; 0.781, 251.270, 1+ALB+NEFA+Glc+His+Asn+Thr; 0.781, 249.688, 1+ALB+BUN+Asn+Orn+Lys+Tyr; 0.781, 249.301, 1+ALB+BUN+Asn+Orn+Lys+Trp; 0.781, 247.306, 1+ALB+BUN+BHBA+His+Asn+Orn; 0.781, 249.275, 1+ALB+gGT+Glc+Asn+Orn+Ile; 0.781, 248.713, 1+ALB+AST+BHBA+Asn+Arg+Ile; 0.781, 247.833, 1+ALB+Ca+ALT+Glc+His+Asn; 0.781, 245.756, 1+ALB+ALT+Asn+Asp+Orn+Tyr; 0.781, 250.739, 1+ALB+AST+Asn+Lys+Tyr+Trp; 0.781, 250.020, 1+ALB+Ca+Glc+Asn+Lys+Ile; 0.781, 252.681, 1+ALB+Asn+Orn+Lys+Tyr+Trp; 0.781, 248.269, 1+ALB+ALT+NEFA+Asn+Thr+Orn; 0.781, 244.931, 1+ALB+ALT+Asn+3MeHis+Asp+Tyr; 0.781, 248.117, 1+ALB+BUN+BHBA+Glc+Asn+Ile; 0.781, 248.069, 1+ALB+AST+Glc+His+Asn+Orn; 0.781, 248.414, 1+ALB+BUN+T-BIL+His+Asn+Ile; 0.781, 248.829, 1+ALB+BUN+His+Asn+Thr+Ile; 0.781, 246.347, 1+ALB+Ca+ALT+His+Asn+Arg; 0.781, 248.991, 1+ALB+ALT+gGT+Asn+Thr+Ile; 0.781, 248.795, 1+ALB+AST+T-BIL+Asn+Arg+Ile; 0.781, 248.270, 1+ALB+ALT+gGT+Asn+Thr+Orn; 0.781, 251.415, 1+ALB+T-BIL+His+Asn+Thr+Lys; 0.781, 249.175, 1+ALB+BUN+NEFA+Asn+Lys+Trp; 0.781, 247.099, 1+ALB+BUN+AST+Asn+Val+Trp; 0.781, 250.507, 1+ALB+Ca+Asn+Arg+Orn+Ile; 0.781, 246.355, 1+ALB+ALT+gGT+His+Asn+Arg; 0.781, 251.213, 1+ALB+Ca+NEFA+Asn+Orn+Ile; 0.781, 252.219, 1+ALB+Asn+3MeHis+Orn+Tyr+Trp; 0.781, 246.489, 1+ALB+BUN+Asn+Arg+Asp+Trp; 0.781, 248.083, 1+ALB+BUN+AST+Asn+Arg+Tyr; 0.781, 248.847, 1+ALB+BUN+Asn+3MeHis+Lys+Trp; 0.781, 250.056, 1+ALB+BHBA+Glc+Asn+Lys+Ile; 0.781, 249.445, 1+ALB+Asn+Asp+Lys+Tyr+Trp; 0.781, 248.369, 1+ALB+BUN+AST+Asn+Lys+Tyr; 0.781, 244.597, 1+ALB+BUN+AST+Asn+Asp+Tyr; 0.781, 250.716, 1+ALB+Glc+His+Asn+Thr+Lys; 0.781, 247.790, 1+ALB+ALT+Asn+Thr+Orn+Lys; 0.781, 249.135, 1+ALB+ALT+NEFA+Asn+Orn+Tyr; 0.781, 246.585, 1+ALB+BUN+NEFA+Asn+Asp+Trp; 0.781, 246.630, 1+ALB+BUN+Asn+Asp+Phe+Trp; 0.781, 247.904, 1+ALB+BUN+AST+NEFA+Asn+Thr; 0.781, 251.141, 1+ALB+gGT+BHBA+Asn+Orn+Ile; 0.781, 247.391, 1+ALB+BUN+Ca+His+Asn+Lys; 0.781, 251.272, 1+ALB+NEFA+T-BIL+Glc+His+Asn; 0.781, 249.304, 1+ALB+NEFA+Asn+Asp+Tyr+Trp; 0.781, 249.788, 1+ALB+T-BIL+Glc+Asn+Arg+Ile; 0.781, 248.286, 1+ALB+AST+ALT+NEFA+Asn+Ile; 0.781, 248.442, 1+ALB+AST+His+Asn+Thr+Orn; 0.781, 250.377, 1+ALB+AST+NEFA+Asn+Tyr+Trp; 0.781, 249.096, 1+ALB+ALT+gGT+BHBA+Asn+Ile; 0.781, 249.762, 1+ALB+BUN+gGT+BHBA+Asn+Ile; 0.781, 247.370, 1+ALB+BUN+T-BIL+His+Asn+Arg; 0.781, 248.577, 1+ALB+ALT+T-BIL+His+Asn+Ile; 0.781, 248.860, 1+ALB+ALT+NEFA+T-BIL+Glc+Asn; 0.781, 248.950, 1+ALB+ALT+BHBA+Asn+Thr+Ile; 0.781, 248.249, 1+ALB+ALT+BHBA+Asn+Thr+Orn; 0.781, 249.303, 1+ALB+BUN+Asn+Arg+Lys+Trp; 0.781, 248.022, 1+ALB+BUN+AST+BHBA+Asn+Ile; 0.781, 248.536, 1+ALB+ALT+His+Asn+Thr+Ile; 0.781, 249.120, 1+ALB+BUN+NEFA+Asn+Thr+Orn; 0.781, 252.016, 1+ALB+gGT+T-BIL+Asn+Lys+Ile; 0.781, 248.372, 1+ALB+BUN+NEFA+His+Asn+Thr; 0.781, 249.217, 1+ALB+T-BIL+Glc+His+Asn+Orn; 0.781, 247.114, 1+ALB+BUN+AST+NEFA+His+Asn; 0.781, 249.466, 1+ALB+BUN+Ca+gGT+Asn+Ile; 0.781, 248.982, 1+ALB+Ca+ALT+NEFA+Asn+Ile; 0.781, 249.073, 1+ALB+ALT+T-BIL+BHBA+Asn+Ile; 0.781, 249.700, 1+ALB+BUN+Asn+Lys+Tyr+Val; 0.781, 248.439, 1+ALB+ALT+NEFA+T-BIL+His+Asn; 0.781, 249.919, 1+ALB+NEFA+His+Asn+Orn+Lys; 0.781, 249.779, 1+ALB+Glc+Asn+Arg+Thr+Ile; 0.781, 249.796, 1+ALB+Ca+AST+Asn+Lys+Ile; 0.781, 248.017, 1+ALB+BUN+Ca+Glc+His+Asn; 0.781, 248.956, 1+ALB+ALT+Asn+3MeHis+Orn+Tyr; 0.781, 249.398, 1+ALB+gGT+Glc+His+Asn+Orn; 0.781, 249.069, 1+ALB+BUN+NEFA+Asn+Lys+Val; 0.781, 249.002, 1+ALB+BUN+Asn+3MeHis+Phe+Trp; 0.781, 245.324, 1+ALB+BUN+Asn+3MeHis+Asp+Lys; 0.781, 248.635, 1+ALB

B+AST+Asn+Arg+Thr+Ile;0.780,247.763,1+ALB+BUN+Ca+AST+Asn+Ile;0.780,248.612,1+ALB+BUN+Ca+His+Asn+Ile;0.780,248.708,1+ALB+B+ALT+BHBA+Glc+Asn+Thr;0.780,248.785,1+ALB+ALT+NEFA+His+Asn+Thr;0.780,249.992,1+ALB+BUN+Asn+Tyr+Val+Phe;0.780,246.141,
 5 1+ALB+ALT+His+Asn+Arg+Lys;0.780,249.740,1+ALB+NEFA+T-BIL+His+Asn+Orn;0.780,249.745,1+ALB+Asn+Asp+Tyr+Phe+Trp;0.780,246.922,1+ALB+BUN+Asn+Asp+Lys+Val;0.780,247.290,1+ALB+ALT+NEFA+His+Asn+Lys;0.780,248.889,1+ALB+Ca+ALT+Asn+Thr+Ile;0.780,248.601,1+ALB+ALT+gGT+His+Asn+Ile;0.780,248.409,1+ALB+BUN+T-B
 10 IL+Asn+Thr+Lys;0.780,248.769,1+ALB+ALT+Asn+Lys+Tyr+Phe;0.780,251.441,1+ALB+NEFA+T-BIL+Glc+Asn+Ile;0.780,245.899,1+ALB+ALT+Asn+3MeHis+Asp+Phe;0.780,248.852,1+ALB+AST+ALT+Asn+Tyr+Phe;0.780,249.568,1+ALB+BUN+gGT+Asn+Thr+Ile;0.780,249.675,1+ALB+BUN+Asn+Arg+Orn+Tyr;0.780,250.066,1+ALB+NEFA+BHBA+His+Asn+Orn;0.780,246.351,1+ALB+AST+ALT+His+Asn+Orn;0.780,248.4
 15 95,1+ALB+AST+ALT+gGT+Asn+Ile;0.780,246.509,1+ALB+BUN+Asn+Asp+Orn+Trp;0.780,247.469,1+ALB+ALT+Glc+Asn+Arg+Thr;0.780,247.647,1+ALB+ALT+Glc+Asn+Thr+Lys;0.780,248.086,1+ALB+ALT+T-BIL+Asn+Thr+Orn;0.780,245.819,1+ALB+ALT+Asn+3MeHis+Asp+Trp;0.780,247.960,1+BCAA+Trp+Phe+ALT+ALB+BUN;0.780,249.435,1+ALB+A
 20 ST+NEFA+Glc+His+Asn;0.780,246.622,1+ALB+BUN+AST+His+Asn+Arg;0.780,248.845,1+ALB+ALT+T-BIL+Glc+Asn+Thr;0.780,246.061,1+ALB+ALT+NEFA+Asn+Asp+Tyr;0.780,249.232,1+ALB+Glc+His+Asn+Arg+Orn;0.780,249.496,1+ALB+Glc+His+Asn+Orn+Lys;0.780,252.099,1+ALB+gGT+BHBA+Asn+Lys+Ile;0.780,248.472,1+ALB+BUN+AST+Asn+Orn+Tyr;0.780,248.148,1+ALB+ALT+BHBA+Asn+Thr+Lys;0.780,248.897,1+ALB+BUN+Glc+Asn+Thr+Orn;0.780,248.455,1+ALB+BUN+AST
 25 +Asn+Tyr+Phe;0.780,249.108,1+ALB+BUN+NEFA+Asn+3MeHis+Trp;0.780,249.357,1+ALB+BUN+NEFA+Asn+Orn+Trp;0.780,248.526,1+ALB+AST+ALT+T-BIL+Asn+Ile;0.780,249.744,1+ALB+Ca+His+Asn+Arg+Ile;0.780,248.892,1+ALB+BUN+Asn+3MeHis+Arg+Tyr;0.780,249.307,1+ALB+BUN+NEFA+Asn+Phe+Trp;0.780,248.866,1+ALB+AST+gGT+Asn+Arg+Ile;0.779,249.870,1+ALB+Ca+Glc+Asn+Arg+Ile;0.779,250.151,1+ALB+T-BIL+His+Asn+Thr+Orn;0.779,247.915,1+ALB+BUN+AST+Glc+Asn+Thr;0.779,248.535,1+ALB+BUN+NEFA+T-BIL+His+Asn;0.779,249.742,1+ALB+BUN+NEFA+Asn+Orn+Tyr;0.779,248.518,1+ALB+AST+ALT+BHBA+Asn+Ile;0.779,250.928,1+ALB+Ca+Asn+Thr+Orn+Ile;0.779,249.334,1+ALB+BUN+Ca+T-BIL+Asn+Ile;0.779,248.594,1+ALB+ALT+BHBA+His+Asn+Ile;0.779,248.710,1+ALB+ALT+Asn+Orn+Val+Trp;0.779,247.606,1+ALB+BUN+BHBA+His+Asn+Arg;0.779,248.775,1+ALB+BUN+gGT+His+Asn+Ile;0.779,251.012,1+ALB+AST+Asn+Tyr+Phe+Trp;0.779,249.437,1+ALB+AST+NEFA+His+Asn+Lys;0.779,252.964,1+ALB+Asn+3MeHis+Orn+Tyr+Phe;0.779,249.840,1+ALB+BUN+NEFA+T-BIL+Asn+Thr;0.779,249.065,1+ALB+ALT+Asn+Val+Phe+Trp;0.779,252.260,1+ALB+NEFA+Asn+Arg+Lys+Tyr;0.779,249.082,1+ALB+BUN+Asn+3MeHis+Orn+Trp;0.779,249.076,1+ALB+ALT+gGT+T-BIL+Asn+Ile;
 40 0.779,250.367,1+ALB+NEFA+Asn+Asp+Tyr+Phe;0.779,249.514,1+ALB+gGT+Glc+Asn+Arg+Ile;0.779,251.771,1+ALB+Ca+T-BIL+Asn+Lys+Ile;0.779,248.166,1+ALB+ALT+gGT+Asn+Thr+Lys;0.779,251.885,1+ALB+NEFA+BHBA+Glc+Asn+Ile;0.779,250.200,1+ALB+gGT+NEFA+His+Asn+Orn;0.779,246.027,1+ALB+AST+ALT+His+Asn+Arg;0.779,245.702,1+ALB+BUN+Ca+AST+ALT+Asn;0.779,251.019,1+ALB+Ca+Asn+Thr+Lys+Ile;0.779,248.972,1+ALB+ALT+NEFA+BHBA+His+Asn;0.779,249.754,1+ALB+Asn+Asp+Tyr+Val+Trp;0.779,249.800,1+ALB+NEFA+Asn+Asp+Lys+Tyr;0.779,251.162,1+ALB+BHBA+Asn+Arg+Thr+Ile;0.779,247.567,1+ALB+BUN+AST+NEFA+Asn+Trp;0.779,249.295,1+ALB+AST+His+Asn+Orn+Lys;0.779,250.252,1+ALB+BHBA+His+Asn+Thr+Orn;0.779,248.347,1+ALB+ALT+Asn+Arg+Val+Trp;0.779,249.113,1+ALB+ALT+Asn+Orn+Tyr+Val;0.779,247.962,1+Ala+Trp+Phe+ALT+ALB+BUN;0.779,249.634,1+ALB+BUN+NEFA+Asn+Val+Phe;0.779,250.460,1+ALB+AST+His+Asn+Thr+Lys;0.779,247.010,1+ALB+BUN+NEFA+Asn+Asp+Lys;0.779,247.694,1+ALB+BUN+AST+Asn+Arg+Trp;0.779,252.423,1+ALB+Asn+3MeHis+Lys+Tyr+Trp;0.779,249.694,1+ALB+BUN+Asn+3MeHis+Orn+Val;0.779,248.159,1+ALB+ALT+T-BIL+Asn+Thr+Lys;0.779,249.292,1+ALB+BUN+T-BIL+Glc+Asn+Thr;0.779,251.274,1+ALB+gGT+NEFA+Glc+His+Asn;0.779,249.802,1+ALB+BUN+Asn+Arg+Tyr+Val;0.779,248.917,1+ALB+BUN+Asn+3MeHis+Arg+Trp;0.779,249.378,1+ALB+BUN+Asn+Arg+Phe+Trp;0.779,246.805,1+ALB+AST+Asn+Asp+Tyr+Trp;0.779,251.330,1+ALB+Ca+NEFA+Glc+His+Asn;0.779,249.819,1+ALB+BUN+gGT+NEFA+Asn+Thr;0.779,251.981,1+ALB+gGT+His+Asn+Thr+Lys;0.779,247.651,1+ALB+AST+ALT+Asn+Thr+Lys;0.779,249.414,1+ALB+BUN+Asn+Orn+Phe+Trp;0.779,247.040,1+ALB+BUN+NEFA+

Asn+Asp+Val;0.779,247.256,1+ALB+BUN+Asn+Arg+Asp+Lys;0.779,247.369,1+ALB+BUN+BHBA+Glc+His+Asn;0.779,245.753,1+ALB+BUN+Asn+3MeHis+Arg+Asp;0.779,250.880,1+ALB+AST+NEFA+Asn+Lys+Tyr;0.779,244.983,1+ALB+BUN+AST+Asn+Asp+Trp;0.779,248.956,1+ALB+Ca+ALT+T-BIL+Asn+Ile;0.779,247.700,1+ALB+ALT+Asn+Arg+Thr+Orn;0.779,248.552,1+ALB+BUN+BHBA+Asn+Thr+Lys;0.779,248.680,1+ALB+BUN+Asn+Thr+Orn+Lys;0.779,247.944,1+ALB+ALT+BHBA+Asn+Arg+Thr;0.779,250.205,1+ALB+gGT+His+Asn+Thr+Orn;0.779,248.497,1+ALB+BUN+gGT+NEFA+His+Asn;0.779,249.236,1+ALB+ALT+Asn+3MeHis+Val+Trp;0.779,250.208,1+ALB+BUN+Asn+Orn+Tyr+Val;0.779,245.446,1+ALB+ALT+Asn+Asp+Lys+Tyr;0.779,245.770,1+ALB+ALT+Asn+3MeHis+Arg+Asp;0.779,247.776,1+ALB+BUN+AST+His+Asn+Thr;0.779,245.746,1+ALB+BUN+NEFA+Asn+3MeHis+Asp;0.779,249.004,1+ALB+Ca+ALT+BHBA+Asn+Ile;0.779,248.821,1+ALB+ALT+gGT+Glc+Asn+Thr;0.779,247.820,1+ALB+ALT+T-BIL+Asn+Arg+Thr;0.779,252.869,1+ALB+NEFA+BHBA+His+Asn+Ile;0.779,246.002,1+ALB+ALT+Asn+3MeHis+Asp+Orn;0.779,248.854,1+ALB+ALT+Asn+Orn+Lys+Tyr;0.779,249.813,1+ALB+BUN+NEFA+Asn+Orn+Lys;0.779,249.892,1+ALB+BUN+Asn+Orn+Lys+Val;0.779,251.804,1+ALB+NEFA+Glc+Asn+Thr+Ile;0.779,248.224,1+ALB+ALT+Asn+3MeHis+Arg+Val;0.779,253.867,1+ALB+NEFA+Asn+3MeHis+Tyr+Phe;0.779,247.455,1+ALB+AST+ALT+Asn+Thr+Orn;0.779,247.626,1+ALB+BUN+gGT+His+Asn+Arg;0.779,249.381,1+ALB+BUN+Asn+Arg+Orn+Trp;0.779,248.165,1+ALB+BUN+AST+NEFA+Asn+Lys;0.779,245.689,1+ALB+BUN+Asn+3MeHis+Asp+Phe;0.778,249.868,1+ALB+BUN+Asn+Lys+Val+Phe;0.778,252.972,1+ALB+Asn+3MeHis+Tyr+Phe+Trp;0.778,249.286,1+ALB+BUN+NEFA+Asn+Arg+Trp;0.778,250.015,1+ALB+BUN+Asn+Orn+Val+Phe;0.778,251.336,1+ALB+NEFA+BHBA+Glc+His+Asn;0.778,247.646,1+ALB+BUN+AST+Asn+Thr+Orn;0.778,248.475,1+ALB+Ca+ALT+His+Asn+Ile;0.778,251.894,1+ALB+Ca+BHBA+Asn+Lys+Ile;0.778,249.492,1+ALB+Ca+Glc+His+Asn+Orn;0.778,249.911,1+ALB+His+Asn+Thr+Orn+Lys;0.778,248.754,1+ALB+ALT+Asn+Orn+Val+Phe;0.778,248.983,1+ALB+ALT+gGT+NEFA+His+Asn;0.778,247.276,1+ALB+BUN+NEFA+Asn+Asp+Phe;0.778,249.259,1+ALB+BUN+NEFA+Glc+Asn+Lys;0.778,249.057,1+ALB+AST+T-BIL+His+Asn+Orn;0.778,248.757,1+ALB+BUN+gGT+Asn+Thr+Lys;0.778,253.429,1+ALB+NEFA+Asn+Tyr+Val+Trp;0.778,249.860,1+ALB+BUN+NEFA+BHBA+Asn+Thr;0.778,247.668,1+ALB+BUN+Ca+His+Asn+Arg;0.778,249.336,1+ALB+BUN+T-BIL+Asn+Thr+Orn;0.778,247.929,1+ALB+ALT+NEFA+Asn+Arg+Thr;0.778,248.800,1+ALB+ALT+Asn+3MeHis+Lys+Tyr;0.778,249.807,1+ALB+BUN+gGT+NEFA+Asn+Lys;0.778,251.035,1+ALB+AST+Asn+Tyr+Val+Trp;0.778,253.709,1+ALB+Asn+Tyr+Val+Phe+Trp,-0.778,248.352,1+ALB+BUN+Glc+Asn+Thr+Lys;0.778,250.665,1+ALB+T-BIL+Glc+His+Asn+Lys;0.778,245.884,1+ALB+ALT+Asn+3MeHis+Asp+Val;0.778,249.815,1+ALB+BUN+NEFA+BHBA+Asn+Lys;0.778,248.757,1+ALB+BUN+BHBA+His+Asn+Ile;0.778,248.724,1+ALB+BUN+Asn+Arg+Thr+Lys;0.778,251.850,1+ALB+BHBA+His+Asn+Thr+Lys;0.778,246.012,1+ALB+ALT+Asn+Asp+Tyr+Val;0.778,246.609,1+ALB+ALT+Asn+Arg+Asp+Trp;0.778,248.514,1+ALB+BUN+NEFA+BHBA+His+Asn;0.778,247.566,1+ALB+ALT+gGT+His+Asn+Lys;0.778,248.828,1+ALB+Ca+ALT+Glc+Asn+Thr;0.778,248.308,1+ALB+BUN+Ca+NEFA+His+Asn;0.778,249.644,1+ALB+ALT+NEFA+BHBA+Asn+Thr;0.778,248.862,1+ALB+AST+ALT+NEFA+Asn+Thr;0.778,248.952,1+ALB+ALT+gGT+His+Asn+Thr;0.778,249.357,1+ALB+ALT+NEFA+Asn+Orn+Val;0.778,250.840,1+ALB+T-BIL+BHBA+His+Asn+Orn;0.778,245.653,1+ALB+ALT+Asn+3MeHis+Asp+Lys;0.778,247.290,1+ALB+AST+ALT+His+Asn+Lys;0.778,248.128,1+ALB+AST+ALT+His+Asn+Ile;0.778,247.405,1+ALB+BUN+AST+Asn+3MeHis+Trp;0.778,251.600,1+ALB+Ca+T-BIL+Asn+Orn+Ile;0.778,248.731,1+ALB+ALT+NEFA+Glc+Asn+Orn;0.778,249.420,1+ALB+ALT+NEFA+Asn+Val+Trp;0.778,247.730,1+ALB+BUN+AST+Asn+Orn+Trp;0.778,249.129,1+ALB+BUN+NEFA+Asn+Arg+Thr;0.778,247.498,1+ALB+AST+ALT+Glc+His+Asn;0.778,251.126,1+ALB+NEFA+BHBA+His+Asn+Lys;0.778,250.456,1+ALB+NEFA+Asn+Asp+Orn+Tyr;0.778,247.715,1+ALB+BUN+AST+Asn+Lys+Trp;0.778,250.524,1+ALB+AST+Asn+Orn+Val+Trp;0.778,248.233,1+ALB+Ca+ALT+Asn+Thr+Orn;0.778,249.657,1+ALB+ALT+gGT+NEFA+Asn+Thr;0.778,249.002,1+ALB+ALT+Asn+3MeHis+Orn+Val;0.778,249.516,1+ALB+BUN+T-BIL+Glc+Asn+Lys;0.778,249.760,1+ALB+BUN+Asn+3MeHis+Orn+Tyr;0.778,249.283,1+ALB+BHBA+Glc+His+Asn+Orn;0.778,252.514,1+ALB+NEFA+Asn+Arg

+Orn+Tyr;0.778,249.633,1+ALB+BUN+NEFA+Glc+Asn+Orn;0.778,249.
 285,1+ALB+AST+BHBA+His+Asn+Orn;0.778,249.542,1+ALB+BUN+Ca+B
 HBA+Asn+Ile;0.778,247.535,1+ALB+ALT+Asn+Arg+Thr+Lys;0.778,2
 49.034,1+ALB+ALT+NEFA+Asn+Lys+Tyr;0.778,249.635,1+ALB+ALT+T -
 5 BIL+BHBA+Asn+Thr;0.778,251.775,1+ALB+NEFA+Glc+Asn+Thr+Lys;
 0.778,249.149,1+Ala+BCAA+Phe+ALT+ALB+BUN;0.778,248.406,1+AL
 B+AST+ALT+NEFA+His+Asn;0.778,249.763,1+ALB+BUN+NEFA+T-BIL+A
 sn+Lys;0.778,247.290,1+ALB+BUN+NEFA+Asn+Asp+Orn;0.778,245.2
 44,1+ALB+BUN+Asn+3MeHis+Asp+Val;0.778,248.485,1+ALB+AST+NEF
 10 A+His+Asn+Arg;0.778,248.424,1+ALB+BUN+AST+NEFA+Asn+Tyr;0.778,250.593,1+ALB+AST+NEFA+T-
 BIL+Asn+Ile;0.778,247.886,1+ALB+ Asn+3MeHis+Asp+Lys+Tyr;0.778,248.345,1+ALB+ALT+NEFA+Glc+Asn
 +Arg;0.778,249.227,1+ALB+ALT+Asn+3MeHis+Val+Phe;0.778,245.9
 61,1+ALB+ALT+NEFA+Asn+3MeHis+Asp;0.778,248.208,1+ALB+BUN+AS T+T-
 BIL+Asn+Thr;0.778,248.678,1+ALB+BUN+T-BIL+His+Asn+Thr;0.
 15 778,249.553,1+ALB+NEFA+His+Asn+Arg+Orn;0.778,247.452,1+ALB+ BUN+AST+T-
 BIL+His+Asn;0.778,249.962,1+ALB+NEFA+Asn+Arg+Asp+
 Tyr;0.778,251.503,1+ALB+AST+NEFA+Asn+Tyr+Phe;0.778,251.044,
 1+ALB+gGT+BHBA+Asn+Arg+Ile;0.778,251.825,1+ALB+Ca+His+Asn+T
 hr+Lys;0.778,249.677,1+ALB+ALT+gGT+T-BIL+Asn+Thr;0.778,253.
 20 134,1+ALB+NEFA+Asn+3MeHis+Tyr+Trp;0.778,251.715,1+ALB+gGT+T -
 BIL+Asn+Orn+Ile;0.778,247.527,1+ALB+ALT+BHBA+His+Asn+Lys;0.
 778,247.754,1+ALB+BUN+AST+Asn+Phe+Trp;0.778,251.554,1+ALB+C
 a+gGT+Asn+Orn+Ile;0.778,253.546,1+ALB+NEFA+Asn+Lys+Tyr+Val; 0.778,249.289,
 1+ALB+ALT+NEFA+BHBA+Glc+Asn; 0.778,250.213,1+A
 25 LB+NEFA+His+Asn+Arg+Thr;0.778,246.697,1+ALB+ALT+Asn+Asp+Phe
 +Trp;0.778,249.405,1+ALB+ALT+NEFA+Asn+3MeHis+Phe;0.777,250.
 048,1+ALB+Ca+NEFA+His+Asn+Orn;0.777,247.938,1+ALB+ALT+gGT+A
 sn+Arg+Thr;0.777,251.851,1+ALB+NEFA+Asn+3MeHis+Arg+Tyr;0.777,247.567,1+ALB+ALT+T-
 BIL+His+Asn+Lys;0.777,248.497,1+ALB+A ST+ALT+Asn+Val + Trp; 0.777,251.910, 1+ALB+Ca+gGT+Asn+Lys +
 30 Ile; 0.777,248.788, 1+ALB+ALT+NEFA+T-BIL+Asn+Orn; 0.777,249.295, 1+AL
 B+ALT+gGT+NEFA+Glc+Asn;0.777,249.593,1+ALB+BUN+Asn+3MeHis+O
 rn+Lys;0.777,252.659,1+ALB+NEFA+Asn+Arg+Tyr+Val;0.777,249.7
 40,1+ALB+BUN+NEFA+Asn+Lys+Phe;0.777,253.706,1+ALB+NEFA+BHBA
 +Asn+Thr+Ile;0.777,250.840,1+ALB+gGT+T-BIL+His+Asn+Orn;0.77
 35 7,249.489,1+ALB+BUN+Asn+3MeHis+Lys+Phe;0.777,250.007,1+ALB+
 BUN+NEFA+Asn+Orn+Val;0.777,250.352,1+ALB+BUN+NEFA+Asn+Tyr+V
 al;0.777,248.033,1+ALB+BUN+AST+gGT+His+Asn;0.777,248.834,1+
 ALB+AST+His+Asn+Arg+Orn;0.777,248.650,1+ALB+BUN+Ca+Asn+Thr+
 Lys;0.777,249.059,1+ALB+Ca+ALT+gGT+Asn+Ile;0.777,248.772,1+
 40 ALB+Asn+3MeHis+Asp+Tyr+Phe;0.777,251.767,1+ALB+gGT+NEFA+Glc +Asn+Ile;0.777,253.340,1+ALB+NEFA+T-
 BIL+BHBA+Asn+Ile;0.777, 250.065,1+ALB+AST+NEFA+Asn+Thr+Lys;0.777,250.979,1+ALB+AST+
 NEFA+BHBA+Asn+Ile;0.777,249.732,1+ALB+ALT+gGT+BHBA+Asn+Thr; 0.777,251.503, 1+ALB+T-
 BIL+Glc+His+Asn+Ile; 0.777,247.748,1+A LB+Asn+3MeHis+Asp+Tyr+Trp;0.777,248.735,1+ALB+ALT+BHBA+Glc+
 Asn+Orn;0.777,248.946,1+ALB+ALT+BHBA+His+Asn+Thr;0.777,249.
 45 409,1+ALB+BUN+gGT+Asn+Thr+Orn;0.777,249.931,1+ALB+BUN+NEFA+
 Asn+Arg+Val;0.777,247.292,1+ALB+BUN+NEFA+Asn+Arg+Asp;0.777,
 249.728,1+ALB+BUN+NEFA+Asn+3MeHis+Phe;0.777,250.791,1+ALB+N EFA+T-
 BIL+His+Asn+Lys;0.777,245.227,1+ALB+AST+ALT+Asn+3MeHi
 s+Asp;0.777,244.079,1+ALB+BUN+AST+Asn+3MeHis+Asp;0.777,248.
 50 779,1+ALB+Ca+AST+Asn+Arg+Ile;0.777,248.954,1+ALB+ALT+T-BIL+
 His+Asn+Thr;0.777,251.973,1+ALB+Asn+3MeHis+Arg+Tyr+Phe;0.77
 7,246.617,1+ALB+ALT+Asn+Asp+Lys+Trp;0.777,248.264,1+ALB+AST
 +ALT+Glc+Asn+Thr;0.777,248.740,1+ALB+ALT+gGT+Glc+Asn+Orn;0.
 777,250.190,1+ALB+BUN+NEFA+Asn+3MeHis+Tyr;0.777,246.505,1+A
 55 LB+ALT+Asn+Asp+Val+Trp;0.777,246.688,1+ALB+ALT+Asn+Asp+Orn+
 Trp;0.777,249.277,1+ALB+ALT+NEFA+Asn+3MeHis+Trp;0.777,249.1
 27,1+ALB+ALT+NEFA+Asn+Orn+Trp;0.777,250.226,1+ALB+AST+Glc+H
 is+Asn+Ile;0.777,247.937,1+ALB+Ca+ALT+Asn+Arg+Thr;0.777,249.
 754,1+ALB+His+Asn+Arg+Thr+Orn;0.777,248.342,1+ALB+ALT+Glc+A
 60 sn+Arg+Orn;0.777,248.383,1+ALB+ALT+BHBA+Glc+Asn+Arg;0.777,248.671,1+ALB+ALT+T-
 BIL+Glc+Asn+Orn;0.777,251.182,1+ALB+gGT+
 NEFA+His+Asn+Lys;0.777,248.731,1+ALB+ALT+Asn+Arg+Val+Phe;0.
 777,251.850,1+ALB+Ca+NEFA+Glc+Asn+Ile;0.777,248.385,1+ALB+C
 a+AST+ALT+Asn+Ile;0.777,251.251,1+ALB+Ca+BHBA+Asn+Arg+Ile;0.
 65 777,248.666,1+ALB+ALT+Glc+Asn+Orn+Lys;0.777,249.063,1+ALB+B
 UN+gGT+His+Asn+Thr;0.777,248.979,1+ALB+ALT+Asn+3MeHis+Orn+T

rp;0.777,249.908,1+ALB+AST+NEFA+Asn+Thr+Orn;0.777,253.165,1
+ALB+NEFA+Asn+Orn+Lys+Tyr;0.777,248.754,1+ALB+ALT+NEFA+Glc+
Asn+Lys;0.777,249.775,1+ALB+BUN+NEFA+Asn+Arg+Lys;0.777,250.
330,1+ALB+BUN+Asn+Arg+Orn+Val;0.777,247.444,1+ALB+BUN+Asn+A
5 sp+Lys+Phe;0.777,248.364,1+ALB+BUN+AST+Glc+Asn+Lys;0.777,25
0.001,1+ALB+NEFA+His+Asn+Arg+Lys;0.777,245.718,1+ALB+BUN+As
n+3MeHis+Asp+Orn;0.777,249.264,1+ALB+AST+gGT+His+Asn+Orn;0.
777,249.140,1+ALB+ALT+gGT+BHBA+His+Asn;0.777,250.722,1+ALB+ T-
BIL+His+Asn+Orn+Lys;0.777,249.260,1+Ala+Phe+Tyr+ALT+ALB+B UN;0.777,249.457,1+ALB+BUN+T-
10 BIL+Asn+Arg+Thr;0.777,249.549, 1+ALB+ALT+gGT+NEFA+T-BIL+Asn;0.777,250.944,1+ALB+gGT+BHBA+H
is+Asn+Orn;0.777,252.064,1+ALB+NEFA+T-BIL+Asn+Thr+Lys;0.777,
250.345,1+ALB+NEFA+BHBA+His+Asn+Arg;0.777,248.489,1+ALB+BUN
+ALT+Val+Phe+Trp;0.777,248.590,1+Trp+Phe+Tyr+ALT+ALB+BUN;0.
777,248.542,1+ALB+AST+ALT+Asn+Phe+Trp;0.777,252.517,1+ALB+N
15 EFA+BHBA+Asn+Thr+Lys;0.777,249.081,1+ALB+AST+ALT+BHBA+Asn+T hr;0.777,249.444,1+ALB+ALT+NEFA+T-
BIL+BHBA+Asn;0.777,248.42 0,1+ALB+AST+ALT+Asn+3MeHis+Trp;0.777,248.592,1+ALB+AST+ALT+
NEFA+Asn+Trp;0.777,247.464,1+Trp+Phe+His+ALT+ALB+BUN;0.777,
249.684,1+ALB+BUN+Ca+NEFA+Asn+Thr;0.777,250.123,1+ALB+ALT+N
EFA+Asn+Tyr+Val;0.777,249.389,1+ALB+BUN+NEFA+Asn+3MeHis+Ly
20 s;0.777,249.426,1+ALB+BUN+Asn+3MeHis+Arg+Lys;0.777,250.248, 1+ALB+BUN+NEFA+T-
BIL+Asn+Orn;0.777,249.518,1+ALB+BUN+Asn+3M
eHis+Val+Phe;0.777,249.287,1+ALB+BUN+AST+Asn+Tyr+Val;0.777,
249.580,1+Ala+Trp+Lys+His+ALB+BUN;0.777,248.862,1+ALB+Ca+AL
T+NEFA+His+Asn;0.777,248.724,1+ALB+ALT+Asn+Arg+Orn+Val;0.77 7,249.108,1+ALB+AST+ALT+T-
25 BIL+Asn+Thr;0.777,251.876,1+ALB+A sn+3MeHis+Arg+Lys+Tyr;0.777,249.818,1+ALB+BUN+NEFA+T-BIL+Gl
c+Asn;0.777,249.932,1+ALB+BUN+Asn+Arg+Lys+Val;0.777,248.870,
1+ALB+BUN+AST+Asn+3MeHis+Val;0.777,250.939,1+ALB+AST+NEFA+A
sn+Thr+Ile;0.777,248.651,1+ALB+BUN+Ca+T-BIL+His+Asn;0.777,2
49.324,1+ALB+BUN+Asn+Arg+Thr+Orn;0.777,251.897,1+ALB+NEFA+G
30 lc+Asn+Thr+Orn;0.777,252.031,1+ALB+Asn+3MeHis+Arg+Orn+Tyr;0.
777,250.497,1+ALB+BUN+Asn+3MeHis+Tyr+Val;0.777,247.925,1+AL
B+BUN+AST+Asn+Arg+Thr;0.777,249.017,1+ALB+ALT+Asn+Orn+Lys+V
al;0.777,248.037,1+Ala+Phe+His+ALT+ALB+BUN;0.777,248.612,1+
ALB+BUN+AST+Asn+Lys+Val;0.777,251.538,1+ALB+gGT+T-BIL+Asn+A
35 rg+Ile;0.777,250.482,1+ALB+AST+Asn+3MeHis+Tyr+Trp;0.776,253.
688,1+ALB+Ca+NEFA+BHBA+Asn+Ile;0.776,254.401,1+ALB+NEFA+Asn
+Tyr+Val+Phe;0.776,250.844,1+ALB+gGT+His+Asn+Orn+Lys;0.776,
246.697,1+ALB+ALT+NEFA+Asn+Asp+Trp;0.776,248.850,1+ALB+BUN+ T-
BIL+BHBA+His+Asn;0.776,249.195,1+ALB+ALT+Asn+Lys+Tyr+Val;
40 0.776,248.115,1+ALB+Ca+ALT+Asn+Thr+Lys;0.776,253.027,1+ALB+
NEFA+His+Asn+Thr+Ile;0.776,253.821,1+ALB+gGT+NEFA+BHBA+Asn+ Ile;0.776,248.784,1+ALB+BUN+gGT+T-
BIL+His+Asn;0.776,249.395, 1+ALB+BUN+BHBA+Asn+Thr+Orn;0.776,250.889,1+ALB+BHBA+His+Asn
+Orn+Lys;0.776,248.678,1+Ala+Trp+His+ALT+ALB+BUN;0.776,248.
854,1+ALB+ALT+NEFA+Asn+Arg+Val;0.776,249.661,1+ALB+BUN+NEFA
45 +Asn+3MeHis+Arg;0.776,250.154,1+ALB+BUN+NEFA+BHBA+Asn+Arg;0.
776,248.290,1+ALB+AST+ALT+Asn+Orn+Tyr;0.776,248.488,1+ALB+B
UN+AST+Asn+3MeHis+Phe;0.776,248.806,1+ALB+BUN+AST+Asn+3MeHi
s+Tyr;0.776,250.062,1+ALB+BUN+gGT+T-BIL+Asn+Thr;0.776,252.4
70,1+ALB+Asn+3MeHis+Orn+Val+Trp;0.776,247.300,1+ALB+AST+ALT
+Asn+Arg+Thr;0.776,249.022,1+ALB+ALT+Asn+3MeHis+Orn+Lys;0.7
50 76,249.823,1+ALB+BUN+Glc+Asn+Arg+Lys;0.776,251.511,1+ALB+T-
BIL+Asn+Arg+Thr+Ile;0.776,251.691,1+Ala+BCAA+Trp+Phe+ALB+BU
N;0.776,248.197,1+ALB+BUN+AST+Asn+3MeHis+Lys;0.776,249.988,
1+ALB+BUN+NEFA+Asn+Arg+Phe;0.776,249.136,1+ALB+ALT+gGT+T-BI
55 L+His+Asn;0.776,250.048,1+ALB+ALT+NEFA+Asn+3MeHis+Tyr;0.776, 248.310,1+ALB+ALT+T-
BIL+Glc+Asn+Arg;0.776,249.649,1+ALB+ALT
+NEFA+Asn+Val+Phe;0.776,249.831,1+ALB+BUN+Glc+Asn+Orn+Lys;0. 776,250.135,1+ALB+BUN+T-
BIL+BHBA+Asn+Thr;0.776,250.314,1+AL B+BUN+NEFA+Asn+3MeHis+Val;0.776,248.806,1+ALB+ALT+Asn+Lys+V
al+Trp;0.776,249.299,1+ALB+ALT+NEFA+Asn+Phe+Trp;0.776,250.0
60 39,1+ALB+BUN+NEFA+Asn+Orn+Phe;0.776,252.574,1+ALB+Asn+3MeHi
s+Lys+Val+Trp;0.776,248.392,1+Ala+Trp+Lys+ALT+ALB+BUN;0.776,
247.991,1+ALB+BUN+AST+NEFA+Glc+Asn;0.776,248.672,1+ALB+BUN+
AST+Asn+Orn+Val;0.776,245.392,1+ALB+BUN+AST+NEFA+Asn+Asp;0.
776,248.734,1+ALB+Ca+ALT+Glc+Asn+Orn;0.776,249.582,1+ALB+Ca
65 +ALT+NEFA+Asn+Thr;0.776,247.459,1+ALB+Ca+ALT+His+Asn+Lys;0.
776,250.142,1+ALB+Ca+His+Asn+Thr+Orn;0.776,248.342,1+ALB+AL

T+Glc+Asn+Arg+Lys;0.776,249.073,1+ALB+AST+ALT+gGT+Asn+Thr;0.776,246.816,1+ALB+ALT+Asn+Arg+Asp+Lys;0.776,249.033,1+ALB+ALT+Asn+3MeHis+Phe+Trp;0.776,249.194,1+Ala+Trp+ALT+ALB+BUN+T
 5 P;0.776,247.587,1+ALB+BUN+Asn+Asp+Orn+Val;0.776,250.078,1+ALB+AST+Glc+His+Asn+Lys;0.776,248.520,1+ALB+BUN+AST+T-BIL+Asn+Lys;0.776,249.183,1+ALB+Ca+AST+His+Asn+Orn;0.776,249.357,1+ALB+BUN+Ca+Asn+Thr+Orn;0.776,247.841,1+ALB+BUN+Ca+AST+His+Asn; 0.776, 253.686,1+ALB+NEFA+Asn+Orn+Tyr+Val; 0.776, 248.739,1+ALB+ALT+Asn+3MeHis+Lys+Val;0.776,249.556,1+ALB+BUN+NEFA+Glc+Asn+Arg;0.776,248.659,1+ALB+ALT+NEFA+Asn+Arg+Trp;0.776,249.475,1+ALB+ALT+NEFA+BHBA+Asn+Orn;0.776,250.011,1+ALB+BUN+NEFA+Asn+3MeHis+Orn;0.776,250.577,1+ALB+AST+NEFA+Asn+Orn+Tyr;0.776,249.787,1+ALB+BUN+Asn+3MeHis+Orn+Phe;0.776,246.896,1+ALB+ALT+NEFA+Asn+Arg+Asp;0.776,249.853,1+ALB+BUN+T-BIL+Glc+Asn+Orn;0.776,250.333,1+ALB+BUN+NEFA+BHBA+Asn+Orn;0.776,251.284,1+ALB+gGT+Asn+Arg+Thr+Ile;0.776,248.211,1+ALB+AST+ALT+Asn+Orn+Trp;0.776,249.289,1+ALB+Ca+ALT+NEFA+Glc+Asn;0.776, 253.184,1+ALB+NEFA+T-BIL+Asn+Thr+Ile;0.776,248.314,1+ALB+ALT+Asn+3MeHis+Arg+Trp;0.776,248.351,1+ALB+ALT+gGT+Glc+Asn+Arg; 0.776,248.516, 1+ALB+AST+ALT+His+Asn+Thr; 0.776,248.939,1+ALB+ALT+Asn+3MeHis+Orn+Phe;0.776,250.102,1+ALB+BUN+gGT+T-BIL+Asn+Lys;0.776,250.128,1+ALB+BUN+T-BIL+BHBA+Asn+Lys;0.776,247.921,1+ALB+Asn+3MeHis+Arg+Asp+Tyr;0.776,250.874,1+Ala+BCAA+Trp+Lys+ALB+BUN;0.776,247.731,1+ALB+BUN+AST+BHBA+His+Asn;0.776,249.024,1+ALB+ALT+Asn+Orn+Phe+Trp;0.776,248.634,1+ALB+AST+ALT+Asn+Lys+Tyr;0.776,248.381,1+ALB+BUN+AST+NEFA+Asn+Phe;0.776,248.976,1+ALB+BUN+Ca+His+Asn+Thr;0.776,252.578,1+ALB+gGT+NEFA+Asn+Thr+Lys;0.776,252.941,1+ALB+NEFA+Asn+3MeHis+Lys+Tyr;0.776,253.347,1+ALB+gGT+NEFA+T-BIL+Asn+Ile;0.776,250.130,1+ALB+BUN+T-BIL+Asn+Orn+Lys;0.776,250.418,1+ALB+Glc+His+Asn+Arg+Lys;0.776,249.103,1+Ala+Phe+ALT+ALB+BUN+NEFA;0.776,248.399,1+ALB+AST+ALT+Asn+Lys+Trp;0.776,248.602,1+ALB+BUN+ALT+Lys+Val+Phe;0.776,248.656,1+ALB+BUN+AST+NEFA+Asn+Val;0.776,249.615,1+ALB+Ca+ALT+T-BIL+Asn+Thr;0.776,249.104,1+ALB+ALT+T-BIL+BHBA+His+Asn;0.776,249.476,1+ALB+BUN+gGT+Glc+Asn+Thr;0.776, 252.449, 1+ALB+NEFA+T-BIL+His+Asn+Ile; 0.776, 248.493,1+ALB+ALT+Asn+3MeHis+Arg+Orn;0.776,246.907,1+ALB+ALT+Asn+Arg+Asp+Orn;0.776,248.649,1+ALB+ALT+Asn+Arg+Phe+Trp;0.776,250.037,1+ALB+BUN+NEFA+T-BIL+Asn+Arg;0.776,252.199,1+ALB+NEFA+Asn+Thr+Orn+Lys;0.776,252.758,1+ALB+NEFA+T-BIL+His+Asn+Thr;0.776,247.303,1+ALB+BUN+Asn+Asp+Orn+Lys;0.776,250.440,1+ALB+Glc+His+Asn+Arg+Thr;0.776,251.325,1+ALB+Asn+Asp+Orn+Tyr+Phe;0.776,252.304,1+Ala+Trp+Phe+Tyr+ALB+BUN;0.776,250.635,1+ALB+AST+NEFA+Glc+Asn+Thr;0.776,250.358,1+ALB+T-BIL+His+Asn+Arg+Orn;0.776,248.916,1+ALB+BUN+AST+Asn+Lys+Phe;0.776,248.436,1+ALB+BUN+AST+Asn+3MeHis+Orn;0.776,249.598,1+ALB+AST+NEFA+Asn+Arg+Tyr;0.776,247.528,1+Lys+Phe+His+ALT+ALB+BUN;0.776,248.370,1+ALB+Ca+ALT+Glc+Asn+Arg;0.776,250.744,1+ALB+Ca+ALT+His+Asn+Orn;0.776,254.186,1+ALB+Asn+Orn+Tyr+Val+Phe;0.776,249.999,1+ALB+ALT+Asn+3MeHis+Tyr+Val;0.776,252.681,1+ALB+NEFA+BHBA+Asn+Thr+Orn;0.776,248.939,1+ALB+ALT+NEFA+Asn+Arg+Orn;0.776,250.141,1+ALB+BUN+NEFA+Asn+Arg+Orn;0.776,247.828,1+ALB+AST+ALT+Asn+Arg+Trp;0.776,248.530,1+ALB+BUN+AST+N
 50 EFA+Asn+3MeHis;0.776,250.766,1+ALB+AST+Glc+Asn+Thr+Ile;0.776,249.666,1+ALB+Ca+ALT+BHBA+Asn+Thr;0.776,248.867,1+ALB+Ca+ALT+His+Asn+Thr;0.776,250.855,1+ALB+His+Asn+Arg+Thr+Lys;0.776,252.164,1+ALB+NEFA+T-BIL+Asn+Thr+Orn;0.776,253.439,1+ALB+Asn+Arg+Orn+Tyr+Phe;0.776,248.834,1+ALB+ALT+NEFA+T-BIL+Asn+Lys;0.776,252.428,1+ALB+T-BIL+BHBA+His+Asn+Lys;0.776,253.236,1+ALB+Asn+3MeHis+Tyr+Val+Trp;0.776,248.471,1+Ala+Lys+Phe+ALT+ALB+BUN;0.776,249.624,1+ALB+BUN+Asn+3MeHis+Arg+Phe;0.776,249.843,1+ALB+NEFA+T-BIL+His+Asn+Arg;0.776,245.859,1+ALB+AST+ALT+Asn+Asp+Trp;0.776,249.174,1+ALB+ALT+T-BIL+BHBA+Glc+Asn;0.776,249.441,1+ALB+BUN+Asn+3MeHis+Arg+Val;0.776,249.534,1+ALB+BUN+BHBA+Glc+Asn+Lys;0.776,250.520,1+ALB+BUN+gGT+N
 60 EFA+T-BIL+Asn;0.776,248.700,1+ALB+BUN+AST+gGT+Glc+Asn;0.776,252.820,1+ALB+Ca+NEFA+His+Asn+Ile;0.776,253.509,1+ALB+Asn+3MeHis+Lys+Tyr+Phe;0.776,248.785,1+ALB+ALT+BHBA+Glc+Asn+Lys;0.776,249.303,1+ALB+ALT+gGT+BHBA+Glc+Asn;0.776,254.158,1+ALB+NEFA+Asn+Orn+Val+Phe;0.776,248.659,1+ALB+ALT+Asn+Arg+Orn+Trp;0.776,249.357,1+ALB+ALT+NEFA+Asn+Orn+Lys;0.776,253.211,1+ALB+NEFA+Asn+3MeHis+Orn+Tyr;0.776,248.888,1+ALB+ALT+Asn+3

MeHis+Lys+Trp;0.775,248.952,1+ALB+ALT+gGT+NEFA+Asn+Arg;0.775,249.896,1+ALB+BUN+gGT+T-BIL+Glc+Asn;0.775,247.026,1+ALB+ALT+NEFA+Asn+Asp+Orn;0.775,247.734,1+ALB+BUN+Asn+Arg+Asp+Phe;0.775,250.567,1+ALB+AST+NEFA+His+Asn+Ile;0.775,248.589,1+ALB+BUN+AST+gGT+NEFA+Asn;0.775,250.098,1+ALB+BUN+T-BIL+Asn+Arg+Lys;0.775,251.335,1+ALB+gGT+Glc+His+Asn+Lys;0.775,246.815,1+ALB+ALT+Asn+Arg+Asp+Val;0.775,248.868,1+ALB+ALT+NEFA+BHBA+Asn+Arg;0.775,248.898,1+ALB+BUN+BHBA+His+Asn+Thr;0.775,246.848,1+ALB+ALT+NEFA+Asn+Asp+Lys;0.775,246.905,1+ALB+ALT+Asn+Arg+Asp+Phe;0.775,247.564,1+ALB+BUN+Asn+Asp+Val+Phe;0.775,248.159,1+ALB+AST+ALT+NEFA+Asn+Arg;0.775,248.616,1+ALB+BUN+AST+gGT+Asn+Thr;0.775,249.170,1+ALB+ALT+NEFA+Asn+Lys+Trp;0.775,249.498,1+ALB+ALT+gGT+BHBA+Asn+Orn;0.775,246.308,1+ALB+AST+ALT+NEFA+Asn+Asp;0.775,247.758,1+ALB+BUN+Asn+Asp+Orn+Phe;0.775,248.851,1+ALB+BUN+AST+gGT+Asn+Lys;0.775,248.112,1+Trp+Phe+ALT+ALB+BUN+TP;0.775,250.082,1+ALB+AST+Glc+Asn+Thr+Orn;0.775,248.491,1+ALB+BUN+Ca+AST+Asn+Thr;0.775,249.715,1+ALB+BUN+gGT+NEFA+Glc+Asn;0.775,248.385,1+ALB+ALT+Asn+3MeHis+Arg+Lys;0.775,248.980,1+ALB+ALT+Asn+3MeHis+Lys+Phe;0.775,248.865,1+Ala+Gly+Phe+ALT+ALB+BUN;0.775,248.462,1+ALB+BUN+AST+Glc+Asn+Arg;0.775,248.868,1+ALB+BUN+AST+Asn+Orn+Lys;0.775,253.028,1+ALB+Asn+3MeHis+Orn+Lys+Tyr;0.775,249.568,1+ALB+BUN+BHBA+Asn+Arg+Thr;0.775,249.746,1+ALB+BUN+gGT+Glc+Asn+Lys;0.775,253.441,1+ALB+NEFA+Asn+3MeHis+Orn+Val;0.775,250.297,1+ALB+BUN+gGT+NEFA+Asn+Orn;0.775,252.422,1+ALB+Ca+NEFA+Asn+Thr+Lys;0.775,249.725,1+ALB+BUN+Ca+NEFA+Glc+Asn;0.775,249.010,1+ALB+BUN+Ca+gGT+His+Asn;0.775,249.977,1+ALB+BUN+Ca+T-BIL+Asn+Thr;0.775,250.785,1+ALB+Ca+gGT+His+Asn+Orn;0.775,249.542,1+ALB+BUN+gGT+Asn+Arg+Thr;0.775,253.168,1+ALB+NEFA+BHBA+His+Asn+Thr;0.775,247.001,1+ALB+ALT+Asn+Asp+Orn+Phe;0.775,249.284,1+ALB+ALT+NEFA+Asn+3MeHis+Orn;0.775,250.460,1+ALB+His+Asn+Arg+Orn+Lys;0.775,250.536,1+ALB+BUN+NEFA+T-BIL+BHBA+Asn;0.775,249.048,1+ALB+AST+ALT+NEFA+Asn+Phe;0.775,249.064,1+ALB+ALT+Asn+Orn+Lys+Trp;0.775,248.139,1+ALB+BUN+AST+Asn+3MeHis+Arg;0.775,248.434,1+ALB+BUN+AST+NEFA+Asn+Orn;0.775,253.483,1+ALB+Asn+3MeHis+Lys+Tyr+Val;0.775,249.165,1+ALB+BUN+Glc+Asn+Arg+Thr;0.775,248.068,1+ALB+ALT+NEFA+T-BIL+Asn+Arg;0.775,248.854,1+ALB+ALT+T-BIL+Glc+Asn+Lys;0.775,251.678,1+ALB+Ca+T-BIL+Asn+Arg+Ile;0.775,254.038,1+ALB+gGT+NEFA+Asn+Thr+Ile;0.775,246.892,1+ALB+ALT+Asn+Asp+Orn+Val;0.775,248.388,1+ALB+ALT+Asn+3MeHis+Arg+Phe;0.775,250.375,1+ALB+gGT+His+Asn+Arg+Orn;0.775,250.483,1+ALB+BHBA+His+Asn+Arg+Orn;0.775,253.352,1+ALB+NEFA+Asn+Orn+Val+Trp;0.775,251.252,1+ALB+T-BIL+His+Asn+Arg+Lys;0.775,248.711,1+ALB+BUN+AST+NEFA+T-BIL+Asn;0.775,248.658,1+ALB+AST+Asn+Asp+Orn+Tyr;0.775,250.734,1+ALB+Ca+His+Asn+Orn+Lys;0.775,249.368,1+ALB+ALT+gGT+T-BIL+Glc+Asn;0.775,248.882,1+ALB+ALT+BHBA+Asn+Arg+Orn;0.775,249.356,1+ALB+ALT+BHBA+Asn+Orn+Lys;0.775,249.401,1+ALB+AST+ALT+NEFA+Asn+Tyr;0.775,249.275,1+ALB+ALT+NEFA+Asn+Lys+Val;0.775,249.381,1+ALB+ALT+NEFA+Asn+Lys+Phe;0.775,249.678,1+Ala+Trp+Glc+ALT+ALB+BUN;0.775,248.829,1+ALB+BUN+AST+Asn+Arg+Lys;0.775,248.269,1+ALB+BUN+AST+NEFA+Asn+Arg;0.775,251.621,1+ALB+AST+Asn+Orn+Tyr+Phe;0.775,250.917,1+ALB+Ca+NEFA+His+Asn+Lys;0.775,249.429,1+ALB+Ca+ALT+NEFA+T-BIL+Asn;0.775,248.471,1+ALB+ALT+NEFA+Asn+3MeHis+Arg;0.775,249.075,1+ALB+Asn+3MeHis+Asp+Lys+Val;0.775,250.018,1+ALB+BUN+Glc+Asn+Arg+Orn;0.775,251.574,1+ALB+BHBA+His+Asn+Arg+Lys;0.775,248.645,1+ALB+ALT+Asn+Arg+Lys+Trp;0.775,249.126,1+ALB+ALT+Asn+Lys+Phe+Trp;0.775,249.223,1+ALB+ALT+T-BIL+Asn+Orn+Lys;0.775,246.535,1+ALB+BUN+ALT+Asp+Lys+Phe;0.775,250.035,1+ALB+AST+His+Asn+Arg+Lys;0.775,248.246,1+ALB+BUN+AST+T-BIL+Glc+Asn;0.775,248.974,1+BCAA+Trp+Lys+ALT+ALB+BUN;0.775,250.850,1+ALB+Ca+BHBA+His+Asn+Orn;0.775,248.733,1+ALB+AST+ALT+T-BIL+His+Asn;0.775,247.683,1+Ala+Trp+ALT+ALB+BUN;0.775,248.390,1+ALB+BUN+AST+BHBA+Asn+Thr;0.775,249.712,1+ALB+BUN+NEFA+BHBA+Glc+Asn;0.775,248.460,1+ALB+AST+ALT+Asn+Orn+Val;0.775,249.656,1+ALB+Ca+ALT+gGT+Asn+Thr;0.775,251.392,1+ALB+Ca+Glc+His+Asn+Lys;0.775,250.913,1+ALB+BHBA+Glc+His+Asn+Lys;0.775,253.056,1+ALB+NEFA+T-BIL+Glc+Asn+Thr;0.775,253.079,1+ALB+gGT+NEFA+His+Asn+Ile;0.775,249.467,1+Ala+Trp+TG+ALT+ALB+BUN;0.775,251.197,1+ALB+Asn+Asp+Orn

+Lys+Tyr;0.775,245.515,1+ALB+AST+ALT+Asn+Asp+Tyr;0.775,247.
 747,1+ALB+BUN+Asn+Arg+Asp+Orn;0.775,251.444,1+ALB+AST+NEFA+
 Asn+Lys+Val;0.775,250.070,1+Ala+Trp+Phe+His+ALB+BUN;0.775,2
 49.586,1+ALB+BUN+Ca+Glc+Asn+Thr;0.775,249.766,1+ALB+BUN+Asn
 5 +3MeHis+Arg+Orn;0.775,250.279,1+ALB+BUN+BHBA+Asn+Orn+Lys;0.
 775,249.173,1+ALB+NEFA+Asn+3MeHis+Asp+Tyr;0.775,249.035,1+A
 LB+Ca+ALT+gGT+His+Asn;0.775,252.913,1+ALB+Asn+3MeHis+Orn+Ly
 s+Val;0.775,250.073,1+ALB+ALT+NEFA+Asn+3MeHis+Val;0.775,253.
 724,1+ALB+Asn+Arg+Lys+Tyr+Val;0.775,248.715,1+ALB+AST+ALT+g
 10 GT+His+Asn;0.775,248.928,1+ALB+ALT+gGT+Asn+Arg+Orn;0.775,24
 9.628,1+Ala+BCAA+Trp+ALT+ALB+BUN;0.775,250.095,1+ALB+BUN+gG
 T+NEFA+Asn+Arg;0.775,248.256,1+ALB+AST+ALT+gGT+Asn+Arg;0.77
 5,251.064,1+ALB+Asn+Arg+Asp+Lys+Tyr;0.775,249.756,1+ALB+BUN
 +Ca+Glc+Asn+Lys;0.775,250.338,1+ALB+BUN+Ca+NEFA+T-BIL+Asn;0.775,253.002,1+ALB+Ca+NEFA+T-
 15 BIL+Asn+Ile;0.774,253.094,1+ALB +NEFA+Asn+3MeHis+Lys+Val;0.774,246.880,1+ALB+ALT+Asn+Asp+Or
 n+Lys;0.774,246.881,1+ALB+ALT+Asn+Asp+Lys+Phe;0.774,247.047,
 1+ALB+ALT+NEFA+Asn+Asp+Phe;0.774,248.652,1+ALB+ALT+Asn+Arg+
 Lys+Val;0.774,248.753,1+ALB+ALT+gGT+T-BIL+Asn+Arg;0.774,248.761,1+ALB+ALT+T-
 BIL+BHBA+Asn+Arg;0.774,248.862,1+ALB+ALT+gG
 20 T+Glc+Asn+Lys;0.774,249.643,1+Ala+Trp+Thr+ALT+ALB+BUN;0.774,
 247.098,1+ALB+ALT+NEFA+Asn+Asp+Val;0.774,250.950,1+ALB+AST+
 gGT+Glc+Asn+Ile;0.774,247.648,1+ALB+BUN+Asn+Arg+Asp+Val;0.7
 74,245.919,1+ALB+BUN+AST+Asn+Asp+Lys;0.774,251.683,1+ALB+AS
 T+Asn+Orn+Lys+Tyr;0.774,250.865,1+ALB+AST+Asn+Arg+Orn+Tyr;0.774,252.216,1+ALB+Ca+T-
 25 BIL+His+Asn+Lys;0.774,249.026,1+ALB+ Ca+ALT+BHBA+His+Asn;0.774,248.763,1+ALB+Asn+3MeHis+Asp+Orn+
 Tyr;0.774,249.676,1+Ala+Trp+ALT+ALB+BUN+NEFA;0.774,249.834, 1+ALB+BUN+T-
 BIL+Glc+Asn+Arg;0.774,250.568,1+ALB+BUN+gGT+NEF
 A+BHBA+Asn;0.774,248.161,1+ALB+AST+ALT+Asn+Arg+Val;0.774,24
 8.767,1+ALB+BUN+AST+BHBA+Asn+Lys;0.774,245.900,1+ALB+BUN+AS
 30 T+Asn+Asp+Val;0.774,249.372,1+ALB+Ca+ALT+T-BIL+Glc+Asn;0.77
 4,248.908,1+ALB+ALT+gGT+BHBA+Asn+Arg;0.774,249.264,1+Ala+Gl
 y+Trp+ALT+ALB+BUN;0.774,249.548,1+ALB+ALT+gGT+NEFA+Asn+Orn;
 0.774,247.734,1+ALB+AST+ALT+Asn+3MeHis+Arg;0.774,248.903,1+
 ALB+ALT+NEFA+Asn+Arg+Phe;0.774,249.475,1+ALB+AST+ALT+NEFA+B
 35 HBA+Asn;0.774,249.611,1+Ala+Trp+ALT+ALB+BUN+BHBA;0.774,253.
 472,1+ALB+Asn+Arg+Orn+Lys+Tyr;0.774,248.266,1+ALB+AST+ALT+A
 sn+Arg+Phe;0.774,250.337,1+ALB+BUN+Asn+Orn+Lys+Phe;0.774,24
 8.948,1+ALB+BUN+AST+gGT+Asn+Orn;0.774,250.724,1+ALB+AST+T-B
 IL+His+Asn+Lys;0.774,253.340,1+ALB+Asn+3MeHis+Orn+Tyr+Val;0.
 40 774,252.570,1+ALB+NEFA+Asn+Arg+Thr+Orn;0.774,253.762,1+ALB+
 Asn+Arg+Lys+Tyr+Phe;0.774,249.934,1+ALB+BUN+gGT+Glc+Asn+Or
 n;0.774,253.852,1+ALB+NEFA+Asn+Orn+Lys+Val;0.774,249.140,1+
 ALB+ALT+NEFA+Asn+3MeHis+Lys;0.774,249.261,1+ALB+ALT+Asn+Orn
 +Lys+Phe;0.774,249.356,1+Ala+Phe+Glc+ALT+ALB+BUN;0.774,249.
 45 675,1+Ala+Trp+ALT+gGT+ALB+BUN;0.774,248.275,1+ALB+AST+ALT+B
 HBA+Asn+Arg;0.774,248.557,1+ALB+AST+ALT+NEFA+Glc+Asn;0.774, 250.590,1+ALB+BUN+T-
 BIL+BHBA+Asn+Orn;0.774,248.501,1+ALB+AS
 T+ALT+Asn+3MeHis+Lys;0.774,250.807,1+ALB+AST+NEFA+His+Asn+T
 hr;0.774,251.425,1+ALB+Ca+gGT+Asn+Arg+Ile;0.774,250.373,1+A
 50 LB+Ca+His+Asn+Arg+Orn;0.774,249.324,1+ALB+ALT+gGT+T-BIL+Asn
 +Orn;0.774,250.330,1+ALB+BUN+gGT+Asn+Orn+Lys;0.774,252.181, 1+ALB+T-
 BIL+Glc+His+Asn+Thr;0.774,252.250,1+ALB+Asn+3MeHis+
 Arg+Tyr+Val;0.774,249.414,1+Ala+Phe+ALT+gGT+ALB+BUN;0.774,2
 48.197,1+ALB+AST+ALT+Asn+Arg+Orn;0.774,249.431,1+ALB+BUN+AL
 55 T+Orn+Tyr+Phe;0.774,249.488,1+ALB+AST+ALT+NEFA+Asn+Val;0.77
 4,249.765,1+BCAA+Phe+ALT+ALB+BUN+NEFA;0.774,248.797,1+Trp+P
 he+ALT+gGT+ALB+BUN;0.774,249.771,1+ALB+AST+His+Asn+Arg+Thr;
 0.774,246.062,1+ALB+BUN+AST+Asn+Arg+Asp;0.774,248.719,1+ALB
 +BUN+AST+NEFA+BHBA+Asn;0.774,248.863,1+ALB+BUN+AST+Asn+Arg+
 60 Val;0.774,250.398,1+ALB+BUN+Ca+NEFA+BHBA+Asn;0.774,250.252,
 1+ALB+BUN+gGT+BHBA+Asn+Lys;0.774,250.248,1+ALB+ALT+gGT+NEFA
 +BHBA+Asn;0.774,250.463,1+ALB+gGT+NEFA+His+Asn+Arg;0.774,24
 6.449,1+ALB+AST+ALT+Asn+Asp+Phe;0.774,250.785,1+ALB+AST+Asn
 +3MeHis+Orn+Val;0.774,249.722,1+ALB+AST+Asn+3MeHis+Arg+Tyr;
 65 0.774,250.827,1+ALB+AST+Asn+3MeHis+Orn+Tyr;0.774,249.037,1+ ALB+Ca+ALT+T-
 BIL+His+Asn;0.774,249.572,1+ALB+BUN+Ca+Asn+Arg

+Thr;0.774,253.497,1+ALB+Asn+Orn+Lys+Val+Trp;0.774,254.139,
 1+ALB+Asn+Orn+Lys+Tyr+Phe;0.774,249.196,1+ALB+BUN+BHBA+Glc+ Asn+Thr;0.774,250.190,1+ALB+T-
 BIL+Glc+His+Asn+Arg;0.774,248. 698,1+ALB+AST+ALT+BHBA+His+Asn;0.774,248.728,1+ALB+ALT+T-BI
 L+Asn+Arg+Lys;0.774,249.680,1+Ala+Trp+Tyr+ALT+ALB+BUN;0.774, 250.487,1+ALB+BUN+T-
 5 BIL+BHBA+Asn+Arg;0.774,252.415,1+ALB+gG T+T-BIL+His+Asn+Lys;0.774,253.845,1+ALB+Asn+Arg+Tyr+Val+Ph
 e; 0.774,249.094,1+ALB+BUN+AST+Asn+Val + Phe; 0.774,250.424,1+A LB+AST+T-
 BIL+Glc+His+Asn;0.774,250.442,1+ALB+BUN+T-BIL+Asn+
 Arg+Orn;0.774,251.108,1+ALB+Asn+Arg+Asp+Orn+Tyr;0.774,251.0
 77,1+ALB+AST+NEFA+Asn+Orn+Val;0.774,249.303,1+ALB+Ca+ALT+BH
 10 BA+Glc+Asn;0.774,249.360,1+ALB+Ca+ALT+gGT+Glc+Asn;0.774,248. 229,1+ALB+AST+ALT+T-
 BIL+Asn+Arg;0.774,248.890,1+ALB+ALT+Asn
 +Arg+Orn+Phe;0.774,249.016,1+ALB+BUN+gGT+BHBA+His+Asn;0.774,
 250.242,1+ALB+BUN+BHBA+Asn+Arg+Lys;0.774,250.304,1+ALB+AST+ T-
 BIL+Glc+Asn+Ile;0.774,248.632,1+Trp+Phe+TG+ALT+ALB+BUN;0.
 15 774,248.809,1+Gly+Trp+Phe+ALT+ALB+BUN;0.774,248.942,1+ALB+B
 UN+AST+Asn+Orn+Phe;0.774,251.427,1+ALB+Ca+Asn+Arg+Thr+Ile;0. 774,248.708, 1+ALB+ALT+T-
 BIL+Asn+Arg+Orn; 0.774,249.290,1+ALB +ALT+NEFA+Asn+Orn+Phe;0.774,249.312,1+ALB+ALT+T-BIL+BHBA+As
 n+Orn;0.774,249.471,1+ALB+ALT+NEFA+BHBA+Asn+Lys;0.774,250.5
 56,1+ALB+AST+Asn+Thr+Orn+Lys;0.774,251.484,1+ALB+Ca+His+Asn
 20 +Arg+Lys;0.774,249.967,1+ALB+BUN+Ca+T-BIL+Glc+Asn;0.774,255.
 140,1+ALB+Asn+Lys+Tyr+Val+Phe;0.774,250.363,1+ALB+BUN+Asn+A
 rg+Val+Phe;0.774,249.178,1+ALB+AST+Glc+His+Asn+Arg;0.774,25
 1.398,1+ALB+AST+gGT+His+Asn+Lys;0.774,246.073,1+ALB+BUN+AST
 +Asn+Asp+Orn;0.774,251.342,1+ALB+AST+NEFA+T-BIL+Asn+Thr;0.7
 25 74,251.510,1+ALB+AST+Asn+Lys+Val+Trp;0.774,249.631,1+ALB+BU
 N+Ca+NEFA+Asn+Lys;0.774,253.184,1+ALB+gGT+NEFA+His+Asn+Thr;
 0.774,249.307,1+Arg+Phe+Tyr+ALT+ALB+BUN;0.774,248.934,1+ALB +AST+ALT+NEFA+T-
 BIL+Asn;0.774,246.200,1+ALB+AST+ALT+Asn+Arg
 +Asp;0.774,248.262,1+ALB+BUN+AST+BHBA+Glc+Asn;0.774,248.612,
 30 1+ALB+AST+ALT+Asn+Orn+Phe;0.774,248.208,1+Arg+Phe+His+ALT+A
 LB+BUN;0.774,248.743,1+ALB+AST+ALT+NEFA+Asn+Lys;0.774,249.4
 48,1+ALB+Ca+ALT+BHBA+Asn+Orn;0.774,249.960,1+ALB+BUN+Ca+T-B
 IL+Asn+Lys;0.774,250.341,1+ALB+BUN+Ca+gGT+NEFA+Asn;0.774,25
 0.001,1+ALB+BUN+Ca+Glc+Asn+Orn;0.774,249.296,1+Ala+Phe+ALT+
 35 ALB+BUN+TP;0.774,253.597,1+ALB+Asn+Orn+Val+Phe+Trp;0.774,24
 9.850,1+ALB+BUN+BHBA+Glc+Asn+Arg;0.774,249.198,1+ALB+BUN+AL
 T+Orn+Val+Phe;0.774,249.376,1+ALB+ALT+gGT+Asn+Orn+Lys;0.774,
 246.298,1+ALB+AST+ALT+Asn+Asp+Orn;0.774,251.879,1+ALB+gGT+G
 lc+His+Asn+Ile;0.774,252.253,1+ALB+NEFA+Asn+Arg+Thr+Lys;0.7
 40 74,249.019,1+Ala+Phe+ALT+ALB+BUN+BHBA;0.774,249.537,1+ALB+A
 ST+ALT+Asn+Tyr+Val;0.774,250.528,1+ALB+BUN+gGT+T-BIL+Asn+Or
 n;0.774,252.170,1+ALB+Glc+His+Asn+Thr+Ile;0.774,249.415,1+A
 LB+AST+ALT+gGT+NEFA+Asn;0.774,248.967,1+ALB+BUN+AST+gGT+Asn
 +Arg;0.774,249.345,1+Ala+Trp+TCHO+ALT+ALB+BUN;0.773,252.832,
 45 1+ALB+gGT+NEFA+Asn+Thr+Orn;0.773,248.895,1+ALB+ALT+Asn+Arg+
 Orn+Lys;0.773,249.222,1+ALB+ALT+Asn+Lys+Val+Phe;0.773,254.2
 02,1+ALB+Asn+Orn+Lys+Tyr+Val;0.773,248.932,1+Ala+Trp+Arg+AL T+ALB+BUN;0.773,249.942,1+ALB+BUN+T-
 BIL+BHBA+Glc+Asn;0.773, 250.312,1+ALB+BUN+Asn+Arg+Lys+Phe;0.773,250.541,1+ALB+BUN+B
 HBA+Asn+Arg+Orn;0.773,246.228,1+ALB+AST+ALT+Asn+Asp+Lys;0.7
 50 73,248.405,1+ALB+BUN+AST+Glc+Asn+Orn;0.773,248.973,1+ALB+BU
 N+AST+Asn+Arg+Phe;0.773,251.135,1+ALB+AST+NEFA+Asn+Val+Trp;
 0.773,251.076,1+ALB+AST+gGT+NEFA+Asn+Ile;0.773,253.845,1+AL
 B+Ca+NEFA+Asn+Thr+Ile;0.773,250.443,1+ALB+Ca+NEFA+His+Asn+A
 rg;0.773,247.421,1+Ala+Phe+ALT+ALB+BUN;0.773,250.323,1+ALB+
 55 BUN+Asn+Arg+Orn+Lys;0.773,246.658,1+ALB+ALT+Asn+Asp+Lys+Va 1;
 0.773,250.610,1+Ala+Trp+Arg+His+ALB+BUN; 0.773,250.146,1+A
 LB+BUN+Ca+gGT+Asn+Thr;0.773,248.759,1+ALB+BUN+Ca+AST+Asn+Ly s;0.773,250.431,1+ALB+BUN+Ca+T-
 BIL+Asn+Orn;0.773,250.184,1+ ALB+BUN+gGT+BHBA+Asn+Thr;0.773,253.161,1+ALB+Asn+3MeHis+Orn
 +Val+Phe;0.773,246.337,1+ALB+BUN+ALT+Asp+Phe+Trp;0.773,248.
 60 612,1+Trp+Arg+Phe+ALT+ALB+BUN;0.773,250.157,1+ALB+AST+NEFA+
 Asn+Arg+Thr;0.773,251.124,1+ALB+AST+T-BIL+Asn+Thr+Lys;0.773,
 246.072,1+ALB+BUN+AST+Asn+Asp+Phe;0.773,248.499,1+ALB+BUN+A
 LT+3MeHis+Phe+Trp;0.773,250.159,1+ALB+BUN+Ca+NEFA+Asn+Orn;0.
 773,248.882,1+ALB+ALT+NEFA+Asn+Arg+Lys;0.773,250.270,1+ALB+
 65 BUN+gGT+Asn+Arg+Lys;0.773,247.763,1+ALB+AST+ALT+Glc+Asn+Ar
 g;0.773,251.801,1+BCAA+Trp+Lys+Phe+ALB+BUN;0.773,248.829,1+

ALB+AST+ALT+Asn+Lys+Val;0.773,249.503,1+ALB+ALT+gGT+T-BIL+A
 sn+Lys;0.773,248.918,1+ALB+BUN+AST+BHBA+Asn+Orn;0.773,249.6
 25,1+Ala+Trp+ALT+ALB+BUN+Ca;0.773,251.672,1+ALB+T-BIL+BHBA+ His+Asn+Arg; 0.773,248.804,
 1+ALB+AST+ALT+gGT+Glc+Asn; 0.773,248.883,1+ALB+ALT+Asn+Arg+Lys+Phe;0.773,249.256,1+Ala+Phe+TG
 5 +ALT+ALB+BUN;0.773,249.466,1+ALB+ALT+T-BIL+BHBA+Asn+Lys;0.7
 73,249.834,1+ALB+BUN+BHBA+Glc+Asn+Orn;0.773,251.115,1+ALB+A
 ST+NEFA+BHBA+His+Asn;0.773,245.699,1+ALB+BUN+ALT+3MeHis+Asp
 +Phe;0.773,248.930,1+ALB+Ca+ALT+NEFA+Asn+Arg;0.773,248.621,
 1+ALB+BUN+Ca+AST+Glc+Asn;0.773,250.041,1+ALB+BUN+Ca+BHBA+As
 10 n+Thr;0.773,249.480,1+ALB+Ca+ALT+gGT+Asn+Orn;0.773,249.264, 1+ALB+Ca+ALT+T-
 BIL+Asn+Orn;0.773,249.499,1+ALB+ALT+gGT+NEFA
 +Asn+Lys;0.773,248.040,1+ALB+AST+ALT+Glc+Asn+Orn;0.773,249.
 578,1+ALB+Asn+3MeHis+Asp+Val+Trp;0.773,251.476,1+ALB+AST+As
 n+3MeHis+Lys+Trp;0.773,251.050,1+ALB+AST+Asn+Arg+Val+Trp;0.
 15 773,250.207,1+ALB+BUN+Ca+Asn+Orn+Lys;0.773,248.842,1+ALB+Ca
 +ALT+Glc+Asn+Lys;0.773,248.869,1+ALB+ALT+BHBA+Asn+Arg+Lys;0.
 773,253.536,1+ALB+Asn+Arg+Orn+Tyr+Val;0.773,249.301,1+ALB+A
 ST+ALT+Asn+Val+Phe;0.773,249.312,1+ALB+AST+ALT+NEFA+Asn+3Me
 His;0.773,251.274,1+ALB+AST+BHBA+His+Asn+Lys;0.773,251.693,
 20 1+ALB+AST+Asn+Orn+Tyr+Val;0.773,249.481,1+ALB+Ca+ALT+NEFA+A sn+Orn;0.773,252.948,1+ALB+NEFA+T-
 BIL+BHBA+His+Asn;0.773,249.169,1+BCAA+Arg+Phe+ALT+ALB+BUN;0.773,251.399,1+ALB+Asn+Ar
 g+Asp+Tyr+Phe;0.773,248.666,1+ALB+AST+ALT+NEFA+Asn+Orn;0.773,248.749,1+ALB+BUN+AST+T-
 BIL+Asn+Orn;0.773,248.788,1+ALB+B UN+Ca+BHBA+His+Asn;0.773,252.640,1+ALB+T-BIL+Glc+Asn+Thr+Ly
 s;0.773,249.569,1+ALB+ALT+gGT+BHBA+Asn+Lys;0.773,252.242,1+ ALB+T-
 25 BIL+BHBA+Glc+His+Asn;0.773,248.648,1+ALB+AST+ALT+Asn+
 Orn+Lys;0.773,249.288,1+ALB+BUN+ALT+Lys+Val+Trp;0.773,248.671,1+ALB+BUN+AST+T-
 BIL+Asn+Arg;0.773,248.902,1+ALB+Ca+ALT+B
 HBA+Asn+Arg;0.773,253.238,1+ALB+gGT+NEFA+Glc+Asn+Thr;0.773,
 252.100,1+Ala+Trp+Lys+Tyr+ALB+BUN;0.773,252.876,1+ALB+Asn+3
 30 MeHis+Arg+Orn+Val;0.773,253.593,1+ALB+Asn+3MeHis+Lys+Val+Ph
 e;0.773,248.892,1+ALB+ALT+gGT+Asn+Arg+Lys;0.773,248.886,1+L
 ys+Phe+Tyr+ALT+ALB+BUN;0.773,248.902,1+Trp+Phe+ALT+ALB+BUN+
 NEFA;0.773,250.613,1+ALB+AST+gGT+Asn+Thr+Orn;0.773,250.910,
 1+ALB+Ca+AST+NEFA+Asn+Ile;0.773,248.740,1+ALB+Ca+ALT+T-BIL+ Asn+Arg;
 35 0.773,250.394,1+ALB+gGT+Glc+His+Asn+Arg; 0.773,253.531,1+ALB+T-
 BIL+BHBA+Asn+Thr+Lys;0.773,249.008,1+Ala+Arg+Phe +ALT+ALB+BUN;0.773,252.422,1+ALB+T-
 BIL+Glc+Asn+Thr+Orn;0.773,253.487,1+ALB+NEFA+Asn+Lys+Val+Trp;0.773,248.898,1+Trp+Th
 r+Phe+ALT+ALB+BUN;0.773,250.573,1+ALB+AST+T-BIL+Asn+Thr+Or n;0.773,251.382,1+ALB+AST+NEFA+T-
 BIL+Asn+Lys;0.773,250.171, 1+ALB+Ca+ALT+NEFA+BHBA+Asn;0.773,250.029,1+ALB+BUN+Ca+Glc+A
 40 sn+Arg;0.773,251.358,1+ALB+T-BIL+His+Asn+Arg+Thr;0.773,252.
 246,1+ALB+NEFA+Glc+Asn+Arg+Thr;0.773,253.320,1+ALB+gGT+NEFA
 +BHBA+His+Asn;0.773,250.081,1+BCAA+Phe+ALT+gGT+ALB+BUN;0.77
 3,246.902,1+Trp+Phe+ALT+ALB+BUN;0.773,249.293,1+ALB+BUN+ALT
 +3MeHis+Val+Phe;0.773,249.434,1+ALB+BUN+ALT+3MeHis+Tyr+Phe;
 45 0.773,248.378,1+Trp+Lys+Phe+ALT+ALB+BUN;0.773,248.899,1+ALB
 +BUN+AST+Asn+Arg+Orn;0.773,251.183,1+ALB+AST+NEFA+Asn+Lys+T
 rp;0.773,249.023,1+ALB+Ca+AST+ALT+Asn+Thr;0.773,248.857,1+A
 LB+AST+ALT+Asn+3MeHis+Phe;0.773,252.926,1+ALB+gGT+NEFA+T-BI
 L+His+Asn;0.773,246.453,1+ALB+AST+ALT+Asn+Asp+Val;0.773,248.
 50 225,1+ALB+AST+ALT+Asn+Arg+Lys;0.773,248.627,1+ALB+AST+Asn+A
 rg+Asp+Tyr;0.773,248.562,1+Trp+Phe+TCHO+ALT+ALB+BUN;0.773,2
 49.910,1+ALB+BUN+gGT+Glc+Asn+Arg;0.773,252.897,1+ALB+NEFA+B
 HBA+Asn+Arg+Thr;0.773,253.368,1+ALB+NEFA+BHBA+Glc+Asn+Thr;0.
 773,253.455,1+ALB+Asn+Arg+Orn+Val+Trp;0.773,247.022,1+ALB+A
 55 LT+Asn+Asp+Val+Phe;0.773,250.032,1+ALB+Asn+3MeHis+Asp+Orn+V
 al;0.773,250.614,1+ALB+BUN+gGT+BHBA+Asn+Orn;0.773,251.428,1
 +ALB+Asn+Asp+Orn+Tyr+Val;0.773,251.943,1+Ala+Gly+Trp+Phe+AL B+BUN;0.773,249.067,1+ALB+BUN+AST+T-
 BIL+BHBA+Asn;0.773,247.831,1+ALB+AST+NEFA+Asn+Asp+Tyr;0.773,250.492,1+ALB+BUN+Ca+B
 HBA+Asn+Orn;0.773,254.028,1+ALB+gGT+NEFA+T-BIL+Asn+Thr;0.773,250.829,1+ALB+BUN+gGT+T-
 60 BIL+BHBA+Asn;0.773,248.967,1+ALB+ AST+ALT+T-BIL+Asn+Lys;0.773,249.373,1+ALB+AST+ALT+Asn+3MeHi
 s+Val;0.773,250.500,1+ALB+BUN+Asn+Arg+Orn+Phe;0.773,251.634,
 1+Ala+Gly+Trp+Lys+ALB+BUN;0.773,250.071,1+BCAA+Phe+Glc+ALT+
 ALB+BUN;0.773,248.453,1+ALB+AST+ALT+Asn+3MeHis+Orn;0.773,24
 8.891,1+Trp+Phe+Glc+ALT+ALB+BUN;0.773,250.015,1+Gly+Phe+ALT
 65 +gGT+ALB+BUN;0.773,248.993,1+ALB+BUN+AST+gGT+T-BIL+Asn;0.773,252.304,1+ALB+Ca+T-
 BIL+Glc+His+Asn;0.773,250.170,1+ALB+BU N+Ca+gGT+Asn+Lys;0.772,252.250,1+ALB+Glc+Asn+Thr+Orn+Lys;O.

772,247.188,1+ALB+BUN+ALT+Asp+Tyr+Phe;0.772,248.813,1+ALB+A ST+ALT+T-BIL+Glc+Asn;0.772,249.340,1+Ala+Thr+Phe+ALT+ALB+BU N;0.772,250.387,1+ALB+BUN+gGT+T-BIL+Asn+Arg;0.772,251.705,1 +ALB+AST+NEFA+BHBA+Asn+Thr;0.772,254.977,1+ALB+T-BIL+BHBA+A
5 sn+Thr+Ile;0.772,252.833,1+ALB+T-BIL+Glc+Asn+Thr+Ile;0.772,246.540,1+ALB+BUN+ALT+Asp+Lys+Trp;0.772,248.732,1+Trp+Phe+A
LT+ALB+BUN+BHBA;0.772,248.737,1+ALB+AST+ALT+BHBA+Asn+Orn;0.772,249.448,1+Trp+Lys+ALT+gGT+ALB+BUN;0.772,250.697,1+ALB+A
ST+BHBA+Asn+Thr+Orn;0.772,250.992,1+ALB+AST+gGT+NEFA+His+As
10 n;0.772,248.881,1+ALB+BUN+AST+BHBA+Asn+Arg;0.772,250.515,1+
Ala+Gly+Trp+His+ALB+BUN;0.772,249.155,1+Ala+Phe+TCHO+ALT+AL
B+BUN;0.772,249.361,1+Ala+Phe+ALT+ALB+BUN+Ca;0.772,248.922,
1+ALB+Ca+ALT+gGT+Asn+Arg;0.772,252.763,1+ALB+Ca+NEFA+Asn+Th
r+Orn;0.772,252.124,1+ALB+Ca+Glc+His+Asn+Ile;0.772,254.051, 1+ALB+NEFA+T-
BIL+BHBA+Asn+Thr;0.772,250.516,1+ALB+AST+Asn+A
15 rg+Thr+Orn;0.772,250.919,1+ALB+AST+NEFA+Asn+Orn+Trp;0.772,248.905,1+ALB+Ca+ALT+Asn+Arg+Orn;0.772,250.064,1+ALB+BUN+Ca+
BHBA+Asn+Lys;0.772,250.832,1+ALB+NEFA+Asn+Asp+Tyr+Val;0.772,
248.737,1+ALB+BUN+ALT+Orn+Phe+Trp;0.772,253.142,1+ALB+Ca+NE
FA+BHBA+His+Asn;0.772,249.304,1+ALB+Ca+ALT+Asn+Orn+Lys;0.77
20 2,248.957,1+ALB+AST+ALT+BHBA+Asn+Lys;0.772,249.299,1+ALB+As
n+3MeHis+Asp+Tyr+Val;0.772,250.983,1+ALB+AST+Glc+His+Asn+Th
r;0.772,251.440,1+ALB+AST+Asn+Arg+Tyr+Phe;0.772,250.042,1+B
CAA+Phe+ALT+ALB+BUN+Ca;0.772,250.195,1+ALB+Ca+ALT+gGT+NEFA+
Asn;0.772,254.542,1+ALB+gGT+NEFA+BHBA+Asn+Thr;0.772,253.021, 1+ALB+T-
25 BIL+BHBA+Glc+Asn+Ile;0.772,251.470,1+ALB+gGT+His+As
n+Arg+Lys;0.772,251.556,1+ALB+Asn+Asp+Lys+Tyr+Phe;0.772,248.
309,1+ALB+AST+ALT+Glc+Asn+Lys;0.772,248.686,1+ALB+AST+ALT+T -
BIL+Asn+Orn;0.772,249.229,1+ALB+BUN+AST+gGT+BHBA+Asn;0.772, 249.776,1+ALB+AST+T-
BIL+His+Asn+Arg;0.772,251.048,1+ALB+AST +NEFA+T-
30 BIL+Asn+Orn;0.772,248.619,1+ALB+Ca+AST+ALT+His+Asn; 0.772,250.618,1+ALB+BUN+Ca+gGT+T-
BIL+Asn;0.772,250.017,1+AL B+BUN+Ca+NEFA+Asn+Arg;0.772,249.800,1+ALB+Asn+3MeHis+Asp+Ly
s+Trp;0.772,250.811,1+ALB+AST+NEFA+T-BIL+His+Asn;0.772,251.
320,1+ALB+AST+Asn+Arg+Lys+Tyr;0.772,248.643,1+ALB+AST+ALT+B
HBA+Glc+Asn;0.772,252.096,1+Ala+Gly+Trp+Arg+ALB+BUN;0.772,2
35 50.579,1+ALB+AST+BHBA+Glc+His+Asn;0.772,251.537,1+ALB+AST+g
GT+Asn+Thr+Lys;0.772,252.137,1+Ala+Gly+Lys+His+ALB+BUN;0.77
2,248.311,1+Lys+Phe+ALT+ALB+BUN+TP;0.772,248.912,1+Phe+His+
ALT+ALB+BUN+TP;0.772,249.049,1+ALB+AST+Asn+Asp+Lys+Tyr;0.77
2,248.859,1+ALB+BUN+Ca+AST+Asn+Orn;0.772,250.247,1+ALB+Ca+A
40 LT+gGT+BHBA+Asn;0.772,250.448,1+ALB+BUN+Ca+Asn+Arg+Orn;0.77
2,250.095,1+ALB+BUN+Ca+gGT+Glc+Asn;0.772,250.482,1+ALB+BUN+
gGT+Asn+Arg+Orn;0.772,251.779,1+ALB+Asn+Asp+Orn+Val+Trp;0.7
72,254.002,1+ALB+NEFA+Asn+Arg+Orn+Val;0.772,249.844,1+Gly+B
CAA+Phe+ALT+ALB+BUN;0.772,251.481,1+ALB+AST+BHBA+Asn+Thr+Ly
45 s;0.772,248.494,1+ALB+BUN+Ca+AST+NEFA+Asn;0.772,249.350,1+A
LB+AST+ALT+Asn+3MeHis+Tyr;0.772,249.855,1+ALB+BUN+gGT+BHBA+
Glc+Asn;0.772,249.961,1+Phe+Tyr+ALT+ALB+BUN+NEFA;0.772,251.
262,1+ALB+AST+gGT+Glc+His+Asn;0.772,252.158,1+ALB+AST+T-BIL
+Asn+Thr+Ile;0.772,251.064,1+ALB+AST+Asn+Arg+Phe+Trp;0.772,
50 250.861,1+ALB+Ca+AST+Glc+Asn+Ile;0.772,250.178,1+ALB+BUN+Ca
+Asn+Arg+Lys;0.772,250.483,1+ALB+BUN+Ca+gGT+Asn+Orn;0.772,2
52.637,1+ALB+Asn+3MeHis+Arg+Lys+Val;0.772,251.942,1+ALB+NEF
A+Asn+Asp+Lys+Val;0.772,251.309,1+ALB+AST+Asn+Arg+Orn+Trp;O.
772,252.397,1+Ala+Gly+Trp+TG+ALB+BUN;0.772,252.407,1+ALB+AS T+T-
55 BIL+BHBA+Asn+Ile;0.772,250.703,1+ALB+BUN+Ca+T-BIL+BHBA+
Asn;0.772,249.408,1+ALB+Ca+ALT+NEFA+Asn+Lys;0.772,251.824,1
+ALB+BHBA+Glc+His+Asn+Ile;0.772,252.251,1+Ala+Trp+Lys+Thr+A
LB+BUN;0.772,249.247,1+Ala+Phe+ALT+AST+ALB+BUN;0.772,252.33
8,1+ALB+Asn+3MeHis+Arg+Val+Trp;0.772,253.256,1+ALB+NEFA+Asn
60 +3MeHis+Lys+Trp;0.772,249.060,1+Ala+Trp+ALT+AST+ALB+BUN;0.7
72,249.549,1+BCAA+Thr+Phe+ALT+ALB+BUN;0.772,249.821,1+BCAA+
Phe+ALT+ALB+BUN+TP;0.772,248.615,1+Trp+Lys+His+ALT+ALB+BUN;
0.772,249.000,1+Phe+His+ALT+ALB+BUN+NEFA;0.772,250.820,1+AL
B+AST+NEFA+Asn+Arg+Trp;0.772,254.207,1+ALB+T-BIL+BHBA+His+A
65 sn+Ile;0.772,252.867,1+Ala+Trp+Thr+Phe+ALB+BUN;0.772,251.35
4,1+ALB+AST+NEFA+Asn+Phe+Trp;0.772,249.238,1+Trp+Lys+His+AL

B+BUN+TP;0.772,249.421,1+ALB+Ca+ALT+T-BIL+Asn+Lys;0.772,252.
 935,1+ALB+gGT+Glc+Asn+Thr+Lys;0.772,251.406,1+ALB+gGT+His+A
 sn+Arg+Thr;0.772,253.324,1+ALB+Asn+3MeHis+Lys+Phe+Trp;0.772,
 250.194,1+Phe+Tyr+ALT+gGT+ALB+BUN;0.772,250.247,1+ALB+AST+g
 5 GT+His+Asn+Arg;0.772,250.709,1+ALB+AST+BHBA+Glc+Asn+Ile;0.7
 72,251.362,1+ALB+AST+Asn+Arg+Tyr+Val;0.772,251.249,1+ALB+Ca
 +AST+His+Asn+Lys;0.772,250.691,1+ALB+Ca+Glc+His+Asn+Arg;0.7
 71,251.604,1+ALB+BHBA+His+Asn+Arg+Thr;0.771,251.546,1+ALB+g GT+T-
 BIL+His+Asn+Arg;0.771,252.824,1+Ala+Trp+Arg+Tyr+ALB+BU N; 0.771,252.832,1+ALB+gGT+BHBA+His+Asn+Lys
 10 ; 0.771,248.917,1 + ALB+AST+ALT+Asn+Lys+Phe;0.771,248.237,1+ALB+Ca+AST+ALT+Asn+
 Arg;0.771,251.641,1+ALB+Ca+T-BIL+His+Asn+Arg;0.771,252.117, 1+ALB+gGT+T-
 BIL+Glc+His+Asn;0.771,250.497,1+ALB+BUN+gGT+BHB
 A+Asn+Arg;0.771,248.127,1+BCAA+Phe+ALT+ALB+BUN;0.771,248.66
 8,1+ALB+AST+ALT+gGT+Asn+Orn;0.771,251.731,1+ALB+AST+Asn+Val
 15 +Phe+Trp;0.771,249.853,1+BCAA+Phe+TCHO+ALT+ALB+BUN;0.771,24
 9.230,1+ALB+BUN+Ca+AST+gGT+Asn;0.771,252.871,1+ALB+T-BIL+As
 n+Thr+Orn+Lys;0.771,254.275,1+ALB+NEFA+Asn+Lys+Val+Phe;0.77
 1,250.033,1+ALB+Asn+3MeHis+Asp+Orn+Lys;0.771,253.451,1+Ala+
 Gly+BCAA+Lys+ALB+BUN;0.771,248.892,1+ALB+AST+ALT+gGT+Asn+Ly s ;
 20 0.771,248.993,1+Lys+Phe+ALT+gGT+ALB+BUN; 0.771,252.524,1+A
 LB+AST+BHBA+Asn+Thr+Ile;0.771,249.244,1+Phe+His+TG+ALT+ALB+
 BUN;0.771,251.671,1+Lys+Phe+His+ALB+BUN+TP;0.771,250.355,1+ ALB+BUN+Ca+T-
 BIL+Asn+Arg;0.771,252.925,1+ALB+gGT+Glc+Asn+Th
 r+Ile;0.771,254.043,1+ALB+Asn+Lys+Val+Phe+Trp;0.771,249.653,
 25 1+ALB+AST+ALT+gGT+BHBA+Asn;0.771,250.041,1+Gly+Phe+Tyr+ALT+
 ALB+BUN;0.771,251.475,1+ALB+AST+Asn+3MeHis+Lys+Val;0.771,25
 2.218,1+ALB+AST+His+Asn+Thr+Ile;0.771,248.862,1+ALB+BUN+Ca+ AST+T-
 BIL+Asn;0.771,254.759,1+ALB+Asn+3MeHis+Tyr+Val+Phe;0.
 771,252.841,1+ALB+Asn+Arg+Thr+Orn+Lys;0.771,250.126,1+BCAA+
 30 Phe+Tyr+ALT+ALB+BUN;0.771,248.274,1+ALB+BUN+ALT+3MeHis+Lys+
 Phe;0.771,249.455,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+3MeHis+Phe;0.771,248.0
 70,1+Trp+Lys+ALT+ALB+BUN+TP;0.771,248.848,1+Trp+Phe+ALT+ALB
 +BUN+Ca;0.771,252.689,1+ALB+Ca+gGT+His+Asn+Lys;0.771,249.48
 5,1+ALB+Ca+ALT+BHBA+Asn+Lys;0.771,249.657,1+ALB+AST+ALT+gGT +T-
 35 BIL+Asn;0.771,250.947,1+ALB+AST+Glc+Asn+Thr+Lys;0.771,24
 9.977,1+BCAA+Phe+TG+ALT+ALB+BUN;0.771,248.789,1+ALB+Ca+AST+
 ALT+Glc+Asn;0.771,252.647,1+ALB+Ca+NEFA+T-BIL+His+Asn;0.771, 253.104,1+ALB+NEFA+T-
 BIL+Glc+Asn+Lys;0.771,249.928,1+ALB+As n+3MeHis+Asp+Lys+Phe;0.771,248.672,1+Ala+Lys+His+ALT+ALB+BU
 40 N;0.771,250.033,1+ALB+Asn+3MeHis+Asp+Phe+Trp;0.771,252.133,
 1+ALB+AST+Asn+Orn+Lys+Val;0.771,251.189,1+ALB+AST+NEFA+Asn+
 3MeHis+Lys;0.771,249.321,1+ALB+AST+NEFA+Asn+Asp+Lys;0.771,2
 51.896,1+ALB+Asn+Asp+Lys+Val+Trp;0.771,251.097,1+ALB+Asn+Ar
 g+Asp+Tyr+Val;0.771,251.459,1+ALB+Asn+Asp+Lys+Tyr+Val;0.771,
 250.595,1+Ala+Gly+Trp+ALB+BUN;0.771,250.601,1+ALB+AST+Asn+3
 45 MeHis+Orn+Trp;0.771,252.575,1+ALB+Ca+BHBA+His+Asn+Lys;0.771,
 252.943,1+ALB+BHBA+Asn+Thr+Orn+Lys;0.771,252.433,1+Ala+Trp+
 Lys+Phe+ALB+BUN;0.771,253.592,1+ALB+Asn+3MeHis+Val+Phe+Trp;
 0.771,251.754,1+ALB+AST+NEFA+BHBA+Asn+Lys;0.771,251.527,1+A
 LB+Ca+AST+Asn+Thr+Lys;0.771,254.165,1+ALB+T-BIL+His+Asn+Thr File;0.771,253.695,1+ALB+NEFA+T-
 50 BIL+BHBA+Asn+Orn;0.771,253. 492,1+ALB+NEFA+Asn+Arg+Val+Trp;0.771,249.988,1+ALB+NEFA+Asn
 +3MeHis+Asp+Lys;0.771,248.860,1+ALB+Ca+ALT+Asn+Arg+Lys;0.77
 1,249.901,1+ALB+BUN+Ca+BHBA+Glc+Asn;0.771,253.258,1+ALB+NEF
 A+Asn+3MeHis+Orn+Trp;0.771,254.257,1+ALB+NEFA+Asn+Val+Phe+T
 rp;0.771,248.961,1+Gly+Lys+Phe+ALT+ALB+BUN;0.771,249.993,1+
 55 ALB+BUN+ALT+NEFA+Val+Phe;0.771,252.575,1+Ala+Gly+Trp+ALB+BU N+NEFA;0.771,251.882,1+ALB+AST+T-
 BIL+His+Asn+Ile;0.771,252. 900,1+ALB+AST+Asn+Lys+Tyr+Phe;0.771,250.854,1+ALB+Ca+AST+NE
 FA+His+Asn;0.771,252.983,1+ALB+Ca+NEFA+His+Asn+Thr;0.771,24
 8.868,1+ALB+BUN+Ca+AST+Asn+Arg;0.771,250.447,1+ALB+BUN+Ca+B
 HBA+Asn+Arg;0.771,252.736,1+ALB+gGT+T-BIL+Glc+Asn+Ile;0.771,
 60 252.594,1+Ala+Gly+Trp+Glc+ALB+BUN;0.771,249.485,1+ALB+Ca+AL
 T+gGT+Asn+Lys;0.771,252.957,1+ALB+NEFA+T-BIL+Glc+Asn+Orn;0.
 771,253.276,1+ALB+Asn+3MeHis+Orn+Phe+Trp;0.771,250.024,1+AL
 B+Asn+3MeHis+Arg+Asp+Lys;0.771,251.066,1+ALB+AST+Asn+Arg+Th
 r+Lys;0.771,250.171,1+ALB+AST+BHBA+His+Asn+Arg;0.771,250.15 5,1+ALB+Ca+ALT+gGT+T-
 65 BIL+Asn;0.771,252.561,1+ALB+gGT+Glc+Hi s+Asn+Thr;0.771,252.908,1+ALB+gGT+Asn+Thr+Orn+Lys;0.771,253.
 307,1+ALB+T-BIL+BHBA+Asn+Thr+Orn;0.771,253.337,1+ALB+NEFA+G

lc+Asn+Orn+Lys;0.771,254.755,1+ALB+NEFA+Asn+3MeHis+Tyr+Val; 0.771,249.536,1+ALB+BUN+ALT+Arg+Val +
 Phe;0.771,251.028,1+Ala +Trp+Phe+ALB+BUN;0.771,249.982,1+ALB+Asn+3MeHis+Arg+Asp+Tr
 p;0.771,248.888,1+ALB+AST+NEFA+Asn+Asp+Trp;0.771,252.476,1+
 5 ALB+Ca+Glc+Asn+Thr+Orn;0.771,249.663,1+ALB+AST+ALT+T-BIL+BH BA+Asn;0.771,253.509,1+ALB+gGT+T-
 BIL+Asn+Thr+Lys;0.771,250. 478,1+ALB+NEFA+Asn+3MeHis+Asp+Val;0.771,253.637,1+ALB+NEFA+
 Asn+3MeHis+Val+Trp;0.771,249.949,1+Thr+Phe+Tyr+ALT+ALB+BUN;
 0.771,252.575,1+Ala+Gly+Trp+Thr+ALB+BUN;0.771,251.440,1+ALB
 +AST+NEFA+BHBA+Asn+Orn;0.771,249.189,1+Gly+Phe+His+ALT+ALB+
 10 BUN;0.771,251.464,1+ALB+AST+NEFA+Asn+Orn+Lys;0.770,252.852, 1+ALB+NEFA+T-BIL+Glc+Asn+Arg;
 0.770,250.168, 1 + Phe+Glc+ALT+gG T+ALB+BUN;0.770,246.670,1+ALB+AST+Asn+3MeHis+Asp+Tyr;0.770,
 251.385,1+ALB+AST+Asn+Orn+Lys+Trp;0.770,250.400,1+ALB+BUN+C
 a+gGT+Asn+Arg;0.770,250.040,1+ALB+Asn+3MeHis+Arg+Asp+Val;0.
 770,252.936,1+Ala+Trp+Arg+Phe+ALB+BUN;0.770,253.005,1+Ala+T
 15 rp+Phe+gGT+ALB+BUN;0.770,249.066,1+ALB+BUN+ALT+Orn+Lys+Phe;
 0.770,251.765,1+ALB+NEFA+Asn+Asp+Val+Trp;0.770,252.322,1+AL
 B+NEFA+Asn+Asp+Orn+Val;0.770,252.893,1+ALB+AST+Asn+Lys+Tyr+
 Val;0.770,247.370,1+ALB+AST+Asn+3MeHis+Asp+Trp;0.770,249.79
 9,1+Gly+Phe+TCHO+ALT+ALB+BUN;0.770,253.121,1+ALB+Ca+gGT+NEF
 A+His+Asn;0.770,253.310,1+ALB+Ca+NEFA+Glc+Asn+Thr;0.770,252.
 20 382,1+ALB+gGT+Glc+Asn+Thr+Orn;0.770,245.671,1+ALB+BUN+ALT+3
 MeHis+Asp+Lys;0.770,248.086,1+Gly+Phe+ALT+ALB+BUN;0.770,249.
 566,1+Trp+Lys+Tyr+ALT+ALB+BUN;0.770,249.566,1+ALB+BUN+ALT+O
 rn+Lys+Trp;0.770,250.934,1+ALB+AST+Asn+3MeHis+Lys+Trp;0.770,
 249.936,1+Phe+Tyr+TCHO+ALT+ALB+BUN;0.770,250.207,1+Phe+Tyr+
 25 Glc+ALT+ALB+BUN;0.770,253.004,1+Ala+Trp+Phe+TG+ALB+BUN;0.77
 0,253.015,1+Ala+Trp+Phe+Glc+ALB+BUN;0.770,251.970,1+ALB+AST +T-
 BIL+His+Asn+Thr;0.770,247.566,1+Trp+Lys+ALT+ALB+BUN;0.77
 0,250.682,1+ALB+AST+NEFA+Glc+Asn+Orn;0.770,252.478,1+ALB+AS T+gGT+T-
 BIL+Asn+Ile;0.770,248.624,1+Trp+Phe+ALT+AST+ALB+BU
 30 N;0.770,249.369,1+ALB+Ca+AST+ALT+NEFA+Asn;0.770,252.957,1+A LB+Ca+T-
 BIL+Glc+Asn+Ile;0.770,250.422,1+ALB+BHBA+Glc+His+As n+Arg;0.770,252.247,1+ALB+NEFA+T-
 BIL+Asn+Arg+Thr;0.770,253. 103,1+ALB+NEFA+Asn+3MeHis+Arg+Val;0.770,249.485,1+ALB+BUN+A
 LT+NEFA+Arg+Phe;0.770,248.956,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Lys+Phe;0.
 770,252.194,1+ALB+AST+Asn+Orn+Val+Phe;0.770,249.565,1+Trp+L
 35 ys+Thr+ALT+ALB+BUN;0.770,250.958,1+ALB+AST+NEFA+Asn+3MeHis+
 Trp;0.770,252.971,1+ALB+Ca+Glc+Asn+Thr+Lys;0.770,252.710,1+
 ALB+BHBA+Glc+Asn+Thr+Lys;0.770,253.540,1+ALB+NEFA+BHBA+Glc+
 Asn+Lys;0.770,251.773,1+ALB+gGT+BHBA+His+Asn+Arg;0.770,251. 192,1+ALB+AST+T-
 BIL+Asn+Arg+Thr;0.770,249.537,1+Gly+Trp+Lys
 40 +ALT+ALB+BUN;0.770,254.049,1+ALB+Ca+gGT+NEFA+Asn+Ile;0.770,
 252.835,1+ALB+Asn+3MeHis+Arg+Lys+Trp;0.770,253.775,1+ALB+NE
 FA+Asn+3MeHis+Phe+Trp;0.770,251.547,1+ALB+AST+T-BIL+Glc+Asn
 +Thr;0.770,252.384,1+ALB+AST+gGT+His+Asn+Ile;0.770,249.565,
 1+Trp+Lys+Glc+ALT+ALB+BUN;0.770,250.904,1+Ala+Trp+Lys+AST+A
 45 LB+BUN;0.770,249.003,1+ALB+BUN+Ca+AST+BHBA+Asn;0.770,252.38
 9,1+ALB+Glc+Asn+Arg+Thr+Orn;0.770,252.420,1+ALB+BHBA+Glc+As
 n+Thr+Orn;0.770,254.106,1+ALB+NEFA+BHBA+Asn+Orn+Lys;0.770,2
 48.869,1+ALB+BUN+AST+ALT+Lys+Phe;0.770,249.321,1+ALB+BUN+AS
 T+ALT+3MeHis+Phe;0.770,251.358,1+Ala+Trp+Lys+ALB+BUN+TP;0.7
 50 70,249.563,1+Trp+Lys+ALT+ALB+BUN+NEFA;0.770,251.551,1+ALB+A
 ST+gGT+NEFA+Asn+Thr;0.770,251.622,1+ALB+AST+Asn+Lys+Phe+Tr p;0.770,250.116,1+ALB+Ca+ALT+T-
 BIL+BHBA+Asn;0.770,250.639,1 +ALB+Ca+AST+Asn+Thr+Orn;0.770,253.493,1+ALB+NEFA+Asn+3MeHis
 +Orn+Lys;0.770,253.753,1+ALB+Asn+Arg+Lys+Val+Trp;0.770,253.
 291,1+ALB+NEFA+Glc+Asn+Arg+Orn;0.770,250.347,1+ALB+NEFA+Asn
 55 +3MeHis+Arg+Asp;0.770,251.497,1+ALB+Ca+AST+NEFA+Asn+Thr;0.7
 70,248.874,1+ALB+Ca+AST+ALT+Asn+Lys;0.770,253.406,1+ALB+Ca+ T-
 BIL+Asn+Thr+Lys;0.770,252.695,1+ALB+Glc+Asn+Arg+Thr+Lys;0. 770,253.674,1+ALB+gGT+NEFA+T-
 BIL+Asn+Orn;0.770,248.955,1+AL B+BUN+ALT+3MeHis+Orn+Phe;0.770,252.585,1+Ala+Gly+Trp+gGT+AL
 B+BUN;0.770,247.717,1+ALB+BUN+ALT+Arg+Asp+Trp;0.770,249.209,
 60 1+ALB+AST+Asn+Asp+Val+Trp;0.770,254.311,1+ALB+T-BIL+BHBA+Hi s+Asn+Thr;0.770,253.103,1+ALB+T-
 BIL+Asn+Arg+Thr+Orn;0.770,2 52.525,1+Ala+Trp+Lys+Glc+ALB+BUN;0.770,253.292,1+ALB+NEFA+G
 lc+Asn+Arg+Lys;0.770,250.244,1+ALB+BUN+ALT+Tyr+Val+Phe;0.77
 0,250.051,1+ALB+Asn+3MeHis+Asp+Orn+Trp;0.770,250.076,1+ALB+
 NEFA+Asn+3MeHis+Asp+Trp;0.770,250.808,1+ALB+AST+NEFA+T-BIL+
 65 Asn+Arg;0.770,250.850,1+ALB+AST+Asn+3MeHis+Val+Trp;0.770,25
 2.522,1+Ala+Trp+Arg+Lys+ALB+BUN;0.770,253.433,1+ALB+NEFA+BH

BA+Glc+Asn+Arg;0.770,253.848,1+ALB+NEFA+Asn+Orn+Lys+Trp;0.7
 70,253.935,1+ALB+NEFA+Asn+Lys+Phe+Trp;0.770,249.579,1+ALB+B
 UN+ALT+NEFA+Orn+Phe;0.770,251.859,1+ALB+AST+Asn+3MeHis+Lys+
 Phe;0.770,248.664,1+ALB+Ca+AST+ALT+Asn+Orn;0.770,254.461,1+
 5 ALB+BHBA+His+Asn+Thr+Ile;0.770,253.791,1+ALB+Asn+Arg+Val+Ph
 e+Trp;0.770,247.408,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Asp+Phe;0.770,251.80
 2,1+ALB+AST+NEFA+Asn+Lys+Phe;0.770,249.435,1+Trp+Lys+ALT+AL
 B+BUN+BHBA;0.770,251.047,1+ALB+AST+NEFA+Asn+3MeHis+Orn;0.77
 0,251.196,1+ALB+AST+Asn+Orn+Phe+Trp;0.770,252.314,1+ALB+Ca+
 10 AST+Asn+Thr+Ile;0.770,251.535,1+ALB+Ca+His+Asn+Arg+Thr;0.77
 0,253.167,1+ALB+Asn+3MeHis+Orn+Lys+Trp;0.770,253.530,1+ALB+ NEFA+T-
 BIL+Asn+Orn+Lys;0.770,253.684,1+ALB+NEFA+Asn+3MeHis+
 Lys+Phe;0.770,254.006,1+ALB+Asn+Orn+Lys+Phe+Trp;0.770,250.4
 81,1+ALB+Asn+3MeHis+Asp+Val+Phe;0.770,249.564,1+ALB+AST+Asn
 +Asp+Lys+Trp;0.769,250.220,1+ALB+ALT+gGT+T-BIL+BHBA+Asn;0.7
 15 69,253.255,1+ALB+Asn+3MeHis+Arg+Val+Phe;0.769,253.850,1+ALB
 +NEFA+Asn+Arg+Lys+Val;0.769,252.864,1+ALB+Asn+3MeHis+Arg+Or
 n+Trp;0.769,253.078,1+ALB+NEFA+Asn+3MeHis+Arg+Lys;0.769,247.
 398,1+ALB+BUN+ALT+Asp+Orn+Phe;0.769,250.321,1+ALB+AST+Asn+3
 20 MeHis+Arg+Trp;0.769,251.959,1+ALB+AST+Asn+Arg+Orn+Val;0.769,
 253.248,1+ALB+NEFA+Asn+3MeHis+Arg+Orn;0.769,253.738,1+ALB+N
 EFA+Asn+Arg+Lys+Trp;0.769,252.249,1+ALB+Ca+AST+T-BIL+Asn+Il
 e;0.769,253.158,1+ALB+Ca+Glc+Asn+Thr+Ile;0.769,252.782,1+AL
 B+Ca+Glc+His+Asn+Thr;0.769,253.269,1+ALB+Ca+BHBA+Asn+Thr+Or n;
 25 0.769,252.512,1+Ala+Trp+Lys+TG+ALB+BUN;0.769,253.895,1+AL
 B+NEFA+Asn+Orn+Phe+Trp;0.769,250.352,1+ALB+Asn+3MeHis+Arg+A
 sp+Phe;0.769,251.840,1+Ala+Gly+Trp+ALB+BUN+TP;0.769,249.474,
 1+ALB+AST+Asn+Asp+Orn+Trp;0.769,249.550,1+ALB+AST+Asn+Arg+A
 sp+Trp;0.769,254.228,1+ALB+Ca+His+Asn+Thr+Ile;0.769,253.821, 1+ALB+Ca+NEFA+T-
 30 BIL+Asn+Thr;0.769,250.366,1+ALB+Asn+3MeHis+
 Arg+Asp+Orn;0.769,253.965,1+Ala+Gly+Lys+TG+ALB+BUN;0.769,24
 7.457,1+ALB+BUN+ALT+Arg+Asp+Phe;0.769,252.529,1+ALB+AST+gGT
 +Asn+Thr+Ile;0.769,252.348,1+ALB+AST+BHBA+His+Asn+Ile;0.769,
 251.477,1+ALB+AST+Asn+Arg+Lys+Trp;0.769,252.521,1+Ala+Gly+T
 35 rp+ALB+BUN+Ca;0.769,253.055,1+ALB+BHBA+Glc+Asn+Thr+Ile;0.76
 9,253.109,1+ALB+BHBA+Asn+Arg+Thr+Orn;0.769,252.868,1+ALB+As
 n+3MeHis+Arg+Phe+Trp;0.769,251.547,1+ALB+AST+NEFA+Asn+Orn+P he; 0.769, 250.953,
 1+ALB+AST+NEFA+Glc+Asn+Lys; 0.769, 250.155, 1
 +ALB+Ca+AST+His+Asn+Arg;0.769,250.697,1+ALB+BUN+Ca+gGT+BHBA
 40 +Asn;0.769,254.453,1+ALB+Ca+NEFA+BHBA+Asn+Thr;0.769,251.196,
 1+ALB+Ca+AST+Glc+His+Asn;0.769,252.969,1+ALB+gGT+BHBA+Glc+A
 sn+Ile;0.769,253.278,1+ALB+gGT+BHBA+Asn+Thr+Orn;0.769,253.2
 01,1+Ala+Trp+Arg+TG+ALB+BUN;0.769,254.324,1+ALB+gGT+His+Asn + Thr+Ile; 0.769,254.800,
 1+ALB+Asn+Orn+Lys+Val + Phe; 0.7 69, 250.
 45 530,1+Ala+Trp+Lys+ALB+BUN;0.769,251.222,1+ALB+AST+NEFA+T-BI
 L+Glc+Asn;0.769,251.786,1+ALB+Asn+Asp+Lys+Phe+Trp;0.769,252.
 525,1+Ala+Gly+Trp+ALB+BUN+BHBA;0.769,251.977,1+ALB+AST+NEFA
 +Asn+3MeHis+Tyr;0.769,252.853,1+ALB+AST+gGT+BHBA+Asn+Ile;0.
 769,251.227,1+ALB+AST+NEFA+Asn+Arg+Val;0.769,251.327,1+ALB+
 50 AST+Asn+3MeHis+Orn+Lys;0.769,252.089,1+ALB+AST+NEFA+T-BIL+B
 HBA+Asn;0.769,249.026,1+ALB+AST+Asn+Asp+Phe+Trp;0.769,249.0
 56,1+Trp+Lys+TCHO+ALT+ALB+BUN;0.769,253.256,1+ALB+Ca+T-BIL+
 Asn+Thr+Orn;0.769,252.253,1+ALB+BHBA+Glc+His+Asn+Thr;0.769,
 255.088,1+ALB+gGT+BHBA+Asn+Thr+Ile;0.769,253.238,1+ALB+Asn+
 55 3MeHis+Arg+Orn+Lys;0.769,249.969,1+ALB+BUN+ALT+Thr+Lys+Ile;
 0.769,249.506,1+Trp+Lys+ALT+ALB+BUN+Ca;0.769,249.824,1+Trp+
 Arg+TG+ALT+ALB+BUN;0.769,253.022,1+ALB+gGT+NEFA+Asn+Arg+Th r;0.769,253.059,1+ALB+T-
 BIL+Glc+Asn+Arg+Thr;0.769,253.273,1 +ALB+gGT+T-BIL+Asn+Thr+Orn;0.769,253.763,1+ALB+NEFA+Asn+3Me
 60 His+Orn+Phe;0.769,254.335,1+ALB+NEFA+Asn+Orn+Lys + Phe;0.769,
 253.725,1+ALB+NEFA+Asn+Arg+Orn+Trp;0.769,254.764,1+ALB+gGT+ NEFA+T-
 BIL+BHBA+Asn;0.769,253.274,1+ALB+NEFA+T-BIL+Asn+Arg+
 Orn;0.769,251.240,1+ALB+AST+NEFA+Asn+Arg+Orn;0.769,254.885, 1+ALB+Ca+T-
 BIL+Asn+Thr+Ile;0.769,252.854,1+ALB+Ca+Asn+Thr+O
 rn+Lys;0.769,251.665,1+ALB+Ca+gGT+His+Asn+Arg;0.769,254.960, 1+ALB+gGT+T-
 65 BIL+Asn+Thr+Ile;0.769,255.089,1+ALB+gGT+T-BIL+B HBA+Asn+Ile;0.769,252.349,1+ALB+AST+T-
 BIL+BHBA+His+Asn;0.76 9,252.699,1+ALB+BUN+3MeHis+Lys+Val+Phe;0.769,252.540,1+ALB+

AST+gGT+His+Asn+Thr;0.769,250.887,1+ALB+AST+Glc+Asn+Arg+Th
r;0.769,250.620,1+ALB+AST+NEFA+Asn+3MeHis+Arg;0.769,251.137,
1+ALB+AST+Asn+3MeHis+Phe+Trp;0.769,252.200,1+Ala+Trp+Lys+TC
HO+ALB+BUN;0.769,253.471,1+ALB+gGT+NEFA+Glc+Asn+Lys;0.769,2
5 54.368,1+ALB+gGT+NEFA+BHBA+Asn+Lys;0.769,252.135,1+Ala+Trp+
Lys+ALB+BUN+NEFA;0.769,253.804,1+ALB+NEFA+T-BIL+BHBA+Asn+Ly
s;0.769,247.519,1+ALB+BUN+ALT+Asp+Val+Phe;0.769,247.518,1+A
LB+BUN+ALT+Asp+Lys+Val;0.769,252.199,1+Gly+Trp+Lys+AST+ALB+ TP;
0.769,249.577,1+ALB+Ca+AST+ALT+BHBA+Asn; 0.769,255.077,1 + ALB+Ca+T-
10 BIL+BHBA+Asn+Ile;0.769,253.465,1+ALB+Ca+NEFA+Glc+A
sn+Lys;0.769,253.700,1+ALB+Asn+3MeHis+Orn+Lys+Phe;0.769,253. 716,1+ALB+gGT+NEFA+T-
BIL+Glc+Asn;0.769,253.809,1+ALB+gGT+NE FA+T-
BIL+Asn+Lys;0.769,253.443,1+ALB+NEFA+BHBA+Glc+Asn+Orn;
0.769,252.297,1+ALB+NEFA+Asn+Arg+Asp+Lys;0.769,253.980,1+Al
15 a+Gly+Lys+Glc+ALB+BUN;0.769,249.236,1+Trp+Arg+Lys+ALT+ALB+B UN; 0.769,
251.430,1+ALB+AST+BHBA+Asn+Arg+Thr; 0.769, 250.037,1
+Trp+Lys+AST+ALB+BUN+TP;0.769,249.570,1+Ala+Lys+ALT+ALB+BUN
+NEFA;0.769,252.008,1+Ala+Gly+Lys+ALB+BUN;0.769,252.586,1+A
la+BCAA+Trp+Arg+ALB+BUN;0.769,253.220,1+Ala+Trp+Arg+Thr+ALB
20 +BUN;0.769,249.469,1+ALB+BUN+ALT+Arg+Orn+Phe;0.769,252.294,
1+ALB+NEFA+Asn+Asp+Orn+Lys;0.769,252.884,1+ALB+NEFA+Asn+3Me
His+Arg+Trp;0.769,251.849,1+ALB+NEFA+Asn+Asp+Phe+Trp;0.769, 249.586,1+ALB+Ca+AST+ALT+T-
BIL+Asn;0.768,254.454,1+ALB+gGT+ BHBA+His+Asn+Ile;0.768,253.013,1+ALB+gGT+Asn+Arg+Thr+Orn;0.
768,254.372,1+ALB+NEFA+Asn+Arg+Val+Phe;0.768,253.718,1+ALB+
25 NEFA+Asn+Arg+Phe+Trp;0.768,249.561,1+ALB+Ca+AST+ALT+gGT+As
n;0.768,253.361,1+ALB+Asn+3MeHis+Arg+Orn+Phe;0.768,253.706,
1+ALB+gGT+BHBA+Asn+Thr+Lys;0.768,249.407,1+Ala+Gly+Lys+ALT+
ALB+BUN;0.768,247.415,1+ALB+BUN+ALT+Asp+Orn+Lys;0.768,247.4
89,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Asp+Lys;0.768,247.540,1+ALB+BUN+ALT+A
30 sp+Lys+Tyr;0.768,249.126,1+Trp+Lys+ALT+AST+ALB+BUN;0.768,24
9.126,1+ALB+BUN+AST+ALT+Lys+Trp;0.768,252.574,1+ALB+Ca+AST+
BHBA+Asn+Ile;0.768,255.022,1+ALB+Ca+BHBA+Asn+Thr+Ile;0.768,
251.876,1+ALB+NEFA+Asn+Asp+Lys+Trp;0.768,251.950,1+ALB+NEFA
+Asn+Asp+Orn+Trp;0.768,251.355,1+ALB+AST+gGT+NEFA+Asn+Orn;0.
35 768,252.177,1+ALB+AST+NEFA+Asn+Tyr+Val;0.768,249.783,1+ALB+
AST+Asn+Asp+Tyr+Phe;0.768,250.420,1+Ala+Gly+Trp+AST+ALB+BU
N;0.768,253.005,1+ALB+Ca+gGT+Glc+Asn+Ile;0.768,252.129,1+Al
a+Gly+Trp+TCHO+ALB+BUN;0.768,251.874,1+ALB+Ca+BHBA+His+Asn+ Arg;0.768,254.192,1+ALB+gGT+T-
BIL+His+Asn+Thr;0.768,253.837, 1+ALB+Asn+Arg+Lys+Phe+Trp;0.768,251.558,1+ALB+AST+gGT+NEFA+
40 Asn+Lys;0.768,253.064,1+Ala+Gly+Trp+Lys+AST+ALB;0.768,254.3
07,1+ALB+Ca+BHBA+His+Asn+Ile;0.768,254.589,1+ALB+NEFA+Asn+3
MeHis+Val+Phe;0.768,252.963,1+BCAA+Trp+Lys+gGT+ALB+BUN;0.76
8,253.997,1+Ala+Gly+Lys+Thr+ALB+BUN;0.768,251.310,1+ALB+AST
+NEFA+Asn+Arg+Lys;0.768,253.572,1+ALB+Ca+BHBA+Asn+Thr+Lys;0.
45 768,252.362,1+Ala+Trp+Lys+ALB+BUN+BHBA;0.768,249.454,1+Ala+
Arg+Lys+ALT+ALB+BUN;0.768,248.678,1+ALB+BUN+ALT+3MeHis+Arg+
Phe;0.768,247.687,1+ALB+AST+Asn+3MeHis+Asp+Lys;0.768,252.36
6,1+Ala+Gly+Trp+Arg+AST+ALB;0.768,254.139,1+ALB+NEFA+Asn+Ar
g+Orn+Lys;0.768,252.081,1+ALB+Asn+Arg+Asp+Val+Trp;0.768,252.
50 493,1+ALB+NEFA+Asn+Asp+Orn+Phe;0.768,250.469,1+ALB+NEFA+Asn
+3MeHis+Asp+Orn;0.768,250.491,1+ALB+Asn+3MeHis+Asp+Orn+Phe; 0.768,252.101,
1+ALB+AST+gGT+Glc+Asn+Thr; 0.768,249.419, 1 + Trp
+Lys+TG+ALT+ALB+BUN;0.768,250.061,1+BCAA+Trp+Arg+ALT+ALB+BU
N;0.768,250.173,1+ALB+BUN+ALT+Arg+Tyr+Trp;0.768,250.333,1+B
55 CAA+Lys+Thr+ALT+ALB+BUN;0.768,251.359,1+ALB+AST+gGT+NEFA+Gl
c+Asn;0.768,250.556,1+BCAA+Trp+Lys+ALB+BUN+TP;0.768,252.309, 1+ALB+AST+gGT+T-
BIL+His+Asn;0.768,251.409,1+ALB+AST+Asn+3Me His+Orn+Phe; 0.768,253.305,
1+ALB+BHBA+Asn+Arg+Thr+Lys; 0.7 68, 253.963,1+ALB+gGT+T-BIL+Glc+Asn+Thr;0.768,250.606,1+ALB+NEF
A+Asn+3MeHis+Asp+Phe;0.768,253.418,1+ALB+NEFA+T-BIL+BHBA+As
60 n+Arg;0.768,252.137,1+ALB+NEFA+Asn+Asp+Lys+Phe;0.768,249.21
2,1+ALB+BUN+ALT+3MeHis+Lys+Trp;0.768,252.458,1+Ala+Trp+Lys+
ALB+BUN+Ca;0.768,251.066,1+Ala+Arg+Glc+ALT+ALB+BUN;0.768,25
3.350,1+ALB+NEFA+Asn+3MeHis+Arg+Phe;0.768,253.670,1+Ala+Gly
+Lys+ALB+BUN+BHBA;0.768,253.919,1+ALB+NEFA+BHBA+Asn+Arg+Or
65 n;0.768,252.252,1+ALB+BUN+3MeHis+Lys+Val+Trp;0.768,252.936,
1+BCAA+Trp+Lys+Thr+ALB+BUN;0.768,252.431,1+ALB+AST+Asn+3MeH is+Tyr+Phe;0.768,253.158,1+ALB+T-

BIL+Asn+Arg+Thr+Lys;0.768,254.467,1+ALB+gGT+BHBA+His+Asn+Thr;0.768,254.610,1+Ala+Gly+
 BCAA+Trp+Lys+ALB;0.768,251.915,1+ALB+Asn+Asp+Orn+Phe+Trp;0.
 768,252.526,1+ALB+NEFA+Asn+Arg+Asp+Val;0.768,254.042,1+ALB+Ca+T-
 BIL+His+Asn+Ile;0.768,254.234,1+ALB+Ca+NEFA+BHBA+Asn+Lys;0.768,253.673,1+ALB+NEFA+T-
 5 BIL+BHBA+Glc+Asn;0.768,253.811,1+ALB+Asn+Arg+Orn+Phe+Trp;0.768,251.250,1+Ala+Trp+Arg+ALB
 +BUN;0.768,253.234,1+ALB+Asn+3MeHis+Arg+Lys+Phe;0.768,254.0
 11,1+ALB+Asn+Arg+Orn+Lys+Trp;0.768,250.453,1+Ala+Arg+Thr+AL
 T+ALB+BUN;0.768,249.809,1+ALB+BUN+AST+ALT+NEFA+Phe;0.768,24
 7.535,1+ALB+BUN+ALT+Arg+Asp+Lys;0.768,250.867,1+ALB+AST+Asn
 10 +3MeHis+Arg+Orn;0.768,253.050,1+ALB+Ca+Asn+Arg+Thr+Orn;0.76
 8,248.018,1+ALB+BUN+ALT+Asp+Orn+Trp;0.768,253.686,1+Ala+Gly
 +Arg+Lys+ALB+BUN;0.768,254.177,1+ALB+gGT+T-BIL+His+Asn+Ile;
 0.768,250.150,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Arg+Trp;0.768,250.150,1+Tr
 p+Arg+ALT+ALB+BUN+NEFA;0.768,250.714,1+ALB+AST+Asn+3MeHis+A
 15 rg+Val;0.768,251.474,1+BCAA+Trp+Lys+AST+ALB+BUN;0.768,252.6
 73,1+ALB+Ca+gGT+Glc+His+Asn;0.768,254.632,1+ALB+Asn+Arg+Orn
 +Lys+Val;0.768,248.187,1+Trp+Arg+ALT+ALB+BUN;0.768,250.168,
 1+Trp+Arg+ALT+gGT+ALB+BUN;0.768,248.156,1+ALB+BUN+ALT+Asp+V
 al+Trp;0.767,253.187,1+ALB+Ca+BHBA+Glc+Asn+Ile;0.767,253.18
 20 8,1+ALB+Ca+gGT+Asn+Thr+Orn;0.767,253.899,1+ALB+T-BIL+BHBA+A
 sn+Arg+Thr;0.767,252.990,1+Ala+Trp+Arg+ALB+BUN+NEFA;0.767,2
 50.176,1+Trp+Arg+ALT+ALB+BUN+BHBA;0.767,250.673,1+ALB+AST+N
 EFA+Glc+Asn+Arg;0.767,252.365,1+ALB+AST+BHBA+His+Asn+Thr;0.
 767,249.764,1+ALB+BUN+ALT+His+Thr+Lys;0.767,253.342,1+ALB+g
 25 GT+NEFA+Glc+Asn+Orn;0.767,248.962,1+ALB+BUN+ALT+Arg+Lys+Ph
 e;0.767,250.093,1+ALB+BUN+AST+ALT+Tyr+Phe;0.767,247.358,1+A
 LB+BUN+AST+ALT+Asp+Phe;0.767,254.351,1+ALB+Ca+T-BIL+BHBA+Hi
 s+Asn;0.767,253.507,1+ALB+Ca+NEFA+T-BIL+Asn+Orn;0.767,252.2
 52,1+ALB+Asn+Asp+Orn+Lys+Trp;0.767,252.525,1+Ala+Trp+Arg+AL
 30 B+BUN+TP;0.767,252.996,1+ALB+BUN+Lys+Val+Phe+Trp;0.767,249.
 260,1+Trp+Arg+ALT+ALB+BUN+TP;0.767,249.812,1+ALB+BUN+ALT+3M
 eHis+Arg+Trp;0.767,251.209,1+ALB+ALT+Arg+Tyr+Phe+Trp;0.767,
 250.949,1+ALB+AST+Asn+3MeHis+Arg+Lys;0.767,251.436,1+ALB+AS
 T+NEFA+BHBA+Glc+Asn;0.767,247.798,1+ALB+AST+Asn+3MeHis+Arg+
 35 Asp;0.767,252.874,1+Ala+Trp+Arg+TCHO+ALB+BUN;0.767,249.806,
 1+Trp+Arg+TCHO+ALT+ALB+BUN;0.767,253.044,1+ALB+Ca+NEFA+Asn+
 Arg+Thr;0.767,252.200,1+ALB+gGT+BHBA+Glc+His+Asn;0.767,253.
 242,1+ALB+gGT+Asn+Arg+Thr+Lys;0.767,253.268,1+ALB+NEFA+T-BI
 L+Asn+Arg+Lys;0.767,252.498,1+ALB+NEFA+Asn+Arg+Asp+Orn;0.76
 40 7,250.178,1+ALB+BUN+ALT+Arg+Val+Trp;0.767,252.202,1+Ala+Gly
 +Lys+AST+ALB+BUN;0.767,253.034,1+Ala+BCAA+Trp+TCHO+ALB+BUN;
 0.767,254.175,1+ALB+Ca+NEFA+BHBA+Asn+Orn;0.767,254.254,1+AL
 B+NEFA+Asn+Arg+Orn+Phe;0.767,252.259,1+ALB+Asn+Arg+Asp+Orn+
 Trp;0.767,251.978,1+ALB+NEFA+Asn+Arg+Asp+Trp;0.767,250.710,
 45 1+ALB+AST+Asn+Arg+Asp+Lys;0.767,250.247,1+ALB+AST+Asn+Asp+O
 rn+Val;0.767,249.393,1+ALB+AST+NEFA+Asn+Asp+Orn;0.767,249.4
 31,1+ALB+AST+NEFA+Asn+Arg+Asp;0.767,253.709,1+ALB+Ca+NEFA+T-
 BIL+Glc+Asn;0.767,254.445,1+ALB+Ca+gGT+NEFA+Asn+Thr;0.767,
 253.989,1+Ala+Gly+Lys+gGT+ALB+BUN;0.767,254.303,1+ALB+gGT+N
 50 EFA+Asn+Orn+Lys;0.767,251.344,1+Ala+BCAA+Trp+ALB+BUN;0.767,
 250.133,1+ALB+BUN+ALT+His+Orn+Lys;0.767,250.141,1+ALB+BUN+A
 LT+Arg+Orn+Trp;0.767,249.351,1+ALB+BUN+ALT+His+Arg+Lys;0.76
 7,251.402,1+ALB+AST+NEFA+Asn+Arg+Phe;0.767,254.448,1+ALB+T-
 BIL+BHBA+Glc+Asn+Lys;0.767,253.286,1+ALB+gGT+NEFA+Glc+Asn+A rg;0.767,254.430,1+ALB+gGT+T-
 55 BIL+BHBA+His+Asn;0.767,249.717,1+Ala+Lys+Thr+ALT+ALB+BUN;0.767,252.526,1+BCAA+Trp+Lys+ALB+
 BUN+NEFA;0.767,253.237,1+Ala+Trp+Arg+Glc+ALB+BUN;0.767,250.378,1+ALB+BUN+ALT+T-
 BIL+Lys+Ile;0.767,252.433,1+ALB+AST+NEF
 A+Asn+Val+Phe;0.767,247.847,1+ALB+AST+NEFA+Asn+3MeHis+Asp;0.
 767,253.159,1+Ala+Trp+Arg+ALB+BUN+Ca;0.767,253.417,1+ALB+Ca
 60 +NEFA+Glc+Asn+Arg;0.767,250.947,1+Ala+Arg+TG+ALT+ALB+BUN;0.
 767,249.403,1+ALB+BUN+AST+ALT+Arg+Phe;0.767,250.990,1+BCAA+
 Trp+Lys+ALB+BUN;0.767,251.930,1+ALB+Asn+Arg+Asp+Phe+Trp;0.7
 67,252.989,1+BCAA+Trp+Lys+Glc+ALB+BUN;0.767,253.259,1+Ala+B
 CAA+Trp+ALB+BUN+BHBA;0.767,249.230,1+ALB+BUN+3MeHis+Asp+Lys
 65 +Phe;0.767,252.296,1+ALB+Asn+Arg+Asp+Lys+Trp;0.767,252.990,
 1+BCAA+Trp+Lys+TG+ALB+BUN;0.767,251.469,1+ALB+AST+gGT+Asn+A

rg+Thr;0.767,251.610,1+ALB+AST+BHBA+Glc+Asn+Thr;0.767,252.0
 09,1+Ala+Gly+BCAA+Trp+ALB+BUN;0.767,249.398,1+ALB+BUN+AST+A
 LT+Orn+Phe;0.767,250.073,1+Gly+Trp+Arg+ALT+ALB+BUN;0.767,25
 1.345,1+Ala+Trp+Arg+AST+ALB+BUN;0.767,253.145,1+Ala+Gly+Trp
 5 +AST+ALB+TP;0.767,253.246,1+Ala+Trp+Thr+TCHO+ALB+BUN;0.767,
 253.303,1+Ala+BCAA+Trp+Thr+ALB+BUN;0.767,251.980,1+ALB+Asn+ Asp+Val + Phe + Trp; 0.767,252.335,
 1+ALB+AST + T-BIL+Asn+Orn+Lys; 0. 767,253.124,1+ALB+BHBA+Glc+Asn+Arg+Thr;0.767,251.608,1+Ala+
 Trp+Thr+ALB+BUN;0.767,247.874,1+ALB+AST+Asn+3MeHis+Asp+Val;
 10 0.767,251.636,1+Ala+Trp+TG+AST+ALB+BUN;0.767,251.418,1+ALB+
 Ca+AST+Asn+Arg+Thr;0.767,254.834,1+ALB+Ca+gGT+Asn+Thr+Ile;0.
 767,252.586,1+ALB+Ca+AST+gGT+Asn+Ile;0.767,254.726,1+ALB+As
 n+Arg+Orn+Val+Phe;0.767,249.716,1+Ala+Lys+TG+ALT+ALB+BUN;0.
 767,253.922,1+ALB+NEFA+BHBA+Asn+Arg+Lys;0.767,253.340,1+Ala
 +BCAA+Trp+Glc+ALB+BUN;0.767,250.414,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Lys+
 15 Ile;0.767,250.033,1+BCAA+Arg+Lys+ALT+ALB+BUN;0.767,253.429,
 1+Ala+Gly+Lys+TCHO+ALB+BUN;0.767,253.577,1+ALB+Ca+NEFA+T-BI L+Asn+Lys; 0.767,254.066, 1+ALB+T-
 BIL+Glc+Asn+Orn+Lys; 0.7 67,2 54.119,1+ALB+T-BIL+BHBA+Glc+Asn+Thr; 0.767,250.401, 1+Ala+Gly
 +Arg+ALT+ALB+BUN;0.767,252.024,1+ALB+Asn+Asp+Tyr+Val+Phe;0.
 767,253.097,1+Ala+BCAA+Trp+ALB+BUN+NEFA;0.767,254.137,1+ALB
 20 +NEFA+Asn+Arg+Lys+Phe;0.767,250.910,1+Ala+Trp+ALB+BUN+TP;0.
 767,253.330,1+Ala+BCAA+Trp+TG+ALB+BUN;0.767,250.303,1+ALB+B
 UN+ALT+gGT+His+Lys;0.767,249.531,1+ALB+AST+NEFA+Asn+Asp+Va 1;0.767,254.103,1+ALB+Ca+T-
 BIL+His+Asn+Thr;0.767,249.750,1+ Ala+Lys+Glc+ALT+ALB+BUN;0.767,251.382,1+Ala+Trp+ALB+BUN+NEF A;
 0.767,249.453,1+ALB+BUN+ALT+Arg+Lys+Ile; 0.766,252.122,1+A
 25 LB+Ca+AST+His+Asn+Ile;0.766,253.627,1+ALB+Ca+gGT+Asn+Thr+Ly s;
 0.766,252.363,1+ALB+Ca+BHBA+Glc+His+Asn; 0.766,252.581,1+G
 ly+BCAA+Trp+Lys+ALB+BUN;0.766,253.382,1+Ala+Trp+Glc+ALB+BUN
 +NEFA;0.766,250.109,1+ALB+BUN+AST+ALT+Val+Phe;0.766,250.166,
 1+ALB+BUN+ALT+NEFA+His+Lys;0.766,253.270,1+ALB+AST+Asn+Lys+ Val+Phe;0.766,252.136,1+ALB+AST+T-
 30 BIL+Asn+Arg+Orn;0.766,254. 048,1+ALB+Ca+NEFA+Asn+Arg+Lys;0.766,255.466,1+ALB+gGT+T-BIL
 +BHBA+Asn+Thr;0.766,254.971,1+ALB+T-BIL+BHBA+Asn+Orn+Lys;0.
 766,251.293,1+Ala+Gly+Trp+Arg+ALT+ALB;0.766,250.560,1+ALB+B
 UN+ALT+NEFA+Thr+Lys;0.766,250.809,1+Ala+Trp+AST+ALB+BUN+TP;
 0.766,248.193,1+ALB+BUN+ALT+Asp+Tyr+Trp;0.766,247.916,1+ALB
 35 +AST+Asn+3MeHis+Asp+Orn;0.766,249.616,1+ALB+BUN+AST+Asp+Lys +Trp;0.766,254.143,1+ALB+Ca+T-
 BIL+Glc+Asn+Thr;0.766,251.590, 1+Ala+Trp+TG+ALB+BUN;0.766,248.773,1+ALB+BUN+3MeHis+Asp+Lys
 +Trp;0.766,251.724,1+ALB+ALT+Orn+Val+Phe+Trp;0.766,252.670,
 1+BCAA+Trp+Arg+Lys+ALB+BUN;0.766,252.758,1+ALB+NEFA+Asn+Asp
 +Val+Phe;0.766,249.972,1+ALB+BUN+ALT+BHBA+His+Lys;0.766,249.
 40 770,1+Ala+Lys+ALT+gGT+ALB+BUN;0.766,250.763,1+ALB+BUN+Asp+L
 ys+Tyr+Trp;0.766,250.150,1+ALB+BUN+ALT+3MeHis+Orn+Lys;0.766,
 250.169,1+Trp+Arg+Glc+ALT+ALB+BUN;0.766,250.074,1+ALB+BUN+A LT+T-
 BIL+His+Lys;0.766,251.397,1+Ala+BCAA+Trp+AST+ALB+BUN;0.
 766,251.709,1+Ala+Trp+Thr+AST+ALB+BUN;0.766,254.320,1+ALB+g GT+T-
 45 BIL+Glc+Asn+Lys;0.766,255.407,1+ALB+gGT+T-BIL+BHBA+Asn
 +Lys;0.766,253.204,1+Ala+Trp+Arg+gGT+ALB+BUN;0.766,253.483,
 1+Ala+Trp+Glc+ALB+BUN+BHBA;0.766,252.902,1+Ala+Trp+TG+ALB+B
 UN+TP;0.766,247.295,1+ALB+BUN+ALT+3MeHis+Asp+Trp;0.766,250.
 680,1+ALB+AST+Asn+Asp+Lys+Val;0.766,251.827,1+ALB+Ca+AST+NE FA+T-
 50 BIL+Asn;0.766,254.082,1+ALB+gGT+NEFA+BHBA+Glc+Asn;0.76
 6,253.278,1+ALB+BUN+Lys+Tyr+Phe+Trp;0.766,249.614,1+Ala+Trp
 +ALB+BUN;0.766,251.487,1+Ala+Trp+ALB+BUN+BHBA;0.766,250.584,
 1+ALB+BUN+ALT+gGT+Thr+Lys;0.766,252.851,1+ALB+AST+gGT+T-BIL
 +Asn+Lys;0.766,253.234,1+Ala+Trp+TCHO+TG+ALB+BUN;0.766,253.
 55 402,1+ALB+Ca+NEFA+Glc+Asn+Orn;0.766,254.226,1+ALB+gGT+NEFA+
 BHBA+Asn+Orn;0.766,252.545,1+ALB+NEFA+Asn+Arg+Asp+Phe;0.766,
 252.698,1+Ala+BCAA+Trp+ALB+BUN+TP;0.766,252.907,1+Ala+Trp+G
 lc+ALB+BUN+TP;0.766,252.794,1+ALB+AST+T-BIL+BHBA+Asn+Thr;0.
 766,251.011,1+ALB+AST+Asn+3MeHis+Arg+Phe;0.766,251.297,1+AL
 60 B+AST+gGT+NEFA+Asn+Arg;0.766,251.358,1+ALB+Ca+AST+NEFA+Glc+ Asn;0.766,252.116,1+ALB+Ca+AST+T-
 BIL+His+Asn;0.766,253.156, 1+ALB+Asn+Arg+Asp+Lys+Val;0.766,253.362,1+Ala+Trp+gGT+ALB+B UN+NEFA;
 0.766, 250.512,1+ALB+BUN+ALT+gGT+Lys+Ile; 0.766, 251.9 03,1+ALB+AST+gGT+NEFA+T-
 BIL+Asn;0.766,252.499,1+ALB+AST+BHB A+Asn+Orn+Lys;0.766,250.400,1+ALB+BUN+ALT+Arg+Thr+Ile;0.766,
 251.371,1+ALB+Ca+AST+NEFA+Asn+Orn;0.766,253.219,1+ALB+Ca+Gl
 65 c+Asn+Arg+Thr;0.766,251.864,1+ALB+ALT+Orn+Tyr+Phe+Trp;0.766,
 248.153,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Asp+Trp;0.766,251.283,1+ALB+AST+

NEFA+BHBA+Asn+Arg;0.766,252.357,1+ALB+Ca+AST+His+Asn+Thr;0.766,255.341,1+ALB+Ca+T-BIL+BHBA+Asn+Lys;0.766,253.586,1+Ala+Trp+Glc+TG+ALB+BUN;0.766,250.198,1+ALB+BUN+ALT+T-BIL+Arg+Lys;0.766,251.760,1+ALB+AST+Glc+Asn+Orn+Lys;0.766,249.718,1+Ala+Trp+AST+ALB+BUN;0.766,250.547,1+ALB+BUN+ALT+T-BIL+Thr+Lys;0.766,251.712,1+Ala+Trp+Glc+AST+ALB+BUN;0.766,252.325,1+ALB+AST+T-BIL+BHBA+Asn+Orn;0.766,254.336,1+ALB+Ca+BHBA+His+Asn+Thr;0.766,254.167,1+ALB+Ca+NEFA+Asn+Orn+Lys;0.766,254.856,1+ALB+T-BIL+Asn+Arg+Orn+Lys;0.766,252.896,1+ALB+Asn+Asp+Orn+Lys+Val;0.766,250.664,1+ALB+BUN+ALT+gGT+NEFA+Lys;0.766,251.570,1+Ala+Trp+AST+gGT+ALB+BUN;0.766,252.447,1+ALB+AST+Asn+Arg+Lys+Phe;0.766,251.584,1+ALB+Ca+AST+NEFA+Asn+Lys;0.766,252.609,1+ALB+Ca+AST+T-BIL+Asn+Thr;0.766,253.253,1+Ala+BCAA+Trp+ALB+BUN+Ca;0.766,253.305,1+Ala+BCAA+Trp+gGT+ALB+BUN;0.766,252.642,1+Ala+Trp+ALB+BUN+TP+BHBA;0.766,249.406,1+ALB+BUN+ALT+3MeHis+Arg+Lys;0.766,252.940,1+ALB+AST+T-BIL+BHBA+Asn+Lys;0.766,249.272,1+ALB+BUN+3MeHis+Asp+Orn+Lys;0.766,252.595,1+ALB+AST+Asn+Arg+Lys+Val;0.766,253.271,1+ALB+Ca+NEFA+T-BIL+Asn+Arg;0.766,253.143,1+Ala+Trp+TCHO+ALB+BUN+BHBA;0.766,254.763,1+ALB+Asn+Arg+Orn+Lys+Phe;0.766,254.123,1+ALB+gGT+NEFA+Asn+Arg+Lys;0.766,251.359,1+ALB+ALT+3MeHis+Orn+Val+Phe;0.766,253.447,1+Ala+Trp+TG+ALB+BUN+BHBA;0.766,248.952,1+ALB+BUN+3MeHis+Asp+Lys+Val;0.766,250.735,1+Trp+ALT+ALB+BUN+TP+BHBA;0.766,251.477,1+Ala+Trp+AST+ALB+BUN+BHBA;0.766,253.887,1+Ala+Gly+Trp+TG+AST+ALB;0.766,254.289,1+ALB+Ca+gGT+His+Asn+Thr;0.766,251.258,1+Ala+Trp+TCHO+ALB+BUN;0.766,255.127,1+ALB+Ca+gGT+BHBA+Asn+Ile;0.766,253.997,1+ALB+T-BIL+Glc+Asn+Arg+Orn;0.766,254.862,1+ALB+BHBA+Asn+Arg+Orn+Lys;0.766,252.981,1+ALB+gGT+Glc+Asn+Arg+Thr;0.766,253.355,1+Ala+Trp+ALB+BUN+NEFA+BHBA;0.766,250.645,1+ALB+BUN+ALT+gGT+T-BIL+Lys;0.766,250.160,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+3MeHis+Lys;0.766,250.375,1+ALB+BUN+ALT+Glc+His+Lys;0.766,250.766,1+ALB+AST+Asn+Arg+Asp+Val;0.765,252.052,1+ALB+Ca+AST+Glc+Asn+Thr;0.765,253.462,1+Ala+Trp+gGT+ALB+BUN+BHBA;0.765,253.231,1+Ala+Trp+TG+ALB+BUN+NEFA;0.765,250.021,1+ALB+BUN+ALT+3MeHis+Lys+Tyr;0.765,250.626,1+ALB+BUN+ALT+Thr+Orn+Lys;0.765,252.150,1+ALB+AST+NEFA+Asn+3MeHis+Val;0.765,252.439,1+ALB+AST+gGT+Asn+Orn+Lys;0.765,249.579,1+ALB+BUN+AST+ALT+Arg+Trp;0.765,250.313,1+ALB+BUN+ALT+His+Lys+Ile;0.765,250.509,1+ALB+AST+Asn+Arg+Asp+Orn;0.765,253.503,1+Ala+Trp+TG+ALB+BUN+Ca;0.765,252.494,1+Ala+Trp+TCHO+ALB+BUN+TP;0.765,253.258,1+Ala+Trp+Glc+TCHO+ALB+BUN;0.765,254.410,1+ALB+Ca+T-BIL+Glc+Asn+Lys;0.765,253.361,1+ALB+gGT+NEFA+T-BIL+Asn+Arg;0.765,249.409,1+ALB+BUN+3MeHis+Asp+Lys+Tyr;0.765,249.848,1+ALB+BUN+AST+ALT+3MeHis+Lys;0.765,248.070,1+ALB+AST+Asn+3MeHis+Asp+Phe;0.765,252.254,1+ALB+AST+gGT+Asn+Arg+Orn;0.765,250.284,1+ALB+BUN+Ca+ALT+His+Lys;0.765,254.160,1+ALB+Ca+gGT+His+Asn+Ile;0.765,253.244,1+Ala+Trp+TCHO+gGT+ALB+BUN;0.765,250.845,1+ALB+BUN+Asp+Lys+Val+Trp;0.765,247.227,1+ALB+BUN+AST+ALT+Asp+Lys;0.765,252.435,1+ALB+AST+gGT+BHBA+Asn+Orn;0.765,252.449,1+ALB+AST+Asn+Orn+Lys+Phe;0.765,254.946,1+ALB+gGT+T-BIL+BHBA+Asn+Orn;0.765,253.551,1+Ala+Trp+TG+gGT+ALB+BUN;0.765,250.430,1+ALB+BUN+ALT+BHBA+Thr+Lys;0.765,250.640,1+ALB+BUN+ALT+Glc+Thr+Lys;0.765,252.297,1+ALB+AST+Asn+Arg+Orn+Lys;0.765,253.242,1+ALB+Ca+Asn+Arg+Thr+Lys;0.765,253.525,1+ALB+BUN+Orn+Lys+Val+Trp;0.765,250.857,1+BCAA+Trp+ALT+ALB+BUN+TP;0.765,253.203,1+ALB+AST+gGT+BHBA+Asn+Lys;0.765,254.899,1+ALB+Ca+T-BIL+Asn+Orn+Lys;0.765,254.114,1+ALB+BHBA+Glc+Asn+Orn+Lys;0.765,254.960,1+ALB+gGT+BHBA+Asn+Orn+Lys;0.765,254.160,1+ALB+gGT+NEFA+Asn+Arg+Orn;0.765,251.584,1+Ala+Trp+gGT+ALB+BUN;0.765,251.610,1+Ala+Trp+Glc+ALB+BUN;0.765,250.188,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Arg+Lys;0.765,250.508,1+ALB+AST+Asn+Asp+Orn+Lys;0.765,254.133,1+ALB+Ca+NEFA+Asn+Arg+Orn;0.765,254.106,1+ALB+T-BIL+BHBA+Glc+Asn+Orn;0.765,254.993,1+ALB+T-BIL+BHBA+Asn+Arg+Lys;0.765,252.683,1+Ala+Trp+ALB+BUN+TP+NEFA;0.765,250.734,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Orn+Lys;0.765,251.659,1+ALB+AST+Glc+Asn+Arg+Orn;0.765,252.294,1+ALB+AST+BHBA+Asn+Arg+Orn;0.765,247.658,1+ALB+BUN+AST+ALT+Asp+Trp;0.765,249.442,1+ALB+AST+Asn+Asp+Tyr+Val;0.765,253.301,1+Ala+Trp+ALB+BUN+Ca+NEFA;0.765,255.459,1+ALB+Ca+T-BIL+BHBA+Asn+Thr;0.765,254.487,1+ALB+Ca+gGT+NEFA+T-BIL+Asn;0.765,254.186,1+ALB+T-

BIL+Glc+Asn+Arg+Lys;0.765,253.756,1+ALB+gGT+T-B
 IL+Asn+Arg+Thr;0.765,253.638,1+ALB+BUN+NEFA+Lys+Val+Phe;0.7
 65,248.945,1+Trp+ALT+ALB+BUN+TP;0.765,250.052,1+ALB+BUN+ALT
 +3MeHis+Lys+Val;0.765,250.252,1+ALB+BUN+ALT+Arg+Orn+Lys;0.7
 5 65,250.234,1+ALB+BUN+ALT+Glc+Arg+Lys;0.765,250.700,1+ALB+BU N+ALT+T-
 BIL+Orn+Lys;0.765,251.271,1+Ala+Trp+AST+ALB+BUN+NEF
 A;0.765,251.730,1+ALB+AST+gGT+Glc+Asn+Orn;0.765,251.476,1+ALB+AST+T-
 BIL+Glc+Asn+Orn;0.765,251.940,1+ALB+AST+NEFA+Asn+3
 MeHis+Phe;0.765,249.588,1+ALB+AST+NEFA+Asn+Asp+Phe;0.765,25
 10 1.491,1+Ala+Trp+TCHO+AST+ALB+BUN;0.765,252.947,1+Ala+Trp+TC
 HO+ALB+BUN+NEFA;0.765,254.798,1+ALB+T-BIL+BHBA+Asn+Arg+Orn;
 0.765,250.229,1+ALB+BUN+ALT+Arg+Lys+Val;0.765,253.582,1+Ala
 +Trp+Glc+gGT+ALB+BUN;0.765,250.264,1+ALB+BUN+ALT+Arg+Lys+Ty
 r;0.765,253.400,1+Ala+Trp+ALB+BUN+Ca+BHBA;0.765,254.088,1+A
 15 LB+Glc+Asn+Arg+Orn+Lys;0.765,254.048,1+ALB+BHBA+Glc+Asn+Arg
 +Orn;0.765,252.929,1+ALB+Asn+Asp+Lys+Val+Phe;0.765,250.728,
 1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Lys+Val;0.765,250.742,1+ALB+BUN+ALT+NEFA
 +Glc+Lys;0.765,252.272,1+ALB+AST+gGT+T-BIL+Asn+Orn;0.765,25
 4.326,1+ALB+Ca+gGT+NEFA+Asn+Lys;0.765,252.834,1+ALB+Asn+Asp
 +Orn+Lys+Phe;0.765,252.867,1+ALB+Asn+Arg+Asp+Lys+Phe;0.765, 250.710,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+T-
 20 BIL+Lys;0.765,251.124,1+ALB+BU N+Asp+Orn+Lys+Trp;0.765,252.728,1+ALB+AST+gGT+T-BIL+Asn+Th
 r;0.765,254.959,1+ALB+Ca+T-BIL+BHBA+Asn+Orn;0.765,251.434,1
 +ALB+BUN+Asp+Tyr+Phe+Trp;0.765,250.944,1+Trp+ALT+gGT+ALB+BU
 N+TP;0.765,250.321,1+ALB+BUN+AST+ALT+Lys+Ile;0.765,252.153,
 25 1+ALB+AST+Asn+Arg+Orn+Phe;0.765,252.070,1+Ala+Gly+Trp+AST+A
 LB;0.765,254.770,1+ALB+Ca+Asn+Arg+Orn+Lys;0.765,253.119,1+A
 LB+Asn+Arg+Asp+Orn+Lys;0.765,254.946,1+ALB+gGT+T-BIL+Asn+Or
 n+Lys;0.765,253.820,1+ALB+gGT+BHBA+Asn+Arg+Thr;0.765,250.24
 1,1+ALB+BUN+ALT+gGT+Arg+Lys;0.765,251.595,1+ALB+AST+BHBA+Gl
 30 c+Asn+Orn;0.765,252.066,1+ALB+BUN+AST+Lys+Val+Trp;0.765,254.
 033,1+Ala+Gly+Trp+AST+ALB+BHBA;0.765,251.528,1+Ala+Trp+ALB+
 BUN+Ca;0.765,254.333,1+ALB+Ca+gGT+NEFA+Asn+Orn;0.764,253.99
 3,1+ALB+gGT+NEFA+BHBA+Asn+Arg;0.764,249.592,1+ALB+BUN+3MeHi
 s+Arg+Asp+Lys;0.764,250.841,1+Trp+TG+ALT+ALB+BUN+TP;0.764,2
 35 50.101,1+ALB+BUN+ALT+BHBA+Arg+Lys;0.764,252.690,1+ALB+Ca+AS
 T+gGT+His+Asn;0.764,251.932,1+ALB+ALT+3MeHis+Orn+Tyr+Phe;0.
 764,250.633,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Lys+Tyr;0.764,250.384,1+ALB+
 AST+Asn+Asp+Lys+Phe;0.764,251.661,1+Ala+Trp+AST+ALB+BUN+Ca;
 0.764,253.172,1+Ala+Trp+TCHO+ALB+BUN+Ca;0.764,253.846,1+ALB
 40 +BUN+3MeHis+Orn+Val+Phe;0.764,250.788,1+ALB+BUN+ALT+gGT+Glc
 +Lys;0.764,252.744,1+ALB+AST+gGT+BHBA+His+Asn;0.764,250.710, 1+ALB+BUN+ALT+T-
 BIL+Glc+Lys;0.764,250.995,1+ALB+ALT+3MeHis+
 Arg+Tyr+Phe;0.764,248.170,1+ALB+BUN+AST+3MeHis+Asp+Lys;0.76
 4,252.373,1+ALB+Ca+AST+Asn+Orn+Lys;0.764,253.500,1+Ala+Trp+
 45 gGT+ALB+BUN+Ca;0.764,254.202,1+ALB+Ca+gGT+Glc+Asn+Thr;0.764,
 250.940,1+Trp+Glc+ALT+ALB+BUN+TP;0.764,250.269,1+ALB+BUN+AS T+ALT+T-
 BIL+Lys;0.764,253.873,1+ALB+Ca+T-BIL+Asn+Arg+Thr;0.
 764,248.074,1+ALB+BUN+ALT+3MeHis+Arg+Asp;0.764,253.248,1+Al
 a+Gly+Trp+TG+ALT+ALB;0.764,250.318,1+ALB+BUN+AST+ALT+NEFA+L ys;
 50 0.764,252.831,1+ALB+Ca+AST+BHBA+Asn+Thr; 0.764,253.524,1 +
 Ala+Trp+Glc+ALB+BUN+Ca;0.764,254.161,1+ALB+Ca+NEFA+BHBA+Glc +Asn;0.764,255.035,1+ALB+Ca+gGT+T-
 BIL+Asn+Ile;0.764,253.019, 1+ALB+Asn+Asp+Orn+Val+Phe;0.764,253.459,1+ALB+BUN+Arg+Lys+V
 al+Trp;0.764,252.259,1+ALB+BUN+AST+3MeHis+Lys+Phe;0.764,250.
 631,1+Trp+TCHO+ALT+ALB+BUN+TP;0.764,253.956,1+ALB+gGT+BHBA+
 55 Glc+Asn+Thr;0.764,250.498,1+ALB+BUN+ALT+gGT+BHBA+Lys;0.764,
 252.101,1+ALB+ALT+Arg+Orn+Tyr+Phe;0.764,250.326,1+ALB+BUN+A
 ST+ALT+gGT+Lys;0.764,253.597,1+ALB+AST+Asn+Tyr+Val+Phe;0.76
 4,251.441,1+ALB+BUN+AST+3MeHis+Lys+Trp;0.764,251.698,1+ALB+ AST+T-
 BIL+Glc+Asn+Arg;0.764,254.061,1+Ala+Gly+Trp+AST+ALB+N
 60 EFA;0.764,253.815,1+Ala+Gly+Trp+AST+gGT+ALB;0.764,252.807,1
 +Ala+Trp+ALB+BUN+TP+Ca;0.764,254.503,1+ALB+Ca+NEFA+T-BIL+BH
 BA+Asn;0.764,253.139,1+ALB+BUN+NEFA+Lys+Val+Trp;0.764,253.4
 87,1+ALB+BUN+3MeHis+Lys+Tyr+Phe;0.764,250.469,1+ALB+BUN+ALT
 +Orn+Lys+Ile;0.764,252.444,1+ALB+BUN+3MeHis+Lys+Phe+Trp;0.7
 65 64,249.768,1+ALB+BUN+3MeHis+Asp+Phe+Trp;0.764,250.097,1+ALB
 +BUN+ALT+Arg+Thr+Lys;0.764,249.920,1+ALB+BUN+ALT+His+Arg+Th

r;0.764,253.026,1+ALB+AST+gGT+BHBA+Asn+Thr;0.764,251.903,1+
 Ala+Gly+Trp+ALT+AST+ALB;0.764,251.608,1+Trp+TCHO+ALT+gGT+AL
 B+BUN;0.764,254.786,1+ALB+Ca+BHBA+Asn+Arg+Orn;0.764,254.012,
 1+ALB+gGT+Glc+Asn+Orn+Lys;0.764,253.054,1+ALB+Asn+Arg+Asp+O rn+Val;0.764,252.411,1+ALB+AST+T-
 5 BIL+Asn+Arg+Lys;0.764,252.667,1+ALB+AST+gGT+Asn+Arg+Lys;0.764,250.927,1+ALB+ALT+Arg+T
 hr+Lys+Ile;0.764,254.197,1+ALB+Ca+gGT+T-BIL+His+Asn;0.764,2
 51.211,1+ALB+BUN+Arg+Asp+Lys+Trp;0.764,250.384,1+ALB+BUN+AL
 T+BHBA+Lys+Ile;0.764,253.559,1+ALB+BUN+Orn+Val+Phe+Trp;0.76
 4,250.762,1+ALB+BUN+ALT+gGT+Orn+Lys;0.764,250.517,1+ALB+BUN
 10 +Ca+ALT+Lys+Ile;0.764,254.786,1+ALB+Ca+T-BIL+Asn+Arg+Orn;0.
 764,254.028,1+ALB+Ca+NEFA+BHBA+Asn+Arg;0.764,254.066,1+ALB+ Ca+T-
 BIL+Glc+Asn+Orn;0.764,254.923,1+ALB+Asn+Arg+Lys+Val+Ph e;0.764,250.578,1+ALB+BUN+ALT+T-
 BIL+BHBA+Lys;0.764,250.608, 1+ALB+BUN+ALT+Lys+Tyr+Val;0.764,252.665,1+ALB+AST+BHBA+Asn+
 Arg+Lys;0.764,251.712,1+ALB+Ca+AST+Glc+Asn+Orn;0.764,254.28
 15 5,1+ALB+BHBA+Glc+Asn+Arg+Lys;0.764,254.324,1+ALB+T-BIL+BHBA
 +Glc+Asn+Arg;0.764,250.993,1+ALB+BUN+NEFA+Asp+Lys+Trp;0.764,
 252.373,1+ALB+AST+gGT+NEFA+BHBA+Asn;0.764,250.784,1+Trp+ALT
 +ALB+BUN+TP+Ca;0.764,254.930,1+ALB+Ca+BHBA+Asn+Orn+Lys;0.76
 4,252.934,1+ALB+BUN+3MeHis+Lys+Tyr+Trp;0.764,249.496,1+ALB+
 20 BUN+NEFA+3MeHis+Asp+Lys;0.764,250.958,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Or
 n+Trp;0.764,251.043,1+ALB+BUN+ALT+Orn+Val+Trp;0.764,251.223,
 1+ALB+BUN+Asp+Lys+Phe+Trp;0.764,251.797,1+ALB+ALT+Arg+Val+P
 he+Trp;0.764,252.729,1+ALB+AST+Asn+3MeHis+Tyr+Val;0.763,253.
 894,1+ALB+BUN+NEFA+Lys+Tyr+Phe;0.763,250.598,1+ALB+BUN+ALT+
 25 Glc+Lys+Ile;0.763,252.495,1+ALB+AST+gGT+Glc+Asn+Lys;0.763,2
 50.106,1+Trp+ALT+AST+ALB+BUN+TP;0.763,252.218,1+ALB+Ca+AST+ T-
 BIL+Asn+Orn;0.763,252.355,1+ALB+Ca+AST+BHBA+Asn+Orn;0.763,
 250.132,1+ALB+BUN+Ca+ALT+Arg+Lys;0.763,254.738,1+ALB+gGT+As
 n+Arg+Orn+Lys;0.763,251.910,1+Trp+TG+ALT+gGT+ALB+BUN;0.763,
 30 252.029,1+ALB+ALT+NEFA+Arg+Tyr+Phe;0.763,255.142,1+ALB+Ca+g
 GT+NEFA+BHBA+Asn;0.763,254.405,1+ALB+gGT+BHBA+Glc+Asn+Lys;0.
 763,253.628,1+ALB+BUN+Lys+Tyr+Val+Trp;0.763,250.899,1+Trp+A
 LT+ALB+BUN+TP+NEFA;0.763,252.649,1+ALB+ALT+NEFA+Orn+Tyr+Ph
 e;0.763,251.380,1+ALB+ALT+3MeHis+Lys+Val+Phe;0.763,251.115,
 35 1+ALB+BUN+ALT+Arg+Thr+Orn;0.763,254.036,1+Ala+Gly+Trp+Glc+A
 ST+ALB;0.763,254.824,1+ALB+Ca+gGT+Asn+Orn+Lys;0.763,253.807,
 1+ALB+BUN+Arg+Tyr+Phe+Trp;0.763,250.565,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+
 BHBA+Lys;0.763,252.796,1+Ala+Trp+gGT+ALB+BUN+TP;0.763,250.1
 74,1+ALB+BUN+AST+ALT+His+Lys;0.763,251.143,1+ALB+BUN+ALT+NE
 40 FA+Arg+Thr;0.763,250.583,1+ALB+BUN+Ca+ALT+Thr+Lys;0.763,254.
 124,1+ALB+Ca+BHBA+Glc+Asn+Thr;0.763,253.946,1+ALB+Ca+BHBA+A
 sn+Arg+Thr;0.763,251.163,1+ALB+BUN+ALT+Glc+Arg+Thr;0.763,25
 3.441,1+ALB+BUN+NEFA+His+Thr+Lys;0.763,250.483,1+ALB+AST+As
 n+Arg+Asp+Phe;0.763,252.193,1+ALB+Ca+AST+Asn+Arg+Orn;0.763,
 45 254.048,1+ALB+Ca+Glc+Asn+Arg+Orn;0.763,254.000,1+ALB+Ca+gGT
 +NEFA+Glc+Asn;0.763,253.993,1+ALB+BUN+NEFA+Val+Phe+Trp;0.76 3,253.930,1+ALB+gGT+T-
 BIL+Glc+Asn+Orn;0.763,251.067,1+ALB+A LT+Asp+Orn+Tyr+Phe;0.763,253.213,1+ALB+BUN+NEFA+Lys+Phe+Tr
 p;0.763,250.928,1+ALB+BUN+ALT+3MeHis+Orn+Trp;0.763,249.894,
 1+ALB+BUN+AST+ALT+Arg+Lys;0.763,253.933,1+ALB+BUN+gGT+NEFA+
 50 His+Lys;0.763,250.372,1+ALB+ALT+Arg+Asp+Phe+Trp;0.763,250.0
 47,1+Trp+ALT+gGT+ALB+BUN;0.763,251.907,1+BCAA+Trp+ALT+gGT+A
 LB+BUN;0.763,253.910,1+ALB+BUN+NEFA+Tyr+Phe+Trp;0.763,250.2
 80,1+ALB+AST+Asn+Asp+Orn+Phe;0.763,253.641,1+ALB+BUN+T-BIL+
 His+Thr+Lys;0.763,254.720,1+ALB+gGT+BHBA+Asn+Arg+Orn;0.763, 254.738,1+ALB+gGT+T-
 55 BIL+Asn+Arg+Orn;0.763,250.683,1+ALB+BUN +ALT+Orn+Lys+Tyr;0.763,252.460,1+ALB+AST+T-
 BIL+BHBA+Asn+Ar g;0.763,251.542,1+Trp+TCHO+TG+ALT+ALB+BUN;0.763,252.319,1+A
 LB+Ca+AST+gGT+Asn+Orn;0.763,251.162,1+ALB+BUN+ALT+T-BIL+Arg + Thr; 0.763,253.723,
 1+Ala+Gly+Trp+TCHO+AST+ALB; 0.763, 253.024,
 1+ALB+Asn+Arg+Asp+Orn+Phe;0.763,252.039,1+Trp+Glc+ALT+gGT+A
 60 LB+BUN;0.763,253.647,1+ALB+BUN+Arg+Lys+Tyr+Trp;0.763,251.75
 1,1+ALB+ALT+Arg+Orn+Phe+Trp;0.763,252.139,1+ALB+ALT+Lys+Tyr
 +Phe+Trp;0.763,252.593,1+ALB+AST+Asn+Arg+Val+Phe;0.763,252.
 300,1+ALB+Ca+AST+NEFA+BHBA+Asn;0.763,255.262,1+ALB+Ca+gGT+T -
 BIL+Asn+Lys;0.763,250.817,1+ALB+BUN+ALT+Glc+Orn+Lys;0.763,
 65 253.842,1+Ala+Gly+BCAA+Trp+AST+ALB;0.763,250.712,1+ALB+BUN+
 Ca+ALT+gGT+Lys;0.763,252.454,1+ALB+Ca+AST+BHBA+His+Asn;0.76

3,252.095, 1+ALB+AST+gGT+Glc+Asn+Arg; 0.763,252.102, 1+ALB+BUN
 +AST+Lys+Phe+Trp; 0.763,253.736, 1+ALB+Ca+gGT+Asn+Arg+Thr; 0.7
 63,253.144, 1+ALB+BUN+3MeHis+Orn+Phe+Trp; 0.763,253.172, 1+ALB
 +BUN+3MeHis+Val+Phe+Trp; 0.763,250.813, 1+ALB+BUN+ALT+Orn+Lys
 5 +Val; 0.763,254.430, 1+ALB+Ca+gGT+BHBA+His+Asn; 0.763,254.332,
 1+ALB+Ca+Glc+Asn+Arg+Lys; 0.763,254.135, 1+ALB+Ca+Glc+Asn+Orn
 +Lys; 0.762,250.592, 1+ALB+BUN+ALT+BHBA+Glc+Lys; 0.762,250.315,
 1+ALB+BUN+AST+ALT+Thr+Lys; 0.762,250.547, 1+ALB+BUN+AST+ALT+G
 lc+Lys; 0.762,251.162, 1+ALB+BUN+ALT+gGT+Arg+Thr; 0.762,251.84
 10 6, 1+ALB+ALT+3MeHis+Lys+Tyr+Phe; 0.762,252.061, 1+ALB+AST+Glc+ Asn+Arg+Lys; 0.762,251.139,
 1+ALB+BUN+ALT+BHBA+Arg+Thr; 0.762,
 251.282, 1+ALB+Ca+AST+NEFA+Asn+Arg; 0.762,254.191, 1+ALB+BUN+3
 MeHis+Lys+Tyr+Val; 0.762,252.024, 1+ALB+ALT+Orn+Lys+Phe+Trp; 0.
 762,252.228, 1+ALB+ALT+NEFA+Orn+Phe+Trp; 0.762,255.292, 1+ALB+ Ca+gGT+T-
 15 BIL+Asn+Thr; 0.762,254.880, 1+ALB+Ca+gGT+BHBA+Asn+Or n; 0.7 62,253.773, 1+ALB+BUN+Orn+Tyr+Phe + Trp;
 0.762,248.581, 1+A LB+ALT+3MeHis+Asp+Lys+Phe; 0.762,252.409, 1+ALB+ALT+Orn+Lys+V
 al+Phe; 0.762,250.471, 1+ALB+ALT+Asp+Orn+Phe+Trp; 0.762,251.87
 7, 1+ALB+ALT+NEFA+Arg+Phe+Trp; 0.762,252.219, 1+ALB+ALT+Arg+Th
 r+Orn+Ile; 0.762,253.012, 1+ALB+Ca+AST+gGT+Asn+Thr; 0.762,254. 879, 1+ALB+Ca+gGT+T-
 20 BIL+Asn+Orn; 0.762,252.665, 1+ALB+BUN+3MeH
 is+Arg+Lys+Trp; 0.762,251.128, 1+ALB+AST+ALT+Arg+Phe+Trp; 0.76
 2,252.286, 1+ALB+BUN+AST+Orn+Lys+Trp; 0.762,253.209, 1+ALB+BUN
 +AST+3MeHis+Lys+Val; 0.762,251.471, 1+ALB+AST+ALT+Arg+Tyr+Tr
 p; 0.762,251.859, 1+ALB+BUN+AST+NEFA+Lys+Trp; 0.762,254.763, 1+
 25 ALB+AST+NEFA+Orn+Lys+Ile; 0.762,250.932, 1+ALB+AST+ALT+Arg+Ly
 s+Ile; 0.762,250.638, 1+ALB+BUN+Ca+ALT+T-BIL+Lys; 0.762,252.05
 6, 1+ALB+Ca+AST+Glc+Asn+Arg; 0.762,253.623, 1+ALB+BUN+Orn+Lys+
 Phe+Trp; 0.762,252.169, 1+ALB+BUN+AST+Arg+Lys+Trp; 0.762,252.3
 48, 1+ALB+ALT+BHBA+Arg+Thr+Ile; 0.762,253.861, 1+ALB+BUN+Orn+L
 ys+Tyr+Trp; 0.762,252.624, 1+ALB+ALT+NEFA+Orn+Val+Phe; 0.762,2
 49.895, 1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Arg+Asp; 0.762,249.773, 1+ALB+BUN+A
 LT+Arg+Asp+Orn; 0.762,250.241, 1+ALB+BUN+AST+ALT+BHBA+Lys; 0.7
 62,250.389, 1+ALB+BUN+AST+Asp+Phe+Trp; 0.762,253.057, 1+ALB+Ca
 +AST+BHBA+Asn+Lys; 0.762,254.522, 1+ALB+Ca+gGT+Glc+Asn+Lys; 0.
 35 762,255.024, 1+ALB+Ca+BHBA+Asn+Arg+Lys; 0.762,253.077, 1+ALB+B
 UN+NEFA+3MeHis+Lys+Phe; 0.762,250.584, 1+ALB+BUN+ALT+BHBA+Orn
 +Lys; 0.762,252.060, 1+ALB+ALT+Lys+Val+Phe+Trp; 0.762,253.960,
 1+ALB+gGT+BHBA+Glc+Asn+Orn; 0.762,254.916, 1+ALB+gGT+T-BIL+As n+Arg+Lys; 0.762,251.984, 1+ALB+AST+T-
 BIL+Glc+Asn+Lys; 0.762,2 52.489, 1+ALB+BUN+AST+NEFA+Lys+Phe; 0.762,252.469, 1+ALB+AST+g GT+T-
 40 BIL+Asn+Arg; 0.762,250.676, 1+ALB+BUN+Ca+ALT+NEFA+Lys; 0. 762,254.949, 1+ALB+Ca+T-
 BIL+Asn+Arg+Lys; 0.762,253.604, 1+ALB+ BUN+Arg+Lys+Phe+Trp; 0.762,251.085, 1+ALB+BUN+3MeHis+Asp+Orn+
 Phe; 0.762,253.030, 1+ALB+ALT+NEFA+Tyr+Phe+Trp; 0.762,255.087, 1+ALB+Ca+T-
 BIL+BHBA+Asn+Arg; 0.762,255.383, 1+ALB+Ca+gGT+BHBA +Asn+Lys; 0.762,253.668, 1+ALB+BUN+T-
 BIL+His+Orn+Lys; 0.762,25 1.619, 1+ALB+ALT+3MeHis+Orn+Phe+Trp; 0.762,252.195, 1+ALB+AST+
 45 BHBA+Glc+Asn+Lys; 0.762,254.777, 1+ALB+BUN+His+Thr+Lys+Ile; 0.
 762,249.542, 1+ALB+AST+ALT+Asp+Lys+Trp; 0.762,253.874, 1+ALB+g
 GT+Glc+Asn+Arg+Orn; 0.762,254.820, 1+ALB+gGT+T-BIL+BHBA+Glc+A
 sn; 0.762,252.459, 1+ALB+BUN+AST+3MeHis+Arg+Lys; 0.762,253.590,
 1+ALB+BUN+NEFA+His+Orn+Lys; 0.762,253.852, 1+ALB+BUN+NEFA+BHB
 50 A+His+Lys; 0.762,253.039, 1+ALB+BUN+AST+3MeHis+Orn+Phe; 0.762,
 249.882, 1+ALB+AST+ALT+Arg+Asp+Trp; 0.762,254.949, 1+ALB+gGT+T -
 BIL+BHBA+Asn+Arg; 0.762,254.972, 1+ALB+gGT+BHBA+Asn+Arg+Lys;
 0.762,252.025, 1+Gly+Trp+ALT+gGT+ALB+BUN; 0.762,253.618, 1+ALB
 +BUN+NEFA+Orn+Lys+Trp; 0.762,249.331, 1+ALB+ALT+3MeHis+Asp+Ph
 55 e+Trp; 0.762,250.489, 1+ALB+ALT+Asp+Tyr+Phe+Trp; 0.762,251.965,
 1+Trp+Glc+TG+ALT+ALB+BUN; 0.762,252.884, 1+ALB+BUN+NEFA+3MeHi
 s+Lys+Trp; 0.762,252.431, 1+ALB+AST+gGT+T-BIL+Glc+Asn; 0.762,2
 52.511, 1+ALB+ALT+NEFA+Arg+Thr+Ile; 0.762,253.710, 1+ALB+AST+N
 EFA+Arg+Lys+Ile; 0.762,250.740, 1+ALB+BUN+Ca+ALT+Orn+Lys; 0.76
 60 2,252.457, 1+ALB+Ca+AST+Glc+Asn+Lys; 0.762,254.485, 1+ALB+Ca+B
 HBA+Glc+Asn+Lys; 0.762,252.022, 1+ALB+BUN+Asp+Val+Phe+Trp; 0.7
 62,252.319, 1+ALB+BUN+AST+Lys+Tyr+Trp; 0.762,250.364, 1+ALB+BU
 N+AST+NEFA+Asp+Lys; 0.762,253.649, 1+ALB+BUN+AST+His+Orn+Lys;
 0.762,249.655, 1+Trp+TCHO+ALT+ALB+BUN; 0.762,255.398, 1+ALB+Ca
 65 +gGT+BHBA+Asn+Thr; 0.761,252.795, 1+ALB+BUN+Asp+Lys+Tyr+Phe; 0.
 761,252.947, 1+ALB+BUN+3MeHis+Orn+Lys+Trp; 0.761,253.259, 1+AL

B+Asn+Arg+Asp+Val+Phe;0.761,253.466,1+Ala+Gly+BCAA+Trp+ALT+ ALB;0.761,253.847,1+ALB+BUN+NEFA+T-BIL+His+Lys;0.761,252.535,1+ALB+ALT+gGT+Arg+Thr+Ile;0.761,253.130,1+ALB+Ca+AST+gGT+Asn+Lys;0.761,251.025,1+ALB+BUN+Ca+ALT+Arg+Thr;0.761,254.281,1+ALB+Ca+T-BIL+Glc+Asn+Arg;0.761,253.900,1+ALB+BUN+NEFA+3

5 MeHis+Lys+Val;0.761,254.306,1+ALB+BUN+3MeHis+Orn+Lys+Val;0.761,250.377,1+ALB+BUN+AST+ALT+Lys+Tyr;0.761,251.629,1+ALB+ALT+Arg+Lys+Phe+Trp;0.761,252.679,1+ALB+AST+Asn+3MeHis+Val+Phe;0.761,251.685,1+ALB+AST+ALT+Arg+Thr+Ile;0.761,254.180,1+ALB+Ca+gGT+NEFA+Asn+Arg;0.761,251.468,1+Ala+Gly+Trp+ALT+ALB,-0.761,251.939,

10 1+ALB+BUN+NEFA+Asp+Lys+Phe;0.761,248.742,1+ALB+ALT+3MeHis+Asp+Lys+Trp;0.761,251.829,1+ALB+BUN+ALT+3MeHis+Val+Trp;0.761,250.646,1+ALB+ALT+Arg+Asp+Tyr+Trp;0.761,250.960,1+ALB+BUN+ALT+Orn+Tyr+Trp;0.761,251.898,1+ALB+AST+BHBA+Glc+Asn+Arg;0.761,250.473,1+ALB+BUN+AST+ALT+Orn+Lys;0.761,

15 250.559,1+ALB+BUN+AST+ALT+Lys+Val;0.761,252.683,1+ALB+BUN+AST+T-BIL+His+Lys;0.761,253.507,1+ALB+BUN+3MeHis+Orn+Lys+Phe,-0.761,253.528,1+ALB+BUN+NEFA+Lys+Tyr+Trp;0.761,257.397,1+Ala+Gly+Trp+Glc+TG+ALB;0.761,253.893,1+ALB+BUN+NEFA+His+Lys+Ile;0.761,251.630,1+ALB+ALT+3MeHis+Orn+Lys+Phe;0.761,254.635,1+ALB+Ca+gGT+Asn+Arg+Orn;0.761,253.467,1+Ala+Gly+Trp+ALT+gGT+ALB;0.761,249.968,1+Trp+TG+ALT+ALB+BUN;0.761,252.120,1+ALB+ALT+NEFA+3MeHis+Orn+Phe;0.761,252.196,1+ALB+ALT+NEFA+Lys+Phe+Trp;0.761,251.374,1+ALB+ALT+NEFA+Arg+Lys+Ile;0.761,252.960,1+ALB+BUN+AST+NEFA+Lys+Ile;0.761,252.772,1+ALB+Ca+AST+T-BIL+Asn+Lys;0.761,254.093,1+ALB+Ca+BHBA+Glc+Asn+Orn;0.761,253.910,1+ALB+BUN+NEFA+Orn+Phe+Trp;

25 0.761,252.572,1+ALB+ALT+Orn+Lys+Tyr+Phe;0.761,254.254,1+ALB+BUN+His+Thr+Orn+Lys;0.761,253.097,1+ALB+AST+Asp+Lys+Tyr+Trp;0.761,252.585,1+ALB+Ca+AST+Asn+Arg+Lys;0.761,252.075,1+ALB+BUN+Asp+Orn+Phe+Trp;0.761,252.345,1+ALB+AST+ALT+Orn+Lys+Ile;0.761,254.042,1+ALB+gGT+T-BIL+Glc+Asn+Arg;0.761,253.413,1+Ala+Gly+Trp+Glc+ALB;0.761,253.819,1+ALB+BUN+Arg+Orn+Lys+Trp;0.761,249.536,1+ALB+BUN+ALT+Arg+Asp+Val;0.761,251.238,1+ALB+BUN+ALT+His+Arg+Orn;0.761,251.984,1+ALB+ALT+Arg+Lys+Tyr+Phe;0.761,252.711,1+ALB+AST+gGT+BHBA+Asn+Arg;0.761,252.544,1+ALB+AST+ALT+Tyr+Phe+Trp;0.761,251.647,1+Trp+Glc+TCHO+ALT+ALB+BUN;0.761,251.410,1+ALB+AST+ALT+Orn+Phe+Trp;0.761,253.067,1+ALB+BUN+Arg+Asp+Lys+Phe;0.761,254.260,1+ALB+BUN+NEFA+Thr+Lys+Ile;0.761,251.533,1+ALB+AST+ALT+NEFA+Arg+Trp;0.761,253.976,1+ALB+BUN+NEFA+Glc+His+Lys;0.761,251.284,1+ALB+BUN+ALT+His+Thr+Orn;0.761,251.516,1+BCAA+Trp+TCHO+ALT+ALB+BUN;0.761,251.294,1+ALB+ALT+3MeHis+Arg+Val+Phe;0.761,252.070,1+ALB+AST+ALT+NEFA+Orn+Phe;0.761,255.405,1+ALB+BUN+Thr+Orn+Lys+Ile;0.761,251.850,1+ALB+BUN+NEFA+Asp+Phe+Trp;0.761,253.665,1+ALB+BUN+3MeHis+Arg+Lys+Val;0.761,254.035,1+ALB+BUN+T-BIL+His+Lys+Ile;0.761,252.605,1+ALB+BUN+AST+NEFA+His+Lys;0.761,250.138,1+ALB+ALT+Asp+Lys+Phe+Trp;0.761,252.501,1+ALB+ALT+3MeHis+Tyr+Phe+Trp;

45 0.761,252.626,1+ALB+ALT+NEFA+Arg+Val+Phe;0.761,252.551,1+ALB+BUN+AST+NEFA+3MeHis+Lys;0.761,255.802,1+ALB+AST+T-BIL+Orn+Lys+Ile;0.761,251.356,1+ALB+AST+ALT+Arg+Orn+Trp;0.761,253.035,1+ALB+BUN+3MeHis+Arg+Phe+Trp;0.761,251.898,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+3MeHis+Trp;0.761,253.533,1+ALB+BUN+NEFA+3MeHis+Phe+Trp;0.761,254.803,1+ALB+BUN+His+Orn+Lys+Ile;0.761,252.311,1+ALB+AST+ALT+Orn+Tyr+Phe;0.761,252.389,1+ALB+AST+T-BIL+BHBA+Glc+Asn;0.761,251.493,1+ALB+AST+ALT+3MeHis+Orn+Phe;0.761,252.649,1+ALB+ALT+Thr+Orn+Lys+Ile;0.761,250.785,1+ALB+BUN+Ca+ALT+Glc+Lys;0.761,252.746,1+Ala+Gly+BCAA+ALT+ALB+BUN;0.761,

55 252.167,1+ALB+BUN+NEFA+Asp+Orn+Lys;0.761,251.831,1+ALB+ALT+NEFA+3MeHis+Lys+Phe;0.761,251.899,1+ALB+BUN+ALT+Glc+Arg+Orn;0.761,251.319,1+ALB+ALT+3MeHis+Arg+Lys+Val;0.761,250.640,1+ALB+BUN+AST+Asp+Orn+Trp;0.761,251.570,1+ALB+ALT+Arg+Orn+Lys+Ile;0.761,251.034,1+ALB+ALT+Arg+Asp+Tyr+Phe;0.761,252.126,1+ALB+BUN+NEFA+Asp+Lys+Tyr;0.761,251.588,1+ALB+AST+ALT+Arg+Val+Trp;0.761,251.987,1+BCAA+Trp+Glc+ALT+ALB+BUN;0.761,252.151,1+ALB+BUN+Arg+Asp+Phe+Trp;0.761,249.503,1+ALB+ALT+3MeHis+Asp+Orn+Phe;0.761,251.476,1+ALB+ALT+3MeHis+Lys+Phe+Trp;0.761,252.473,1+ALB+ALT+3MeHis+Val+Phe+Trp;0.761,252.894,1+ALB+BUN+AST+gGT+NEFA+Lys;0.761,253.493,1+ALB+Ca+AST+T-BIL+BHBA+Asn;0.761,253.310,1+ALB+BUN+3MeHis+Arg+Lys+Phe;0.761,25

65

4. 139, 1+ALB+BUN+NEFA+3MeHis+Lys+Tyr; 0.761, 251.983, 1+Gly+BCA
A+Trp+ALT+ALB+BUN; 0.761, 254.688, 1+ALB+BUN+gGT+NEFA+Lys+Ile;
0.761, 248.779, 1+ALB+ALT+3MeHis+Arg+Asp+Lys; 0.761, 251.916, 1+
5 Gly+Trp+TG+ALT+ALB+BUN; 0.761, 252.579, 1+ALB+ALT+NEFA+Lys+Tyr
+Phe; 0.761, 253.641, 1+ALB+AST+gGT+T-BIL+BHBA+Asn; 0.761, 252.4
83, 1+ALB+ALT+Glc+Arg+Thr+Ile; 0.760, 249.181, 1+ALB+ALT+3MeHis
+Arg+Asp+Phe; 0.760, 251.791, 1+BCAA+Trp+TG+ALT+ALB+BUN; 0.760,
254.575, 1+ALB+BUN+BHBA+His+Thr+Lys; 0.760, 250.332, 1+ALB+BUN+
10 AST+ALT+Orn+Trp; 0.760, 251.619, 1+ALB+AST+ALT+Lys+Phe+Trp; 0.7
60, 252.842, 1+ALB+ALT+Orn+Tyr+Val+Phe; 0.760, 249.991, 1+BCAA+T
rp+ALT+ALB+BUN; 0.760, 251.931, 1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Arg+Orn; 0.7
60, 252.230, 1+ALB+ALT+Arg+Lys+Val+Phe; 0.760, 254.075, 1+ALB+BU N+gGT+T-
BIL+His+Lys; 0.760, 254.140, 1+ALB+gGT+Glc+Asn+Arg+Ly
s; 0.760, 251.729, 1+ALB+ALT+Arg+Lys+Tyr+Trp; 0.760, 254.976, 1+A
15 LB+BUN+gGT+His+Thr+Lys; 0.760, 255.019, 1+ALB+AST+T-BIL+His+Or
n+Lys; 0.760, 250.542, 1+ALB+BUN+Ca+ALT+BHBA+Lys; 0.760, 251.292,
1+ALB+BUN+ALT+3MeHis+Arg+Val; 0.760, 251.923, 1+ALB+BUN+ALT+BH
BA+Arg+Orn; 0.760, 249.038, 1+ALB+BUN+AST+3MeHis+Asp+Trp; 0.760,
250.690, 1+ALB+BUN+AST+Arg+Asp+Trp; 0.760, 251.639, 1+ALB+ALT+B
20 HBA+Arg+Lys+Ile; 0.760, 251.640, 1+ALB+ALT+Glc+Arg+Lys+Ile; 0.7
60, 251.646, 1+Gly+Trp+TCHO+ALT+ALB+BUN; 0.760, 254.360, 1+ALB+C
a+BHBA+Glc+Asn+Arg; 0.760, 253.057, 1+Ala+Gly+Trp+TCHO+ALT+AL
B; 0.760, 250.857, 1+ALB+ALT+NEFA+Asp+Phe+Trp; 0.760, 252.163, 1+
ALB+BUN+NEFA+Asp+Lys+Val; 0.760, 252.367, 1+ALB+ALT+NEFA+Arg+O
25 rn+Phe; 0.760, 253.502, 1+ALB+BUN+NEFA+Arg+Lys+Trp; 0.760, 251.2
89, 1+ALB+BUN+ALT+3MeHis+Arg+Tyr; 0.760, 251.792, 1+ALB+BUN+ALT
+NEFA+Val+Trp; 0.760, 250.700, 1+ALB+ALT+Asp+Lys+Tyr+Phe; 0.760, 251.946, 1+ALB+BUN+ALT+T-
BIL+Arg+Orn; 0.760, 253.186, 1+ALB+ALT +Tyr+Val+Phe+Trp; 0.760, 254.320, 1+ALB+BUN+AST+Orn+Lys+Ile; 0.
760, 249.860, 1+ALB+BUN+AST+3MeHis+Asp+Phe; 0.760, 250.709, 1+AL
30 B+BUN+AST+ALT+Arg+Thr; 0.760, 252.193, 1+ALB+AST+ALT+NEFA+3MeH is+Lys; 0.760, 251.631, 1+ALB+ALT+T-
BIL+Arg+Lys+Ile; 0.760, 253.082, 1+ALB+BUN+AST+3MeHis+Orn+Lys; 0.760, 254.866, 1+ALB+BUN+GI
c+His+Orn+Lys; 0.760, 251.408, 1+ALB+AST+ALT+3MeHis+Lys+Trp; 0.
760, 252.440, 1+ALB+AST+ALT+NEFA+His+Lys; 0.760, 256.013, 1+ALB+
AST+His+Orn+Lys+Ile; 0.760, 252.448, 1+ALB+AST+ALT+NEFA+Lys+Ile; 0.760, 253.876,
35 1+ALB+BUN+Ca+NEFA+His+Lys; 0.760, 254.425, 1+A
LB+BUN+Tyr+Val+Phe+Trp; 0.760, 254.128, 1+ALB+BUN+NEFA+3MeHis+
Orn+Lys; 0.760, 254.279, 1+ALB+BUN+NEFA+Orn+Lys+Phe; 0.760, 251.
197, 1+ALB+ALT+NEFA+Arg+Asp+Phe; 0.760, 254.792, 1+ALB+BUN+Arg+
Thr+Lys+Ile; 0.760, 252.531, 1+ALB+ALT+NEFA+Lys+Val+Phe; 0.760,
40 251.050, 1+ALB+AST+ALT+Arg+Lys+Trp; 0.760, 251.077, 1+ALB+ALT+H
is+Arg+Lys+Ile; 0.760, 252.387, 1+ALB+Ca+AST+T-BIL+Glc+Asn; 0.7
60, 250.487, 1+ALB+BUN+Ca+AST+ALT+Lys; 0.760, 255.763, 1+ALB+BUN
+gGT+Thr+Lys+Ile; 0.760, 252.591, 1+ALB+ALT+Arg+Tyr+Val+Phe; 0.
760, 252.306, 1+ALB+ALT+Arg+Orn+Tyr+Trp; 0.760, 253.205, 1+ALB+B UN+AST+T-
45 BIL+Lys+Ile; 0.760, 254.691, 1+ALB+AST+Arg+Orn+Tyr+Tr
p; 0.760, 251.464, 1+ALB+Ca+ALT+Arg+Lys+Ile; 0.760, 250.124, 1+Tr
p+Glc+ALT+ALB+BUN; 0.760, 251.389, 1+ALB+BUN+ALT+NEFA+3MeHis+A
rg; 0.760, 251.853, 1+ALB+BUN+ALT+Arg+Orn+Tyr; 0.760, 252.501, 1+
ALB+ALT+NEFA+Arg+Tyr+Trp; 0.760, 254.866, 1+ALB+BUN+gGT+His+Or
50 n+Lys; 0.760, 250.248, 1+ALB+ALT+Asp+Lys+Tyr+Trp; 0.760, 251.141,
1+Trp+ALT+AST+gGT+ALB+BUN; 0.760, 252.419, 1+ALB+BUN+AST+Orn+P
he+Trp; 0.760, 251.642, 1+ALB+ALT+gGT+Arg+Lys+Ile; 0.760, 254.21
0, 1+ALB+AST+NEFA+His+Orn+Lys; 0.760, 253.971, 1+ALB+Ca+gGT+Glc
+Asn+Orn; 0.760, 252.211, 1+ALB+AST+ALT+Orn+Val+Phe; 0.760, 250.
55 517, 1+ALB+BUN+3MeHis+Arg+Asp+Trp; 0.760, 249.528, 1+ALB+ALT+3M
eHis+Arg+Asp+Trp; 0.760, 251.866, 1+ALB+BUN+ALT+Arg+Orn+Ile; 0.
760, 251.906, 1+ALB+BUN+ALT+NEFA+His+Arg; 0.760, 251.959, 1+ALB+
BUN+ALT+gGT+Arg+Orn; 0.760, 254.071, 1+ALB+BUN+T-BIL+Glc+His+L ys; 0.760, 254.072, 1+ALB+BUN+T-
BIL+BHBA+His+Lys; 0.760, 254.945, 1+ALB+BUN+Glc+His+Thr+Lys; 0.760, 252.393, 1+ALB+Ca+AST+T-BIL+
60 Asn+Arg; 0.760, 252.440, 1+ALB+Ca+ALT+Arg+Thr+Ile; 0.760, 254.11
6, 1+ALB+BUN+Arg+Val+Phe+Trp; 0.760, 255.037, 1+ALB+BUN+NEFA+Or
n+Val+Phe; 0.760, 254.673, 1+ALB+BUN+T-BIL+Thr+Lys+Ile; 0.760, 2
55.475, 1+Ala+Gly+Trp+TG+ALB; 0.760, 249.041, 1+ALB+BUN+ALT+3Me
His+Asp+Orn; 0.760, 250.821, 1+ALB+ALT+NEFA+Arg+Asp+Lys; 0.760,
65 252.111, 1+ALB+AST+ALT+Arg+Tyr+Phe; 0.760, 252.026, 1+ALB+BUN+A
ST+3MeHis+Phe+Trp; 0.760, 254.308, 1+ALB+BUN+AST+Thr+Lys+Ile; 0.

760,251.650, 1+ALB+BUN+Ca+ALT+Arg+Orn; 0.760,254.854, 1+ALB+Ca
+gGT+Asn+Arg+Lys; 0.760,253.452, 1+ALB+BUN+3MeHis+Tyr+Phe+Trp, -0.760,251.177,
1+ALB+BUN+NEFA+3MeHis+Asp+Phe; 0.760,252.485,
1+ALB+ALT+NEFA+Orn+Lys+Phe; 0.760,250.612, 1+ALB+ALT+NEFA+Asp+Lys+Phe, -0.760,252.455,
5 1+ALB+ALT+Arg+Tyr+Val+Trp; 0.760,250.
871, 1+ALB+AST+Asn+Asp+Val+Phe; 0.760,251.402, 1+ALB+AST+ALT+3
MeHis+Lys+Phe; 0.760,252.005, 1+ALB+AST+ALT+3MeHis+Orn+Lys; 0.
760,255.103, 1+ALB+AST+NEFA+His+Lys+Ile; 0.760,249.878, 1+ALB+
ALT+3MeHis+Asp+Tyr+Phe; 0.760,250.814, 1+ALB+ALT+Arg+Asp+Orn+
10 Trp; 0.760,251.920, 1+ALB+ALT+NEFA+Arg+Lys+Trp; 0.760,253.287,
1+ALB+BUN+AST+NEFA+Lys+Val; 0.760,254.792, 1+ALB+Ca+gGT+T-BIL
+Glc+Asn; 0.760,251.150, 1+ALB+BUN+3MeHis+Arg+Asp+Phe; 0.760,2
51.164, 1+ALB+BUN+ALT+3MeHis+Arg+Orn; 0.760,251.808, 1+ALB+ALT
+Arg+Lys+Val+Trp; 0.760,254.597, 1+ALB+BUN+His+Arg+Lys+Ile; 0.
15 760,254.887, 1+ALB+AST+NEFA+Orn+Val+Trp; 0.760,251.477, 1+ALB+
ALT+His+Arg+Thr+Ile; 0.760,252.608, 1+ALB+Ca+AST+BHBA+Asn+Ar
g; 0.759,255.457, 1+Ala+Gly+Trp+Glc+ALB; 0.759,250.911, 1+ALB+A
LT+Asp+Val+Phe+Trp; 0.759,250.837, 1+ALB+ALT+Asp+Orn+Lys+Phe; 0.759,253.425, 1+ALB+BUN+T-
BIL+His+Arg+Lys; 0.759,255.008, 1+ALB+Ca+T-BIL+BHBA+Glc+Asn; 0.759,254.926, 1+ALB+Ca+gGT+T-BIL+A
20 sn+Arg; 0.759,254.893, 1+ALB+BUN+T-BIL+Orn+Lys+Ile; 0.759, 255.
091, 1+ALB+BUN+NEFA+Orn+Tyr+Phe; 0.759,249.915, 1+ALB+BUN+ALT+
Arg+Asp+Tyr; 0.759,250.688, 1+ALB+ALT+Arg+Asp+Lys+Phe; 0.759,2
50.898, 1+ALB+BUN+AST+ALT+3MeHis+Arg; 0.759,253.285, 1+ALB+BUN+AST+NEFA+T-
BIL+Lys; 0.759,254.836, 1+ALB+AST+Orn+Lys+Val+Tr
25 p; 0.759,252.636, 1+ALB+Ca+AST+gGT+Asn+Arg; 0.759,254.116, 1+AL
B+gGT+BHBA+Glc+Asn+Arg; 0.759,254.228, 1+ALB+BUN+NEFA+Arg+Lys+
Phe; 0.759,248.130, 1+Trp+ALT+ALB+BUN; 0.759,251.247, 1+ALB+AL
T+NEFA+Asp+Orn+Phe; 0.759,251.424, 1+ALB+BUN+ALT+3MeHis+Tyr+T
rp; 0.759,251.929, 1+ALB+ALT+Arg+Orn+Lys+Trp; 0.759,250.250, 1+
30 ALB+AST+ALT+Asp+Orn+Trp; 0.759,252.491, 1+ALB+ALT+T-BIL+Arg+T
hr+Ile; 0.759,255.414, 1+ALB+AST+NEFA+Orn+Lys+Val; 0.759,256.120, 1+ALB+Ca+gGT+T-
BIL+BHBA+Asn; 0.759,251.476, 1+ALB+ALT+3MeH
is+Arg+Lys+Tyr; 0.759,252.234, 1+ALB+ALT+Arg+Orn+Lys+Phe; 0.759,252.239, 1+ALB+BUN+ALT+T-
BIL+Glc+Arg; 0.759,252.466, 1+ALB+ALT+NEFA+His+Orn+Lys; 0.759,252.565, 1+ALB+ALT+NEFA+3MeHis+Phe
35 +Trp; 0.759,252.591, 1+ALB+AST+gGT+BHBA+Glc+Asn; 0.759,253.145,
1+ALB+ALT+Lys+Tyr+Val+Phe; 0.759,252.357, 1+ALB+AST+ALT+NEFA+
Phe+Trp; 0.759,253.284, 1+ALB+BUN+AST+NEFA+Orn+Lys; 0.759,255.
843, 1+ALB+AST+Arg+Orn+Lys+Ile; 0.759,251.581, 1+ALB+BUN+Ca+AS
T+ALT+Arg; 0.759,252.900, 1+ALB+Ca+AST+gGT+Glc+Asn; 0.759,251.
40 842, 1+ALB+BUN+ALT+Arg+Orn+Val; 0.759,254.733, 1+ALB+BUN+NEFA+
Glc+Lys+Ile; 0.759,252.108, 1+Gly+Trp+Glc+ALT+ALB+BUN; 0.759,2
50.956, 1+ALB+ALT+3MeHis+Arg+Lys+Phe; 0.759,252.236, 1+ALB+BUN
+ALT+BHBA+Glc+Arg; 0.759,251.203, 1+ALB+ALT+His+Arg+Thr+Lys; 0.
759,251.490, 1+ALB+ALT+His+Arg+Orn+Lys; 0.759,251.630, 1+ALB+A
45 LT+BHBA+His+Arg+Lys; 0.759,253.368, 1+ALB+BUN+AST+NEFA+Glc+Ly
s; 0.759,252.058, 1+ALB+AST+ALT+Lys+Tyr+Trp; 0.759,252.581, 1+A
LB+AST+ALT+Val+Phe+Trp; 0.759,254.770, 1+ALB+AST+NEFA+3MeHis+
Lys+Val; 0.759,252.183, 1+ALB+Ca+AST+gGT+NEFA+Asn; 0.759,253.0
37, 1+ALB+BUN+Asp+Lys+Val+Phe; 0.759,251.142, 1+ALB+BUN+3MeHis
50 +Asp+Tyr+Phe; 0.759,257.428, 1+Ala+Gly+Trp+TG+gGT+ALB; 0.759,2
50.175, 1+ALB+BUN+ALT+Asp+Orn+Tyr; 0.759,251.344, 1+ALB+ALT+As
p+Orn+Tyr+Trp; 0.759,250.155, 1+ALB+ALT+Arg+Asp+Lys+Trp; 0.759,
252.430, 1+ALB+BUN+AST+NEFA+Phe+Trp; 0.759,252.923, 1+ALB+BUN+
AST+NEFA+Arg+Lys; 0.759,255.599, 1+ALB+BUN+Lys+Tyr+Val+Phe; 0.
55 759,252.397, 1+ALB+ALT+Arg+Orn+Val+Phe; 0.759, 253.105, 1+ALB+B
UN+Asp+Orn+Lys+Phe; 0.759,254.406, 1+Ala+Trp+Glc+TG+ALT+ALB; 0.759,254.695, 1+ALB+BUN+NEFA+T-
BIL+Lys+Ile; 0.759,251.015, 1+ALB+ALT+3MeHis+Arg+Phe+Trp; 0.759,253.138, 1+ALB+ALT+NEFA+Val+Phe+Trp;
0.759, 254.962, 1+ALB+Ca+gGT+BHBA+Asn+Arg; 0.759, 250.80
7, 1+ALB+AST+ALT+3MeHis+Arg+Lys; 0.759,253.125, 1+ALB+BUN+NEFA
60 +His+Arg+Lys; 0.759,253.245, 1+ALB+BUN+AST+T-BIL+Arg+Lys; 0.75
9,255.131, 1+ALB+AST+3MeHis+Orn+Val+Phe; 0.759,252.775, 1+ALB+
BUN+AST+ALT+gGT+Orn; 0.759,253.987, 1+ALB+AST+3MeHis+Lys+Val+
Trp; 0.759,256.361, 1+ALB+AST+Thr+Orn+Lys+Ile; 0.759,250.874, 1
+Trp+TCHO+ALT+AST+ALB+BUN; 0.759,254.871, 1+ALB+BUN+Ca+His+Th
65 r+Lys; 0.759,250.881, 1+ALB+AST+ALT+3MeHis+Arg+Trp; 0.759,255.
321, 1+ALB+BUN+Orn+Lys+Val+Phe; 0.759,253.079, 1+Ala+BCAA+Glc+ALT+ALB+BUN; 0.759, 255.446,

1+ALB+BUN+Orn+Lys + Tyr+Phe; 0.759,2 50.182,1+ALB+AST+ALT+Asp+Phe+Trp;0.759,252.298,1+ALB+BUN+AL
T+T-BIL+BHBA+Arg;0.759,251.315,1+ALB+BUN+3MeHis+Asp+Val+Ph
e;0.759,251.331,1+ALB+ALT+NEFA+His+Arg+Lys;0.759,251.410,1+
ALB+BUN+AST+ALT+Arg+Orn;0.759,252.393,1+ALB+AST+ALT+3MeHis+
5 Lys+Val;0.759,254.122,1+ALB+BUN+AST+Lys+Val+Phe;0.759,252.0
04,1+ALB+AST+ALT+Lys+Val+Trp;0.759,255.751,1+ALB+BUN+Glc+Th
r+Lys+Ile;0.759,253.158,1+ALB+BUN+AST+3MeHis+Lys+Tyr;0.759,
251.459,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Tyr+Trp;0.759,251.562,1+ALB+BUN+
ALT+Tyr+Val+Trp;0.759,252.261,1+ALB+BUN+ALT+gGT+Glc+Arg;0.7
10 59,251.543,1+ALB+ALT+His+Arg+Thr+Orn;0.759,251.925,1+ALB+AS
T+ALT+3MeHis+Phe+Trp;0.759,252.178,1+ALB+AST+ALT+His+Orn+Ly
s;0.759,255.426,1+ALB+AST+NEFA+Lys+Tyr+Phe;0.759,256.569,1+
Ala+Gly+Trp+TCHO+TG+ALB;0.759,253.041,1+Ala+BCAA+TG+ALT+ALB
+BUN;0.759,250.113,1+Gly+Trp+ALT+ALB+BUN;0.759,251.015,1+AL
15 B+ALT+Arg+Asp+Lys+Val;0.759,252.016,1+ALB+ALT+3MeHis+Lys+Va
l+Trp;0.759,251.817,1+ALB+ALT+3MeHis+Arg+Tyr+Trp;0.759,252.
838,1+ALB+BUN+AST+Tyr+Phe+Trp;0.759,252.521,1+ALB+AST+ALT+A
rg+Orn+Ile;0.759,252.923,1+ALB+ALT+NEFA+Thr+Lys+Ile;0.759,2
53.366,1+ALB+BUN+AST+NEFA+Lys+Tyr;0.759,253.886,1+ALB+BUN+A
20 ST+His+Thr+Lys;0.759,252.303,1+ALB+BUN+NEFA+Arg+Asp+Lys;0.7
59,254.127,1+ALB+BUN+Arg+Orn+Phe+Trp;0.759,255.921,1+ALB+BU
N+Glc+Orn+Lys+Ile;0.759,250.093,1+ALB+ALT+NEFA+3MeHis+Asp+P he; 0.759, 251.177,
1+ALB+ALT+Arg+Asp+Orn+Phe; 0.759, 251.325, 1 +
ALB+ALT+3MeHis+Arg+Orn+Phe;0.759,252.055,1+ALB+ALT+NEFA+Arg
25 +Lys+Phe;0.759,251.789,1+ALB+BUN+AST+Asp+Lys+Tyr;0.759,250.
994,1+ALB+BUN+AST+ALT+Tyr+Trp;0.759,251.627,1+ALB+BUN+Ca+AL
T+His+Arg;0.759,254.726,1+ALB+BUN+NEFA+BHBA+Lys+Ile;0.759,2
50.760,1+ALB+BUN+3MeHis+Asp+Orn+Trp;0.759,252.121,1+ALB+BUN
+ALT+NEFA+Arg+Tyr;0.759,250.761,1+ALB+AST+ALT+Asp+Orn+Phe;0.
30 759,252.255,1+ALB+BUN+ALT+Glc+Arg+Ile;0.759,248.369,1+ALB+A
ST+ALT+3MeHis+Asp+Lys;0.759,252.738,1+ALB+BUN+AST+Arg+Orn+T rp; 0.759, 253.442,
1+ALB+AST+NEFA+Asp+Orn+Lys; 0.759, 253.554,1
+ALB+BUN+AST+His+Arg+Lys;0.759,255.647,1+ALB+AST+NEFA+Orn+V
al+Phe;0.759,250.650,1+ALB+BUN+AST+NEFA+Asp+Trp;0.759,255.6
35 69,1+ALB+BUN+Ca+Thr+Lys+Ile;0.759,255.478,1+ALB+BUN+Arg+Lys
+Tyr+Phe;0.759,250.091,1+ALB+ALT+3MeHis+Asp+Val+Phe;0.759,2
53.536,1+Ala+Gly+Trp+ALB;0.759,251.955,1+ALB+BUN+ALT+Glc+Hi s+Arg;0.759,251.973,1+ALB+BUN+ALT+T-
BIL+His+Arg;0.759,251.7 10,1+ALB+AST+ALT+Orn+Lys+Trp;0.759,253.464,1+ALB+BUN+AST+T-
BIL+Orn+Lys;0.759,251.880,1+ALB+AST+ALT+NEFA+Lys+Trp;0.759, 254.689, 1+ALB+BUN+Ca+His+Orn+Lys;
40 0.759, 250.333, 1+ALB+ALT + 3M eHis+Asp+Orn+Trp;0.759,250.906,1+ALB+ALT+Arg+Asp+Lys+Tyr;0.
759,252.584,1+ALB+ALT+NEFA+Arg+Val+Trp;0.759,252.207,1+ALB+
BUN+ALT+Thr+Orn+Ile;0.759,253.486,1+ALB+BUN+AST+T-BIL+Thr+L
ys;0.759,255.591,1+ALB+AST+NEFA+Orn+Tyr+Phe;0.759,252.979,1
+ALB+BUN+AST+Orn+Val+Trp;0.759,250.951,1+ALB+BUN+AST+Asp+Ty
45 r+Trp;0.758,253.449,1+ALB+Ca+AST+gGT+T-BIL+Asn;0.758,251.01
5,1+ALB+ALT+Arg+Asp+Orn+Lys;0.758,251.117,1+ALB+ALT+3MeHis+
Arg+Lys+Trp;0.758,252.070,1+ALB+BUN+ALT+His+Arg+Ile;0.758,2 52.319,1+ALB+BUN+ALT+gGT+T-
BIL+Arg;0.758,252.351,1+ALB+AST+ ALT+Orn+Val+Trp;0.758,253.305,1+ALB+BUN+AST+NEFA+BHBA+Lys;0.
758,254.161,1+ALB+BUN+AST+Lys+Tyr+Phe;0.758,254.667,1+ALB+B
50 UN+AST+Orn+Val+Phe;0.758,251.298,1+ALB+BUN+AST+ALT+Val+Trp;
0.758,251.809,1+ALB+BUN+AST+Arg+Asp+Lys;0.758,252.652,1+ALB
+AST+ALT+Lys+Tyr+Phe;0.758,254.092,1+ALB+BUN+His+Arg+Thr+Ly s; 0.758,255.037,1+ALB+AST+Orn+Lys +
Tyr+Trp; 0.758,255.201,1+A LB+AST+T-BIL+Arg+Lys+Ile;0.758,251.082,1+ALB+AST+3MeHis+Arg
+Asp+Lys;0.758,251.434,1+Gly+Trp+ALT+AST+ALB+BUN;0.758,254.
55 011,1+ALB+BUN+AST+BHBA+His+Lys;0.758,254.444,1+Ala+Trp+TG+A
LT+gGT+ALB;0.758,255.017,1+ALB+BUN+gGT+T-BIL+Lys+Ile;0.758,
253.954,1+ALB+BUN+NEFA+Arg+Phe+Trp;0.758,252.931,1+ALB+ALT+
NEFA+3MeHis+Lys+Val;0.758,250.900,1+ALB+ALT+NEFA+Arg+Asp+Tr
p;0.758,251.400,1+BCAA+Trp+ALT+AST+ALB+BUN;0.758,254.841,1+
60 ALB+AST+Arg+Orn+Val+Trp;0.758,254.995,1+ALB+AST+NEFA+Orn+Ty
r+Trp;0.758,255.931,1+ALB+BUN+gGT+Orn+Lys+Ile;0.758,251.841,
1+ALB+AST+ALT+Arg+Orn+Phe;0.758,255.098,1+ALB+BUN+gGT+NEFA+
Thr+Lys;0.758,252.484,1+ALB+ALT+Orn+Lys+Val+Trp;0.758,251.2
96,1+Ala+Trp+ALT+AST+ALB;0.758,251.543,1+ALB+ALT+NEFA+3MeHi
65 s+Arg+Lys;0.758,251.720,1+ALB+ALT+gGT+His+Arg+Lys;0.758,252.
065,1+ALB+AST+ALT+Orn+Lys+Phe;0.758,254.717,1+ALB+BUN+AST+O

rn+Tyr+Phe;0.758,251.236,1+ALB+AST+ALT+His+Arg+Lys;0.758,25
 1.917,1+ALB+BUN+AST+ALT+Arg+Ile;0.758,253.259,1+ALB+BUN+AST
 +NEFA+Thr+Lys;0.758,250.848,1+ALB+AST+NEFA+3MeHis+Asp+Lys;0.
 758,251.967,1+ALB+BUN+AST+3MeHis+Arg+Trp;0.758,255.140,1+AL
 5 B+AST+NEFA+Thr+Lys+Ile;0.758,251.964,1+ALB+BUN+Ca+ALT+T-BIL
 +Arg;0.758,254.017,1+Ala+Trp+TCHO+TG+ALT+ALB;0.758,254.611,
 1+ALB+BUN+NEFA+Orn+Lys+Ile;0.758,255.070,1+ALB+AST+3MeHis+O
 rn+Lys+Val;0.758,252.361,1+ALB+BUN+ALT+gGT+Thr+Orn;0.758,25
 1.812,1+ALB+ALT+NEFA+Asp+Tyr+Phe;0.758,252.305,1+ALB+BUN+AL
 10 T+BHBA+Arg+Ile;0.758,249.576,1+ALB+BUN+AST+ALT+Arg+Asp;0.75
 8,254.596,1+ALB+BUN+AST+gGT+Lys+Ile;0.758,251.635,1+ALB+ALT+T-
 BIL+His+Arg+Lys;0.758,251.796,1+ALB+BUN+AST+ALT+Glc+Arg;
 0.758,251.812,1+ALB+BUN+AST+Asp+Orn+Lys;0.758,252.632,1+ALB
 +AST+ALT+Lys+Val+Phe;0.758,255.016,1+ALB+AST+Orn+Val+Phe+Tr
 15 p;0.758,251.316,1+Trp+TG+ALT+AST+ALB+BUN;0.758,255.462,1+AL B+AST+NEFA+T-
 BIL+Lys+Ile;0.758,252.705,1+ALB+AST+ALT+Thr+Ly
 s+Ile;0.758,257.419,1+Ala+Gly+Trp+Glc+gGT+ALB;0.758,254.273,
 1+ALB+BUN+NEFA+3MeHis+Orn+Phe;0.758,255.629,1+ALB+BUN+gGT+H
 is+Lys+Ile;0.758,252.602,1+ALB+ALT+3MeHis+Orn+Lys+Val;0.758, 252.653,1+ALB+ALT+T-
 20 BIL+His+Orn+Lys;0.758,253.969,1+ALB+BUN
 +NEFA+Arg+Lys+Ile;0.758,252.403,1+ALB+ALT+Arg+Orn+Val+Trp;0.
 758,251.661,1+ALB+AST+ALT+NEFA+Arg+Lys;0.758,256.835,1+ALB+
 AST+Glc+Orn+Lys+Ile;0.758,254.678,1+ALB+AST+Arg+Lys+Tyr+Tr
 p;0.758,255.542,1+ALB+AST+NEFA+Glc+Orn+Lys;0.758,253.442,1+
 25 ALB+AST+Asp+Lys+Val+Trp;0.758,254.768,1+ALB+AST+NEFA+Arg+Ly s+Tyr;0.758,253.970,1+ALB+BUN+Ca+T-
 BIL+His+Lys;0.758,251.97 1,1+ALB+BUN+Ca+ALT+BHBA+Arg;0.758,252.446,1+Ala+Trp+TG+ALT+
 ALB;0.758,254.437,1+Ala+Trp+Glc+ALT+gGT+ALB;0.758,255.628,1
 +ALB+BUN+Glc+His+Lys+Ile;0.758,250.389,1+ALB+ALT+Asp+Orn+Ly
 s+Trp;0.758,252.191,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Glc+Arg;0.758,248.87
 30 7,1+ALB+ALT+3MeHis+Asp+Lys+Val;0.758,251.891,1+ALB+BUN+AST+
 ALT+gGT+Arg;0.758,250.203,1+ALB+AST+ALT+NEFA+Asp+Lys;0.758,
 251.712,1+ALB+BUN+AST+ALT+His+Arg;0.758,251.812,1+ALB+BUN+A
 ST+Asp+Lys+Val;0.758,250.440,1+ALB+AST+3MeHis+Asp+Lys+Trp;0. 758,255.521,1+ALB+AST+NEFA+T-
 BIL+Orn+Lys; 0.758,252.033, 1+AL B+AST+ALT+His+Arg+Orn;0.758,253.262,1+ALB+AST+NEFA+Arg+Asp+
 35 Lys;0.758,249.606,1+ALB+AST+ALT+3MeHis+Asp+Phe;0.758,251.80
 7,1+ALB+ALT+NEFA+3MeHis+Arg+Trp;0.758,255.152,1+ALB+BUN+gGT +NEFA+T-
 BIL+Lys;0.758,252.273,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+T-BIL+Arg; 0.758,252.318,1+ALB+BUN+ALT + T-BIL+Arg+Ile;
 0.758,250.887,1+A LB+ALT+Arg+Asp+Val+Trp;0.758,251.326,1+ALB+AST+3MeHis+Asp+L
 ys+Phe;0.758,251.497,1+Trp+Glc+ALT+AST+ALB+BUN;0.758,253.37
 40 8,1+ALB+AST+Arg+Asp+Lys+Trp;0.758,250.920,1+ALB+AST+ALT+3Me
 His+Arg+Phe;0.758,253.417,1+ALB+BUN+Arg+Asp+Orn+Lys;0.758,2
 53.611,1+ALB+BUN+NEFA+3MeHis+Arg+Lys;0.758,252.369,1+ALB+BU
 N+ALT+gGT+Arg+Ile;0.758,252.517,1+ALB+ALT+His+Orn+Lys+Ile;0.
 758,252.725,1+ALB+ALT+3MeHis+Lys+Tyr+Val;0.758,249.110,1+AL B+ALT+NEFA+3MeHis+Asp+Lys;
 45 0.758,253.247,1+ALB+BUN+AST+gGT+T -BIL+Lys;0.758,254.538,1+ALB+AST+NEFA+3MeHis+Orn+Lys;0.758,
 251.704,1+ALB+AST+ALT+Arg+Lys+Phe;0.758,251.956,1+ALB+AST+A
 LT+NEFA+Lys+Phe;0.758,252.635,1+ALB+AST+ALT+NEFA+Arg+Orn;0.
 758,253.352,1+ALB+BUN+AST+NEFA+Orn+Phe;0.758,254.608,1+ALB+
 BUN+AST+gGT+Thr+Lys;0.758,253.326,1+ALB+BUN+Ca+AST+NEFA+Ly
 50 s;0.758,252.032,1+Ala+Trp+TCHO+ALT+ALB;0.758,251.930,1+ALB+
 BUN+Ca+ALT+NEFA+Arg;0.758,252.438,1+Ala+Trp+Glc+ALT+ALB;0.7
 58,252.477,1+Ala+Trp+ALT+gGT+ALB;0.758,251.950,1+ALB+BUN+AL
 T+NEFA+Arg+Val;0.758,250.493,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Asp+Orn;0.7
 58,250.966,1+ALB+BUN+3MeHis+Asp+Tyr+Trp;0.758,252.303,1+ALB
 +BUN+ALT+gGT+BHBA+Arg;0.758,250.340,1+ALB+ALT+Asp+Lys+Val+T
 55 rp;0.758,251.719,1+ALB+ALT+Glc+His+Arg+Lys;0.758,252.415,1+
 ALB+ALT+NEFA+Arg+Orn+Trp;0.758,250.348,1+ALB+AST+ALT+Asp+Ly
 s+Phe;0.758,251.756,1+ALB+BUN+AST+ALT+T-BIL+Arg;0.758,252.2
 55,1+ALB+AST+ALT+3MeHis+Lys+Tyr;0.758,252.941,1+ALB+BUN+AST
 +Arg+Tyr+Trp;0.758,255.546,1+ALB+AST+NEFA+BHBA+Orn+Lys;0.75
 60 8,254.904,1+ALB+AST+gGT+NEFA+Lys+Ile;0.758,256.520,1+Ala+Gl
 y+Trp+Glc+TCHO+ALB;0.758,252.764,1+Ala+Trp+TCHO+ALT+AST+AL
 B;0.758,251.997,1+ALB+BUN+Ca+ALT+gGT+Arg;0.758,254.341,1+Al
 a+BCAA+Trp+TG+ALT+ALB;0.758,255.006,1+ALB+BUN+T-BIL+BHBA+Ly
 65 s+Ile;0.758,252.346,1+ALB+BUN+ALT+BHBA+Thr+Orn;0.758,251.35
 1,1+ALB+ALT+NEFA+Asp+Orn+Trp;0.758,251.895,1+ALB+ALT+3MeHis

+Arg+Val+Trp;0.758,251.971,1+ALB+BUN+ALT+BHBA+His+Arg;0.758,
 252.255,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+BHBA+Arg;0.758,252.274,1+ALB+BUN
 +ALT+gGT+NEFA+Arg;0.758,251.540,1+ALB+ALT+3MeHis+Arg+Orn+Ly
 s;0.758,252.390,1+ALB+AST+ALT+NEFA+Orn+Trp;0.758,254.370,1+
 5 ALB+AST+NEFA+Arg+Orn+Trp;0.758,254.811,1+ALB+Ca+gGT+BHBA+Gl
 c+Asn;0.758,253.406,1+ALB+BUN+Arg+Asp+Lys+Tyr;0.758,253.426,
 1+ALB+BUN+Arg+Asp+Lys+Val;0.758,254.468,1+ALB+BUN+3MeHis+Or
 n+Lys+Tyr;0.758,251.954,1+ALB+BUN+ALT+Arg+Tyr+Val;0.758,251.
 365,1+ALB+ALT+Asp+Orn+Val+Trp;0.758,250.370,1+ALB+ALT+NEFA+
 10 Asp+Lys+Trp;0.758,251.818,1+ALB+ALT+3MeHis+Arg+Orn+Trp;0.75
 8,252.021,1+ALB+AST+ALT+Arg+Orn+Lys;0.758,252.265,1+ALB+BUN
 +ALT+NEFA+Arg+Ile;0.758,253.045,1+ALB+BUN+ALT+His+Orn+Ile;0.758,253.552,1+ALB+BUN+AST+T-
 BIL+Glc+Lys;0.758,253.554,1+ALB +BUN+AST+T-BIL+BHBA+Lys;0.758,253.615,1+ALB+BUN+AST+NEFA+3M
 eHis+Phe;0.758,251.807,1+ALB+BUN+AST+ALT+BHBA+Arg;0.758,251.
 15 822,1+ALB+BUN+AST+ALT+Thr+Orn;0.758,252.871,1+ALB+BUN+AST+V
 al+Phe+Trp;0.758,253.002,1+ALB+AST+ALT+BHBA+His+Lys;0.758,2
 53.254,1+ALB+AST+NEFA+Asp+Lys+Tyr;0.758,255.110,1+ALB+AST+O
 rn+Tyr+Phe+Trp;0.758,255.541,1+ALB+AST+NEFA+Orn+Lys+Tyr;0.7
 58,250.958,1+ALB+BUN+AST+Asp+Val+Trp;0.758,251.802,1+ALB+AS
 20 T+ALT+NEFA+Arg+Phe;0.758,254.525,1+ALB+BUN+3MeHis+Orn+Tyr+P he; 0.758,251.519,
 1+ALB+BUN+AST+Asp+Lys + Phe; 0.758,252.852,1 + ALB+AST+ALT+NEFA+T-
 BIL+Lys;0.758,253.112,1+ALB+BUN+AST+Orn+
 Tyr+Trp;0.758,253.929,1+ALB+BUN+AST+Arg+Lys+Ile;0.758,254.2
 36,1+ALB+AST+3MeHis+Arg+Lys+Val;0.758,256.163,1+ALB+AST+Arg
 25 +Thr+Orn+Ile;0.758,256.404,1+ALB+AST+NEFA+Thr+Orn+Ile;0.758,
 253.401,1+ALB+BUN+Asp+Orn+Lys+Tyr;0.758,253.402,1+ALB+BUN+A
 sp+Lys+Tyr+Val;0.758,253.957,1+ALB+BUN+3MeHis+Arg+Lys+Tyr;0.
 758,255.185,1+ALB+BUN+gGT+NEFA+Glc+Lys;0.758,250.969,1+ALB+
 BUN+3MeHis+Asp+Val+Trp;0.758,252.646,1+ALB+ALT+Orn+Lys+Tyr+
 30 Trp;0.758,252.872,1+ALB+ALT+NEFA+3MeHis+Lys+Tyr;0.758,251.1
 66,1+ALB+ALT+NEFA+Asp+Lys+Val;0.758,251.542,1+ALB+BUN+AST+A
 LT+Arg+Val;0.758,252.572,1+ALB+BUN+AST+Arg+Phe+Trp;0.758,25
 1.378,1+ALB+AST+3MeHis+Asp+Orn+Lys;0.758,252.939,1+ALB+BUN+
 AST+ALT+Orn+Ile;0.758,254.273,1+ALB+AST+3MeHis+Orn+Val+Trp;
 35 0.758,255.385,1+ALB+AST+Orn+Tyr+Val+Trp;0.758,254.369,1+ALB
 +AST+NEFA+Arg+Tyr+Trp;0.758,254.756,1+ALB+BUN+Ca+AST+Lys+Ile;0.758,254.465,1+ALB+BUN+T-
 BIL+Arg+Lys+Ile;0.758,252.569,1 +ALB+BUN+Arg+Asp+Orn+Trp;0.758,251.730,1+ALB+BUN+AST+ALT+Ar
 g+Tyr;0.758,251.665,1+ALB+BUN+AST+ALT+NEFA+Arg;0.758,252.54
 0,1+ALB+AST+ALT+NEFA+Orn+Lys;0.758,252.655,1+ALB+ALT+His+Ar
 40 g+Orn+Ile;0.758,252.714,1+ALB+BUN+AST+ALT+His+Orn;0.758,254.
 768,1+ALB+BUN+Glc+His+Arg+Lys;0.758,254.839,1+ALB+BUN+AST+G
 lc+Lys+Ile;0.758,255.540,1+ALB+AST+NEFA+Thr+Orn+Lys;0.758,2
 52.420,1+ALB+AST+NEFA+Asp+Lys+Trp;0.757,252.416,1+ALB+Ca+AL
 T+His+Arg+Orn;0.757,251.964,1+ALB+BUN+Ca+ALT+Glc+Arg;0.757,
 45 254.644,1+ALB+BUN+Ca+NEFA+Lys+Ile;0.757,253.954,1+ALB+BUN+A
 ST+Orn+Lys+Phe;0.757,253.416,1+ALB+BUN+Asp+Orn+Lys+Val;0.75
 7,255.105,1+ALB+BUN+NEFA+Glc+Thr+Lys;0.757,250.913,1+ALB+AL
 T+Asp+Lys+Val+Phe;0.757,252.374,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Thr+Orn;
 0.757,252.883,1+ALB+ALT+NEFA+Orn+Lys+Ile;0.757,253.107,1+AL
 50 B+ALT+Glc+Orn+Lys+Ile;0.757,255.225,1+ALB+AST+NEFA+Orn+Lys+
 Phe;0.757,250.282,1+ALB+AST+ALT+Arg+Asp+Lys;0.757,253.269,1 +ALB+ALT+NEFA+T-
 BIL+Lys+Ile;0.757,256.797,1+ALB+AST+BHBA+Or
 n+Lys+Ile;0.757,250.027,1+ALB+BUN+AST+ALT+Asp+Orn;0.757,253.
 452,1+ALB+AST+NEFA+Asp+Lys+Val;0.757,255.286,1+ALB+AST+NEFA
 55 +Arg+Thr+Ile;0.757,251.363,1+ALB+ALT+Asp+Orn+Val+Phe;0.757,
 255.304,1+ALB+BUN+NEFA+3MeHis+Val+Phe;0.757,255.505,1+ALB+B
 UN+Glc+Arg+Lys+Ile;0.757,255.637,1+ALB+BUN+gGT+Glc+His+Lys;
 0.757,250.119,1+ALB+BUN+ALT+Asp+Orn+Val;0.757,252.374,1+ALB +BUN+ALT+T-
 BIL+Thr+Orn;0.757,252.691,1+ALB+ALT+3MeHis+Orn+L
 60 ys+Tyr;0.757,253.220,1+ALB+ALT+Glc+Thr+Lys+Ile;0.757,253.267,1+ALB+ALT+T-
 BIL+Thr+Lys+Ile;0.757,254.663,1+ALB+AST+NEFA+
 Orn+Phe+Trp;0.757,255.456,1+ALB+AST+NEFA+Glc+Lys+Ile;0.757,
 253.961,1+ALB+BUN+3MeHis+Arg+Orn+Lys;0.757,252.657,1+ALB+AL
 T+BHBA+His+Orn+Lys;0.757,254.381,1+ALB+AST+NEFA+Orn+Lys+Tr
 65 p;0.757,251.240,1+ALB+AST+3MeHis+Asp+Lys+Tyr;0.757,252.082,
 1+ALB+BUN+ALT+gGT+His+Arg;0.757,254.425,1+ALB+BUN+His+Arg+O

rn+Lys;0.757,254.547,1+ALB+BUN+AST+BHBA+Lys+Ile;0.757,251.3
 81,1+ALB+BUN+AST+ALT+3MeHis+Trp;0.757,252.871,1+ALB+AST+ALT
 +NEFA+BHBA+Lys;0.757,252.610,1+ALB+BUN+AST+NEFA+Arg+Trp;0.7
 57,251.972,1+ALB+BUN+Ca+ALT+Arg+Ile;0.757,253.502,1+ALB+BUN
 5 +NEFA+Asp+Tyr+Phe;0.757,255.615,1+ALB+BUN+BHBA+Thr+Lys+Ile;
 0.757,255.433,1+ALB+BUN+Arg+Orn+Lys+Ile;0.757,252.757,1+ALB
 +ALT+Arg+Orn+Lys+Tyr;0.757,252.717,1+ALB+ALT+Glc+His+Arg+Orn;
 0.757,252.738,1+ALB+ALT+Glc+His+Orn+Lys; 0.757,255.710, 1+A
 LB+AST+Arg+Thr+Lys+Ile;0.757,255.450,1+ALB+AST+NEFA+BHBA+Ly
 10 s+Ile;0.757,252.902,1+ALB+BUN+AST+NEFA+Orn+Trp;0.757,254.25
 4,1+ALB+BUN+AST+gGT+His+Lys;0.757,255.712,1+ALB+AST+NEFA+Ar
 g+Orn+Ile;0.757,251.575,1+ALB+Ca+ALT+His+Arg+Lys;0.757,255. 019,1+ALB+BUN+T-
 BIL+Glc+Lys+Ile;0.757,253.054,1+ALB+3MeHis+
 Asp+Lys+Tyr+Phe;0.757,250.953,1+ALB+BUN+NEFA+3MeHis+Asp+Tr
 15 p;0.757,253.111,1+ALB+ALT+BHBA+Orn+Lys+Ile;0.757,254.537,1+
 ALB+BUN+BHBA+His+Orn+Lys;0.757,252.072,1+ALB+AST+ALT+Arg+Ly
 s+Tyr;0.757,252.855,1+ALB+AST+ALT+T-BIL+His+Lys;0.757,255.5
 02,1+ALB+BUN+Arg+Lys+Val+Phe;0.757,254.288,1+ALB+BUN+3MeHis
 +Arg+Orn+Phe;0.757,253.550,1+ALB+BUN+ALT+gGT+Glc+Orn;0.757,
 20 249.040,1+ALB+ALT+3MeHis+Asp+Lys+Tyr;0.757,252.741,1+ALB+AL
 T+NEFA+3MeHis+Orn+Lys;0.757,253.084,1+ALB+ALT+T-BIL+Orn+Lys
 File;0.757,253.008,1+ALB+ALT+NEFA+His+Lys+Ile;0.757,254.532,
 1+ALB+BUN+AST+Thr+Orn+Lys;0.757,252.929,1+ALB+AST+ALT+Glc+O
 rn+Lys;0.757,254.485,1+ALB+BUN+AST+BHBA+Thr+Lys;0.757,254.5
 25 98,1+ALB+AST+NEFA+Lys+Tyr+Trp;0.757,254.455,1+ALB+BUN+AST+H
 is+Lys+Ile;0.757,256.035,1+ALB+AST+BHBA+His+Orn+Lys;0.757,2
 51.510,1+ALB+AST+3MeHis+Asp+Orn+Trp;0.757,254.144,1+ALB+Ca+
 gGT+Glc+Asn+Arg;0.757,255.136,1+ALB+BUN+gGT+NEFA+BHBA+Lys;0.
 757,252.350,1+ALB+BUN+ALT+Glc+Thr+Orn;0.757,255.082,1+ALB+B UN+NEFA+T-
 30 BIL+Thr+Lys;0.757,255.351,1+ALB+BUN+NEFA+3MeHis+T
 yr+Phe;0.757,252.230,1+ALB+ALT+NEFA+3MeHis+Lys+Trp;0.757,25
 4.033,1+ALB+BUN+AST+Arg+Lys+Phe;0.757,252.720,1+ALB+ALT+T-B
 IL+His+Arg+Orn;0.757,254.371,1+ALB+BUN+AST+gGT+BHBA+Lys;0.7
 57,251.499,1+ALB+BUN+AST+ALT+NEFA+Trp;0.757,252.996,1+ALB+B
 35 UN+AST+Arg+Val+Trp;0.757,253.502,1+ALB+BUN+Ca+AST+T-BIL+Ly
 s;0.757,253.701,1+ALB+Ca+AST+gGT+BHBA+Asn;0.757,254.824,1+A
 LB+BUN+NEFA+Arg+Thr+Lys;0.757,255.157,1+ALB+BUN+gGT+NEFA+Or
 n+Lys;0.757,253.026,1+ALB+AST+ALT+NEFA+Arg+Ile;0.757,252.64
 1,1+ALB+ALT+NEFA+Orn+Lys+Trp;0.757,256.443,1+ALB+AST+Glc+Ar
 40 g+Lys+Ile;0.757,249.100,1+ALB+ALT+3MeHis+Asp+Orn+Lys;0.757,
 251.101,1+ALB+AST+3MeHis+Asp+Lys+Val;0.757,254.795,1+ALB+BU
 N+AST+Glc+Thr+Lys;0.757,254.043,1+ALB+AST+NEFA+Arg+Lys+Trp;
 0.757,254.983,1+ALB+AST+NEFA+Arg+Orn+Lys;0.757,256.750,1+AL
 B+Ca+AST+Orn+Lys+Ile;0.757,255.917,1+ALB+3MeHis+Lys+Val+Phe +
 45 Trp;0.757,250.336,1+ALB+BUN+ALT+Asp+Tyr+Val;0.757,253.084,
 1+ALB+ALT+gGT+Orn+Lys+Ile;0.757,253.231,1+ALB+BUN+ALT+Glc+H
 is+Orn;0.757,250.894,1+ALB+AST+ALT+Arg+Asp+Phe;0.757,252.60
 2,1+ALB+ALT+NEFA+His+Arg+Orn;0.757,252.722,1+ALB+ALT+BHBA+H
 is+Arg+Orn;0.757,252.874,1+ALB+AST+ALT+NEFA+Glc+Lys;0.757,2
 50 52.956,1+ALB+BUN+AST+ALT+Glc+Orn;0.757,254.378,1+ALB+AST+3M
 eHis+Arg+Lys+Tyr;0.757,255.047,1+ALB+AST+NEFA+Glc+Arg+Lys;0.
 757,255.505,1+ALB+BUN+Arg+Orn+Lys+Phe;0.757,253.552,1+ALB+B
 UN+ALT+gGT+NEFA+Orn;0.757,253.792,1+ALB+BUN+3MeHis+Arg+Orn+
 Trp;0.757,252.076,1+ALB+ALT+3MeHis+Orn+Lys+Trp;0.757,253.30
 55 0,1+ALB+ALT+gGT+Thr+Lys+Ile;0.757,254.338,1+ALB+BUN+AST+Arg
 +Thr+Lys;0.757,253.436,1+ALB+AST+Arg+Asp+Tyr+Trp;0.757,253.
 567,1+ALB+AST+Arg+Asp+Orn+Trp;0.757,254.940,1+ALB+AST+NEFA+
 3MeHis+Lys+Tyr;0.757,257.261,1+ALB+AST+T-BIL+Thr+Orn+Ile;0.
 757,253.311,1+ALB+BUN+Ca+ALT+gGT+Orn;0.757,253.148,1+ALB+AL
 60 T+NEFA+Glc+His+Lys;0.757,254.417,1+ALB+BUN+AST+BHBA+Orn+Ly
 s;0.757,254.785,1+ALB+BUN+AST+gGT+Glc+Lys;0.757,253.952,1+A
 LB+AST+ALT+NEFA+His+Orn;0.757,252.675,1+ALB+Ca+AST+ALT+Arg+
 Orn;0.757,255.777,1+ALB+BUN+Ca+Orn+Lys+Ile;0.757,254.476,1+
 ALB+AST+NEFA+Lys+Val+Trp;0.757,254.849,1+ALB+BUN+NEFA+Arg+L ys + Tyr;
 65 0.757,252.561,1+ALB+ALT+NEFA+Arg+Lys + Tyr; 0.757,255.1
 59,1+ALB+BUN+gGT+BHBA+His+Lys;0.757,253.214,1+ALB+BUN+ALT+g

GT+His+Orn;0.757,254.670,1+ALB+BUN+AST+Glc+Orn+Lys;0.757,25
 2.859,1+ALB+ALT+His+Thr+Lys+Ile;0.757,252.883,1+ALB+AST+ALT
 +NEFA+Lys+Val;0.757,253.138,1+ALB+AST+ALT+His+Lys+Ile;0.757,
 255.150,1+ALB+AST+Arg+Tyr+Phe+Trp;0.757,252.916,1+ALB+AST+A LT+T-BIL+Lys+Ile; 0.757,253.589,
 5 1+ALB+AST+NEFA+His+Arg+Lys; 0. 757,256.366,1+ALB+3MeHis+Orn+Lys+Val+Phe;0.757,255.142,1+AL
 B+BUN+NEFA+T-BIL+BHBA+Lys;0.757,253.537,1+ALB+BUN+ALT+gGT+T -
 BIL+Orn;0.757,252.445,1+ALB+BUN+Arg+Asp+Tyr+Trp;0.757,252.
 601,1+ALB+ALT+NEFA+Arg+Lys+Val;0.757,253.657,1+ALB+ALT+NEFA
 +3MeHis+Tyr+Phe;0.757,254.656,1+ALB+BUN+AST+Arg+Orn+Phe;0.7
 10 57,254.675,1+ALB+BUN+AST+Orn+Lys+Val;0.757,254.779,1+ALB+BU
 N+gGT+His+Arg+Lys;0.757,252.007,1+ALB+AST+ALT+T-BIL+Arg+Ly s;
 0.757,252.381,1+ALB+AST+ALT+Orn+Tyr+Trp; 0.757,252.853,1+A
 LB+AST+ALT+BHBA+Orn+Lys;0.757,253.467,1+ALB+AST+Asp+Orn+Tyr
 +Trp;0.757,256.191,1+ALB+AST+Glc+His+Orn+Lys;0.757,257.011, 1+ALB+AST+T-
 15 BIL+BHBA+His+Orn;0.757,255.251,1+ALB+AST+NEFA+G
 lc+His+Lys;0.757,255.533,1+ALB+Ca+AST+NEFA+Orn+Lys;0.757,25
 5.102,1+ALB+BUN+Ca+gGT+NEFA+Lys;0.757,250.992,1+ALB+BUN+AST
 +3MeHis+Arg+Asp;0.757,251.151,1+ALB+ALT+NEFA+Asp+Orn+Lys;0. 757,252.850,1+ALB+AST+ALT+T-
 BIL+Arg+Orn;0.757,252.918,1+ALB +AST+ALT+Orn+Lys+Val;0.757,253.309,1+ALB+ALT+BHBA+Thr+Lys+I
 20 le;0.757,254.839,1+ALB+AST+Arg+Orn+Lys+Trp;0.757,255.140,1+
 ALB+AST+Orn+Lys+Phe+Trp;0.757,253.504,1+ALB+AST+ALT+Thr+Orn
 +Ile;0.757,253.492,1+ALB+AST+Asp+Lys+Phe+Trp;0.756,253.163,
 1+ALB+Ca+ALT+Arg+Orn+Ile;0.756,255.064,1+ALB+BUN+NEFA+Orn+L ys+Val; 0.756, 255.090,
 1+ALB+BUN+NEFA+Lys + Tyr+Val; 0.756, 255.1 62,1+ALB+BUN+NEFA+T-
 25 BIL+Glc+Lys;0.756,255.783,1+ALB+BUN+BHB
 A+Orn+Lys+Ile;0.756,251.466,1+ALB+ALT+Arg+Asp+Val+Phe;0.756,
 249.403,1+ALB+BUN+ALT+3MeHis+Asp+Tyr;0.756,251.140,1+ALB+AL
 T+NEFA+Asp+Lys+Tyr;0.756,252.599,1+ALB+BUN+Asp+Orn+Val+Trp;
 0.756,252.833,1+ALB+ALT+NEFA+Lys+Tyr+Trp;0.756,252.767,1+AL
 30 B+ALT+NEFA+Lys+Val+Trp;0.756,254.618,1+ALB+BUN+AST+Orn+Lys+
 Tyr;0.756,252.790,1+ALB+AST+ALT+NEFA+Thr+Lys;0.756,253.123,
 1+ALB+AST+ALT+BHBA+Lys+Ile;0.756,253.294,1+ALB+AST+3MeHis+A
 rg+Lys+Trp;0.756,253.326,1+ALB+AST+Asp+Orn+Lys+Trp;0.756,25
 3.213,1+ALB+Ca+AST+ALT+Lys+Ile;0.756,253.147,1+ALB+BUN+ALT+
 35 NEFA+3MeHis+Orn;0.756,255.087,1+ALB+BUN+NEFA+Thr+Orn+Lys;0.
 756,252.175,1+ALB+3MeHis+Asp+Lys+Val+Trp;0.756,252.528,1+AL
 B+BUN+Asp+Orn+Tyr+Trp;0.756,251.367,1+ALB+ALT+Asp+Orn+Lys+T
 yr;0.756,252.357,1+ALB+AST+ALT+Arg+Val+Phe;0.756,253.658,1+
 ALB+ALT+NEFA+3MeHis+Val+Phe;0.756,250.634,1+ALB+AST+ALT+Asp
 40 +Orn+Lys;0.756,251.388,1+ALB+AST+ALT+Arg+Asp+Orn;0.756,252.
 506,1+ALB+BUN+AST+3MeHis+Orn+Trp;0.756,256.335,1+ALB+NEFA+A
 rg+Thr+Lys+Ile;0.756,253.134,1+ALB+AST+NEFA+Asp+Orn+Trp;0.7 56,255.285,1+ALB+AST+NEFA+T-
 BIL+His+Lys;0.756,255.741,1+ALB +AST+His+Thr+Orn+Lys;0.756,253.193,1+ALB+Ca+AST+ALT+Arg+Il e;
 0.756,254.788,1+ALB+BUN+Ca+NEFA+Arg+Lys; 0.756,249.352,1+A
 45 LB+BUN+ALT+3MeHis+Asp+Val;0.756,251.370,1+ALB+ALT+Asp+Orn+L ys+Val; 0.756, 253.519,
 1+ALB+BUN+ALT+Glc+Orn+Ile; 0.756, 254.48
 3,1+ALB+BUN+AST+Glc+Arg+Lys;0.756,252.092,1+ALB+AST+ALT+Arg
 +Lys+Val;0.756,253.882,1+ALB+AST+3MeHis+Orn+Lys+Trp;0.756,2
 51.613,1+ALB+AST+ALT+His+Arg+Thr;0.756,252.833,1+ALB+AST+AL
 50 T+Thr+Orn+Lys;0.756,253.896,1+ALB+AST+NEFA+3MeHis+Lys+Trp;0.
 756,251.156,1+ALB+AST+3MeHis+Arg+Asp+Trp;0.756,252.874,1+AL
 B+Ca+AST+ALT+Orn+Lys;0.756,252.952,1+ALB+BUN+Ca+ALT+His+Or n; 0.756,254.921,1+ALB+BUN+Ca+T-
 BIL+Lys + Ile; 0.756,254.887,1 + ALB+BUN+NEFA+Glc+Arg+Lys;0.756,255.542,1+ALB+BUN+gGT+Arg+Ly
 s+Ile;0.756,255.451,1+ALB+AST+NEFA+Lys+Val+Phe;0.756,253.21
 55 8,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+His+Orn;0.756,255.476,1+ALB+BUN+Ca+His
 +Lys+Ile;0.756,253.871,1+ALB+BUN+3MeHis+Arg+Tyr+Trp;0.756,2
 50.408,1+ALB+ALT+3MeHis+Arg+Asp+Val;0.756,253.122,1+ALB+ALT
 +gGT+NEFA+His+Lys;0.756,254.515,1+ALB+BUN+AST+Arg+Lys+Val;0.
 756,252.031,1+ALB+AST+ALT+BHBA+Arg+Lys;0.756,249.595,1+ALB+
 60 AST+ALT+3MeHis+Arg+Asp;0.756,252.707,1+ALB+AST+ALT+NEFA+His
 +Arg;0.756,255.758,1+ALB+AST+NEFA+Arg+Thr+Orn;0.756,256.032,
 1+ALB+AST+gGT+His+Orn+Lys;0.756,253.088,1+ALB+AST+NEFA+Arg+
 Asp+Trp;0.756,255.098,1+ALB+AST+NEFA+His+Thr+Orn;0.756,255.
 284,1+ALB+AST+NEFA+BHBA+His+Lys;0.756,256.722,1+ALB+AST+T-B
 65 IL+BHBA+Lys+Ile;0.756,252.295,1+ALB+BUN+Ca+ALT+Thr+Orn;0.75
 6,253.025,1+ALB+Ca+ALT+Orn+Lys+Ile;0.756,253.309,1+ALB+BUN+

Ca+ALT+Orn+Ile;0.756,253.430,1+ALB+AST+ALT+T-BIL+Arg+Ile;0.756,255.152,1+ALB+BUN+NEFA+BHBA+Glc+Lys;0.756,255.168,1+ALB+BUN+NEFA+Glc+Orn+Lys;0.756,253.467,1+ALB+ALT+NEFA+Thr+Orn+Lys;0.756,254.458,1+ALB+BUN+AST+gGT+Orn+Lys;0.756,254.232,1
5 +ALB+BUN+AST+BHBA+Arg+Lys;0.756,254.413,1+ALB+BUN+AST+Arg+Orn+Lys;0.756,252.090,1+ALB+AST+ALT+Glc+Arg+Lys;0.756,254.862,1+ALB+BUN+AST+Lys+Tyr+Val;0.756,252.490,1+ALB+Ca+AST+BHBA+Glc+Asn;0.756,254.634,1+ALB+AST+NEFA+Lys+Phe+Trp;0.756,255.315,1+ALB+BUN+T-BIL+Thr+Orn+Lys;0.756,250.368,1+ALB+ALT+3MeHis+Arg+Asp+Orn;0.756,255.169,1+ALB+BUN+NEFA+Orn+Lys
10 +Tyr;0.756,253.175,1+ALB+BUN+ALT+T-BIL+His+Orn;0.756,252.140,1+ALB+ALT+T-BIL+His+Arg+Thr;0.756,253.138,1+ALB+ALT+NEFA+BHBA+His+Lys;0.756,253.082,1+ALB+AST+ALT+NEFA+3MeHis+Phe;0.756,253.265,1+ALB+AST+ALT+Glc+Lys+Ile;0.756,255.037,1+ALB+AST+NEFA+Arg+Thr+Lys;0.756,255.910,1+ALB+AST+His+Arg+Lys+Ile;0.756,254.365,1+ALB+BUN+Ca+AST+His+Lys;0.756,251.998,1+ALB+Ca+AST+ALT+Arg+Lys;0.756,255.169,1+ALB+BUN+BHBA+His+Lys+Ile;0.756,255.371,1+ALB+BUN+gGT+T-BIL+Orn+Lys;0.756,255.371,1+ALB+BUN+T-BIL+BHBA+Orn+Lys;0.756,253.515,1+ALB+BUN+ALT+gGT+Orn+Lys+Ile;0.756,254.894,1+ALB+BUN+gGT+NEFA+Arg+Lys;0.756,250.447,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Asp+Val;0.756,252.654,1+ALB+BUN+Arg+Asp+Val+Trp;0.756,252.078,1+ALB+AST+ALT+3MeHis+Orn+Trp;0.756,252.815,1+ALB+AST+ALT+T-BIL+Orn+Lys;0.756,253.261,1+ALB+AST+ALT+Glc+His+Lys;0.756,256.608,1+ALB+AST+gGT+Orn+Lys+Ile;0.756,254.945,1+ALB+AST+NEFA+Arg+Lys+Val;0.756,255.166,1+ALB+BUN+NEFA+Arg+Tyr+Phe;0.756,254.662,1+ALB+BUN+Arg+Orn+Val+Trp;0.756,252.225,1+ALB+ALT+3MeHis+Lys+Tyr+Trp;0.756,251.945,1+ALB+ALT+NEFA+His+Arg+Thr;0.756,252.139,1+ALB+ALT+BHBA+His+Arg+Thr;0.756,252.447,1+ALB+AST+ALT+Arg+Thr+Orn;0.756,254.402,1+ALB+BUN+BHBA+His+Arg+Lys;0.756,251.990,1+ALB+AST+ALT+Arg+Thr+Lys;0.756,255.295,1+ALB+AST+Arg+Tyr+Val+Trp;0.756,255.485,1+ALB+AST+3MeHis+Lys+Val+Phe;0.756,253.648,1+ALB+AST+Asp+Orn+Val+Trp;0.756,254.327,1+ALB+AST+3MeHis+Lys+Tyr+Trp;0.756,254.805,1+ALB+AST+gGT+NEFA+His+Lys;0.756,255.485,1+ALB+BUN+Ca+gGT+His+Lys;0.756,255.341,1+ALB+BUN+T-BIL+BHBA+Thr+Lys;0.756,255.370,1+ALB+BUN+T-BIL+Glc+Orn+Lys;0.756,253.503,1+ALB+ALT+gGT+NEFA+Orn+Lys;0.756,253.715,1+ALB+BUN+ALT+gGT+Thr+Ile;0.756,252.715,1+ALB+ALT+gGT+His+Arg+Orn;0.756,253.423,1+ALB+AST+NEFA+Asp+Lys+Phe;0.756,254.370,1+ALB+BUN+AST+gGT+Arg+Lys;0.756,254.654,1+ALB+BUN+AST+BHBA+Glc+Lys;0.756,256.326,1+ALB+NEFA+BHBA+Arg+Lys+Ile;0.756,250.988,1+ALB+AST+ALT+Asp+Val+Trp;0.756,253.123,1+ALB+AST+ALT+gGT+His+Lys;0.756,254.995,1+ALB+AST+Arg+Orn+Phe+Trp;0.756,254.421,1+ALB+AST+NEFA+3MeHis+Orn+Trp;0.756,255.457,1+ALB+Ca+AST+NEFA+Lys+Ile;0.756,254.731,1+ALB+BUN+Ca+AST+Thr+Lys;0.756,254.557,1+ALB+BUN+Ca+His+Arg+Lys;0.756,253.457,1+ALB+AST+ALT+Glc+Arg+Ile;0.756,255.137,1+ALB+BUN+NEFA+T-BIL+Orn+Lys;0.756,251.826,1+ALB+AST+ALT+3MeHis+Arg+Orn;0.756,252.737,1+ALB+BUN+ALT+Orn+Tyr+Val;0.756,255.070,1+ALB+BUN+NEFA+BHBA+Thr+Lys;0.756,252.516,1+ALB+BUN+NEFA+Asp+Orn+Trp;0.756,252.772,1+ALB+ALT+Arg+Orn+Lys+Val;0.756,253.303,1+ALB+ALT+NEFA+Arg+Thr+Orn;0.756,253.427,1+ALB+ALT+NEFA+Arg+Orn+Ile;0.756,253.430,1+ALB+ALT+BHBA+Arg+Orn+Ile;0.756,253.525,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Orn+Ile;0.756,252.988,1+ALB+AST+ALT+NEFA+T-BIL+Arg;0.756,253.140,1+ALB+ALT+NEFA+T-BIL+His+Lys;0.756,254.512,1+ALB+BUN+AST+Arg+Lys+Tyr;0.756,256.410,1+ALB+AST+BHBA+Arg+Lys+Ile;0.756,255.021,1+ALB+AST+NEFA+BHBA+Arg+Lys;0.756,255.487,1+ALB+BUN+Ca+Glc+His+Lys;0.756,255.119,1+ALB+BUN+Ca+NEFA+Glc+Lys;0.756,253.505,1+ALB+AST+ALT+BHBA+Arg+Ile;0.756,255.160,1+ALB+BUN+BHBA+Glc+His+Lys;0.756,255.330,1+ALB+BUN+T-BIL+Glc+Thr+Lys;0.756,255.341,1+ALB+BUN+gGT+T-BIL+Thr+Lys;0.756,252.918,1+ALB+ALT+3MeHis+Arg+Asp+Lys+Tyr;0.756,253.546,1+ALB+BUN+NEFA+Asp+Orn+Phe;0.756,254.676,1+ALB+BUN+Arg+Orn+Tyr+Trp;0.756,253.132,1+ALB+AST+ALT+NEFA+Glc+Arg;0.756,253.523,1+ALB+ALT+NEFA+BHBA+Orn+Lys;0.756,252.726,1+ALB+ALT+gGT+His+Orn+Lys;0.756,252.778,1+ALB+ALT+Glc+Arg+Orn+Lys;0.756,252.860,1+ALB+AST+ALT+Glc+Arg+Orn;0.756,252.868,1+ALB+AST+ALT+BHBA+Arg+Orn;0.756,253.323,1+ALB+ALT+gGT+Arg+Thr+Orn;0.756,253.351,1+ALB+ALT+NEFA+BHBA+Lys+Ile;0.756,253.646,1+ALB+BUN+ALT+gGT+BHBA+Thr;0.756,253.817,1+ALB+ALT+3MeHis+Tyr+Val+Phe;0.756,252.298,1+ALB+ALT+His+Thr+Orn+Lys;0.756,251.428,1+ALB+AST+ALT+NEFA+Arg+Asp;0.756,252.881,1+ALB+BUN+AST+ALT+NEFA+Orn;0.756,254.

422,1+ALB+BUN+AST+NEFA+Tyr+Phe;0.756,253.266,1+ALB+AST+ALT+T-
 BIL+BHBA+Lys;0.756,255.130,1+ALB+AST+gGT+NEFA+Orn+Lys;0.756,255.986,1+ALB+AST+NEFA+T-
 BIL+Glc+Lys;0.756,254.391,1+ALB+BUN+Ca+AST+Arg+Lys;0.756,255.324,1+ALB+BUN+Ca+Arg+Lys+Ile;
 5 0.756,255.078,1+ALB+BUN+Ca+NEFA+T-BIL+Lys;0.756,255.408,1+ALB+BUN+gGT+T-
 BIL+BHBA+Lys;0.756,254.385,1+ALB+BUN+3MeHis+Orn+Val+Trp;0.756,255.057,1+ALB+BUN+Orn+Tyr+Val+
 Trp;0.756,252.619,1+ALB+ALT+NEFA+Glc+Arg+Lys;0.756,252.739,1+ALB+BUN+ALT+
 NEFA+Orn+Tyr;0.756,253.331,1+ALB+ALT+NEFA+Glc+Lys+Ile;0.756,253.505,1+ALB+BUN+ALT+T-
 BIL+Orn+Ile;0.756,253.615,1+ALB+ALT+T-BIL+Thr+Orn+Lys;0.756,252.526,1+ALB+BUN+AST+ALT+3MeHis+O
 rn;0.756,252.096,1+ALB+AST+ALT+NEFA+Asp+Orn;0.756,252.457,1
 10 +ALB+AST+ALT+NEFA+Arg+Thr;0.756,252.878,1+ALB+BUN+AST+ALT+B
 HBA+Orn;0.756,253.189,1+ALB+AST+ALT+T-BIL+Thr+Lys;0.756,253.325,1+ALB+BUN+Ca+ALT+T-
 BIL+Orn;0.756,254.484,1+ALB+BUN+Asp+Orn+Tyr+Phe;0.756,254.511,1+ALB+BUN+3MeHis+Orn+Tyr+Trp;0.75
 6,253.301,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Orn+Val;0.756,253.569,1+ALB+BU
 N+ALT+NEFA+Glc+Orn;0.756,251.425,1+ALB+ALT+Asp+Lys+Tyr+Val;0.756,252.777,1+ALB+ALT+T-
 15 BIL+Arg+Orn+Lys;0.756,252.777,1+ALB+ALT+gGT+Arg+Orn+Lys;0.756,253.592,1+ALB+BUN+ALT+BHBA+Thr
 +Ile;0.756,252.080,1+ALB+ALT+Glc+His+Arg+Thr;0.756,252.754,
 1+ALB+BUN+AST+ALT+Orn+Val;0.756,253.066,1+ALB+ALT+NEFA+T-BI
 L+Arg+Thr;0.756,252.842,1+ALB+BUN+AST+ALT+T-BIL+Orn;0.756,256.714,1+ALB+AST+T-
 BIL+Arg+Orn+Ile;0.756,254.653,1+ALB+BUN+
 20 AST+NEFA+Arg+Orn;0.756,255.381,1+ALB+AST+His+Arg+Orn+Lys;0.
 756,255.032,1+ALB+BUN+Ca+NEFA+Thr+Lys;0.756,253.347,1+ALB+B
 UN+Ca+ALT+Glc+Orn;0.756,252.322,1+ALB+3MeHis+Asp+Lys+Tyr+Tr
 p;0.756,252.956,1+ALB+3MeHis+Asp+Lys+Val+Phe;0.756,255.131,
 1+ALB+BUN+NEFA+BHBA+Orn+Lys;0.756,253.837,1+ALB+BUN+3MeHis+
 25 Arg+Val+Trp;0.756,254.877,1+ALB+BUN+NEFA+BHBA+Arg+Lys;0.756,
 254.770,1+ALB+BUN+NEFA+Arg+Lys+Val;0.756,253.385,1+ALB+ALT+T-
 BIL+His+Lys+Ile;0.756,253.481,1+ALB+ALT+T-BIL+Glc+His+Lys;
 0.756,253.598,1+ALB+ALT+BHBA+Thr+Orn+Lys;0.756,253.612,1+
 ALB+ALT+gGT+Thr+Orn+Lys;0.756,253.676,1+ALB+BUN+ALT+Glc+Thr
 30 +Ile;0.756,255.692,1+ALB+BUN+AST+Thr+Orn+Ile;0.756,256.027,
 1+ALB+AST+NEFA+Arg+Orn+Tyr;0.756,256.617,1+ALB+AST+T-BIL+Th
 r+Lys+Ile;0.756,256.105,1+ALB+Ca+AST+His+Orn+Lys;0.756,255.137,1+ALB+BUN+T-
 BIL+Arg+Thr+Lys;0.756,254.534,1+ALB+BUN+NEF
 A+3MeHis+Orn+Trp;0.756,256.044,1+ALB+BUN+gGT+BHBA+Lys+Ile;0.
 35 756,252.622,1+ALB+ALT+gGT+NEFA+Arg+Lys;0.756,252.788,1+ALB+
 ALT+Arg+Lys+Tyr+Val;0.756,252.816,1+ALB+ALT+Lys+Tyr+Val+Tr
 p;0.756,252.869,1+ALB+AST+ALT+Arg+Orn+Tyr;0.756,253.685,1+AL
 B+BUN+ALT+gGT+NEFA+Thr;0.756,250.758,1+ALB+AST+ALT+Asp+Lys
 +Val;0.756,254.132,1+ALB+AST+3MeHis+Orn+Phe+Trp;0.756,255.3
 40 85,1+ALB+AST+NEFA+Arg+Tyr+Phe;0.756,254.961,1+ALB+AST+Arg+L
 ys+Val+Trp;0.756,255.995,1+ALB+AST+NEFA+T-BIL+BHBA+Lys;0.75
 6,252.668,1+ALB+Ca+ALT+Arg+Orn+Lys;0.756,253.789,1+ALB+Ca+A
 LT+NEFA+Arg+Ile;0.756,256.313,1+ALB+Ca+AST+Arg+Lys+Ile;0.75
 6,253.214,1+ALB+Ca+AST+ALT+His+Lys;0.756,256.159,1+ALB+3MeH
 45 is+Arg+Lys+Val+Phe;0.756,252.017,1+ALB+ALT+NEFA+Asp+Val+Ph
 e;0.756,254.524,1+ALB+BUN+3MeHis+Arg+Val+Phe;0.756,252.100,
 1+ALB+ALT+NEFA+Arg+Asp+Val;0.756,253.412,1+ALB+ALT+NEFA+T-BIL+Orn+Lys;0.756,252.573,
 1+ALB+ALT+NEFA+Arg+Thr+Lys;0.756,253.296,1+ALB+ALT+gGT+NEFA+Lys+Ile;0.756,253.502,1+ALB+ALT+N
 50 EFA+Orn+Lys+Val;0.756,253.649,1+ALB+BUN+ALT+T-BIL+BHBA+Thr;0.756,253.712,1+ALB+ALT+T-
 BIL+BHBA+Lys+Ile;0.756,252.102,1+ALB+ALT+gGT+His+Arg+Thr;0.756,253.123,1+ALB+AST+ALT+NEFA+BH
 BA+Arg;0.756,256.084,1+ALB+AST+T-BIL+Arg+Orn+Lys;0.756,256.
 001,1+ALB+AST+NEFA+BHBA+Glc+Lys;0.756,257.658,1+ALB+AST+gGT
 +Thr+Orn+Ile;0.756,254.899,1+ALB+AST+T-BIL+His+Arg+Lys;0.756,254.959,1+ALB+AST+NEFA+T-
 BIL+Arg+Lys;0.756,253.287,1+ALB+Ca+ALT+Thr+Lys+Ile;0.756,254.706,1+ALB+BUN+Ca+AST+gGT+Lys;0.
 55 756,252.948,1+ALB+Ca+AST+ALT+NEFA+Arg;0.756,255.157,1+ALB+3
 MeHis+Arg+Lys+Val+Trp;0.756,250.447,1+ALB+ALT+NEFA+3MeHis+A
 rg+Asp;0.756,253.506,1+ALB+ALT+NEFA+Glc+Orn+Lys;0.756,254.8
 91,1+ALB+BUN+NEFA+Arg+Orn+Lys;0.756,255.420,1+ALB+BUN+BHBA+
 Arg+Lys+Ile;0.756,253.335,1+ALB+AST+ALT+BHBA+Glc+Lys;0.756,
 60 254.952,1+ALB+AST+3MeHis+Orn+Lys+Phe;0.756,252.808,1+ALB+AS
 T+ALT+His+Thr+Lys;0.756,253.698,1+ALB+AST+Asp+Orn+Phe+Trp;0.
 756,254.469,1+ALB+BUN+AST+Glc+His+Lys;0.756,256.001,1+ALB+A
 ST+NEFA+Lys+Tyr+Val;0.756,256.501,1+ALB+AST+NEFA+T-BIL+His+Orn;0.756,256.758,1+ALB+AST+T-
 BIL+Glc+Lys+Ile;0.756,252.026,1+ALB+Ca+ALT+His+Arg+Thr;0.756,254.600,1+ALB+BUN+Ca+AST+BHB
 65 A+Lys;0.756,253.341,1+ALB+BUN+Ca+ALT+NEFA+Orn;0.756,255.084,
 1+ALB+BUN+Ca+NEFA+Orn+Lys;0.756,255.406,1+ALB+BUN+T-BIL+BHB

- A+Glc+Lys;0.755,256.169,1+ALB+BUN+Glc+Thr+Orn+Lys;0.755,250.441,1+ALB+ALT+3MeHis+Arg+Asp+Tyr;0.755,253.509,1+ALB+AST+ALT+gGT+Arg+Ile;0.755,253.564,1+ALB+ALT+NEFA+Orn+Val+Trp;0.755,254.375,1+ALB+AST+3MeHis+Arg+Orn+Lys;0.755,252.193,1+ALB+ALT+NEFA+Arg+Asp+Orn;0.755,253.501,1+ALB+BUN+ALT+gGT+BHBA+Orn;0.755,253.555,1+ALB+BUN+ALT+T-BIL+Glc+Orn;0.755,252.619,1+ALB+ALT+NEFA+Arg+Orn+Lys;0.755,252.721,1+ALB+ALT+gGT+Arg+Thr+Lys;0.755,253.298,1+ALB+ALT+T-BIL+Arg+Thr+Orn;0.755,254.405,1+ALB+ALT+NEFA+Tyr+Val+Phe;0.755,254.512,1+ALB+ALT+T-BIL+Thr+Orn+Ile;0.755,255.134,1+ALB+BUN+NEFA+His+Thr+Orn;0.755,254.253,1+ALB+AST+3MeHis+Lys+Phe+Trp;0.755,253.306,1+ALB+Ca+ALT+NEFA+Lys+Ile;0.755,255.274,1+ALB+BUN+Ca+T-BIL+Orn+Lys;0.755,253.256,1+ALB+Ca+AST+ALT+T-BIL+Lys;0.755,252.744,1+ALB+AST+ALT+BHBA+Arg+Thr;0.755,255.013,1+ALB+BUN+NEFA+Orn+Val+Trp;0.755,253.673,1+ALB+AST+NEFA+3MeHis+Arg+Lys;0.755,252.767,1+ALB+ALT+BHBA+Arg+Orn+Lys;0.755,253.708,1+ALB+ALT+NEFA+BHBA+Thr+Lys;0.755,253.640,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+BHBA+Thr;0.755,255.488,1+ALB+AST+Arg+Asp+Lys+Tyr;0.755,254.946,1+ALB+AST+NEFA+Arg+Lys+Phe;0.755,255.199,1+ALB+BUN+AST+Arg+Thr+Ile;0.755,255.942,1+ALB+AST+NEFA+T-BIL+Thr+Lys;0.755,256.147,1+ALB+AST+gGT+NEFA+His+Orn;0.755,256.382,1+ALB+AST+T-BIL+His+Lys+Ile;0.755,254.588,1+ALB+BUN+Ca+AST+Orn+Lys;0.755,254.926,1+ALB+BUN+Ca+AST+Glc+Lys;0.755,252.650,1+ALB+Ca+AST+ALT+Arg+Thr;0.755,252.222,1+ALB+AST+ALT+3MeHis+Arg+Tyr;0.755,251.290,1+ALB+AST+ALT+NEFA+Asp+Phe;0.755,254.886,1+ALB+BUN+NEFA+T-BIL+Arg+Lys;0.755,252.271,1+ALB+ALT+Arg+Asp+Orn+Tyr;0.755,253.561,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+T-BIL+Orn;0.755,250.774,1+ALB+AST+ALT+Asp+Lys+Tyr;0.755,252.804,1+ALB+ALT+T-BIL+Glc+Arg+Lys;0.755,253.151,1+ALB+BUN+ALT+BHBA+His+Orn;0.755,253.323,1+ALB+ALT+BHBA+Arg+Thr+Orn;0.755,253.692,1+ALB+BUN+ALT+gGT+Glc+Thr;0.755,250.131,1+ALB+BUN+AST+ALT+Asp+Val;0.755,253.45,1+ALB+BUN+AST+NEFA+Arg+Phe;0.755,254.483,1+ALB+ALT+BHBA+Thr+Orn+Ile;0.755,253.268,1+ALB+AST+ALT+T-BIL+Glc+Lys;0.755,253.371,1+ALB+ALT+His+Thr+Orn+Ile;0.755,253.685,1+ALB+AST+3MeHis+Arg+Tyr+Trp;0.755,255.751,1+ALB+AST+Lys+Tyr+Phe+Trp;0.755,253.237,1+ALB+AST+ALT+BHBA+Thr+Lys;0.755,255.497,1+ALB+AST+T-BIL+His+Arg+Orn;0.755,255.937,1+ALB+AST+NEFA+Glc+Thr+Lys;0.755,255.407,1+ALB+BUN+gGT+T-BIL+Glc+Lys;0.755,253.285,1+ALB+ALT+3MeHis+Orn+Val+Trp;0.755,256.050,1+ALB+BUN+gGT+BHBA+Thr+Lys;0.755,256.301,1+ALB+NEFA+3MeHis+Lys+Val+Phe;0.755,253.469,1+ALB+ALT+gGT+Arg+Orn+Ile;0.755,253.090,1+ALB+BUN+AST+3MeHis+Arg+Phe;0.755,253.658,1+ALB+ALT+NEFA+Glc+Thr+Lys;0.755,253.670,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Thr+Ile;0.755,253.691,1+ALB+ALT+gGT+T-BIL+Lys+Ile;0.755,252.025,1+ALB+AST+ALT+gGT+Arg+Lys;0.755,254.392,1+ALB+AST+NEFA+Asp+Orn+Phe;0.755,255.48,1+ALB+AST+NEFA+Arg+Orn+Phe;0.755,256.484,1+ALB+AST+NEFA+BHBA+His+Orn;0.755,252.657,1+ALB+Ca+ALT+His+Orn+Lys;0.755,255.019,1+ALB+Ca+AST+NEFA+Arg+Lys;0.755,255.076,1+ALB+BUN+Ca+NEFA+BHBA+Lys;0.755,256.495,1+ALB+BUN+Orn+Tyr+Val+Phe;0.755,251.186,1+ALB+AST+ALT+NEFA+Asp+Trp;0.755,252.979,1+ALB+3MeHis+Arg+Asp+Lys+Val;0.755,253.140,1+ALB+AST+ALT+NEFA+Arg+Tyr;0.755,253.475,1+ALB+ALT+Glc+Arg+Orn+Ile;0.755,250.932,1+ALB+ALT+3MeHis+Asp+Val+Trp;0.755,252.718,1+ALB+ALT+Glc+Arg+Thr+Lys;0.755,252.723,1+ALB+ALT+T-BIL+Arg+Thr+Lys;0.755,253.407,1+ALB+ALT+NEFA+BHBA+Arg+Thr;0.755,252.860,1+ALB+AST+ALT+Orn+Lys+Tyr;0.755,255.070,1+ALB+BUN+Ca+BHBA+His+Lys;0.755,252.859,1+ALB+Ca+AST+ALT+NEFA+Lys;0.755,253.543,1+ALB+AST+ALT+BHBA+Glc+Arg;0.755,256.303,1+ALB+BUN+gGT+Glc+Orn+Lys;0.755,253.920,1+ALB+BUN+NEFA+3MeHis+Arg+Trp;0.755,255.949,1+ALB+BUN+Arg+Thr+Orn+Lys;0.755,256.179,1+ALB+NEFA+His+Orn+Lys+Ile;0.755,252.706,1+ALB+ALT+Arg+Thr+Orn+Lys;0.755,252.803,1+ALB+ALT+gGT+T-BIL+Arg+Lys;0.755,253.082,1+ALB+AST+ALT+gGT+Lys+Ile;0.755,261.524,1+BUN+ALT+His+Asn+Thr+Orn;0.755,252.714,1+ALB+ALT+NEFA+3MeHis+Arg+Orn;0.755,256.306,1+ALB+BUN+gGT+Glc+Lys+Ile;0.755,252.733,1+ALB+ALT+3MeHis+Arg+Orn+Tyr;0.755,256.048,1+ALB+BUN+BHBA+Glc+Lys+Ile;0.755,252.617,1+ALB+ALT+NEFA+BHBA+Arg+Lys;0.755,253.233,1+ALB+AST+ALT+Glc+His+Arg;0.755,253.676,1+ALB+ALT+T-BIL+Glc+Orn+Lys;0.755,251.492,1+ALB+BUN+AST+3MeHis+Asp+Orn;0.755,251.817,1+ALB+BUN+AST+NEFA+Asp+Phe;0.755,253.466,1+ALB+ALT+BHBA+His+Lys+Ile;0.755,253.479,1+ALB+ALT+BHBA+Glc+His+Lys;0.755,253.571,1+ALB+ALT+NEFA+T-BIL+Thr+Lys;0.755,253.682,1+ALB+BUN+ALT+gGT+T-BIL+Thr;0.755,253.690,1+ALB+ALT+T-BIL+Glc+Lys+Ile;0.755,252.821,1+ALB+AST+ALT+gGT+Arg+Orn;0.755,252.824,1+ALB+AST+ALT+Arg+Orn

n+Val;0.755,253.526,1+ALB+BUN+ALT+gGT+His+Thr;0.755,252.771,
 1+ALB+ALT+NEFA+His+Thr+Lys;0.755,255.765,1+ALB+AST+Lys+Tyr+Val+Trp;0.755,255.980,
 1+ALB+AST+NEFA+BHBA+Thr+Lys;0.755,254.
 652,1+ALB+AST+NEFA+Arg+Asp+Orn;0.755,253.327,1+ALB+Ca+AST+A
 5 LT+BHBA+Arg;0.755,252.180,1+ALB+AST+ALT+NEFA+3MeHis+Arg;0.7
 55,252.739,1+ALB+AST+ALT+Glc+Arg+Thr;0.755,252.730,1+ALB+AL
 T+3MeHis+Arg+Orn+Val;0.755,254.704,1+ALB+BUN+NEFA+Arg+Tyr+T
 rp;0.755,253.532,1+ALB+BUN+ALT+BHBA+Glc+Orn;0.755,253.539,1
 +ALB+BUN+ALT+BHBA+Glc+Thr;0.755,252.717,1+ALB+ALT+BHBA+Arg+
 10 Thr+Lys;0.755,252.752,1+ALB+BUN+NEFA+Asp+Val+Trp;0.755,253.614,1+ALB+ALT+NEFA+T-
 BIL+BHBA+Lys;0.755,256.317,1+ALB+NEFA+Glc+His+Orn+Lys;0.755,253.468,1+ALB+ALT+T-
 BIL+BHBA+His+Lys;0.755,252.827,1+ALB+AST+ALT+NEFA+Lys+Tyr;0.755,254.096,1+ALB+AST+ALT+T-
 BIL+His+Orn;0.755,256.069,1+ALB+AST+NEFA+Glc+Arg+Orn;0.755,252.852,1+ALB+BUN+AST+Asp+Orn+Phe;
 0.755,253.535,1+ALB+ALT+Orn+Tyr+Val+Trp;0.755,253.589,1+ALB+ALT+Glc+Thr+O
 15 rn+Lys;0.755,253.628,1+ALB+ALT+Glc+His+Lys+Ile;0.755,253.63
 1,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Glc+Thr;0.755,250.700,1+ALB+AST+ALT+3M
 eHis+Asp+Orn;0.755,256.357,1+ALB+AST+gGT+Arg+Lys+Ile;0.755,
 253.600,1+ALB+AST+3MeHis+Arg+Orn+Trp;0.755,254.909,1+ALB+BU
 N+AST+NEFA+Thr+Orn;0.755,255.011,1+ALB+BUN+AST+T-BIL+Arg+Orn;0.755,253.569,1+ALB+Ca+ALT+
 20 Thr+Orn+Lys;0.755,253.321,1+ALB+BUN+Ca+ALT+BHBA+Orn;0.755,254.086,1+ALB+ALT+NEFA+Glc+Arg+
 Ile;0.755,253.775,1+ALB+AST+ALT+NEFA+Tyr+Phe;0.755,253.014,
 1+ALB+BUN+ALT+3MeHis+Orn+Val;0.755,253.241,1+ALB+AST+ALT+BH
 BA+His+Arg;0.755,253.463,1+ALB+ALT+T-BIL+Arg+Orn+Ile;0.755,
 253.487,1+ALB+ALT+NEFA+Orn+Lys+Tyr;0.755,252.745,1+ALB+BUN+
 25 NEFA+Asp+Tyr+Trp;0.755,253.319,1+ALB+ALT+Glc+Arg+Thr+Orn;0.
 755,253.395,1+ALB+BUN+ALT+BHBA+His+Thr;0.755,254.718,1+ALB+
 AST+NEFA+Arg+Val+Trp;0.755,256.499,1+ALB+AST+NEFA+Glc+His+O
 rn;0.755,257.693,1+ALB+AST+Glc+Thr+Orn+Ile;0.755,254.461,1+
 ALB+BUN+AST+His+Thr+Orn;0.755,255.257,1+ALB+Ca+AST+NEFA+His
 30 +Lys;0.755,256.167,1+ALB+BUN+gGT+Thr+Orn+Lys;0.755,252.737,1+ALB+AST+ALT+T-
 BIL+Arg+Thr;0.755,254.211,1+ALB+BUN+NEFA+3M
 eHis+Arg+Phe;0.755,255.954,1+ALB+BUN+BHBA+Thr+Orn+Lys;0.755,
 253.163,1+ALB+ALT+NEFA+3MeHis+Orn+Trp;0.755,253.187,1+ALB+N
 EFA+3MeHis+Arg+Asp+Lys;0.755,255.972,1+ALB+BUN+Glc+Arg+Thr+
 35 Lys;0.755,253.520,1+ALB+ALT+NEFA+Orn+Tyr+Trp;0.755,253.757,
 1+ALB+ALT+gGT+NEFA+Glc+Lys;0.755,252.807,1+ALB+ALT+gGT+Glc+
 Arg+Lys;0.755,253.412,1+ALB+BUN+ALT+His+Thr+Ile;0.755,253.5
 04,1+ALB+ALT+gGT+BHBA+His+Lys;0.755,253.689,1+ALB+ALT+gGT+N
 EFA+Thr+Lys;0.755,253.497,1+ALB+ALT+gGT+T-BIL+His+Lys;0.755,253.685,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+T-
 40 BIL+Thr;0.755,254.534,1+ALB+AST+3MeHis+Orn+Tyr+Trp;0.755,254.832,1+ALB+BUN+His+Arg+Thr+Or
 n;0.755,256.148,1+ALB+BUN+AST+gGT+His+Orn;0.755,257.774,1+A
 LB+AST+BHBA+Thr+Orn+Ile;0.755,257.390,1+ALB+AST+Glc+Arg+Orn+Ile;0.755,255.843,1+ALB+AST+T-
 BIL+His+Thr+Orn;0.755,252.767,1+ALB+BUN+Ca+AST+ALT+Orn;0.755,253.913,1+ALB+Ca+ALT+BHBA+
 Arg+Ile;0.755,253.472,1+ALB+Ca+ALT+NEFA+Orn+Lys;0.754,252.7
 45 36,1+ALB+3MeHis+Arg+Asp+Lys+Trp;0.754,253.143,1+ALB+AST+ALT+T-
 BIL+His+Arg;0.754,253.342,1+ALB+3MeHis+Arg+Asp+Lys+Phe;0.
 754,254.924,1+ALB+BUN+Arg+Tyr+Val+Trp;0.754,256.289,1+ALB+AST+T-
 BIL+Glc+Arg+Lys;0.754,249.980,1+ALB+AST+ALT+3MeHis+Asp+Trp;0.754,252.789,1+ALB+ALT+T-
 BIL+BHBA+Arg+Lys;0.754,253.424,1+ALB+BUN+ALT+T-BIL+His+Thr;0.754,253.941,1+ALB+ALT+T-BI
 50 L+BHBA+Thr+Lys;0.754,252.764,1+ALB+AST+ALT+gGT+Orn+Lys;0.75
 4,256.913,1+ALB+AST+Arg+Orn+Lys+Tyr;0.754,252.583,1+ALB+AST
 +ALT+gGT+NEFA+Lys;0.754,256.739,1+ALB+AST+NEFA+BHBA+Thr+Or
 n;0.754,253.113,1+ALB+AST+ALT+gGT+T-BIL+Lys;0.754,256.361,1
 +ALB+Ca+AST+NEFA+His+Orn;0.754,256.067,1+ALB+BUN+BHBA+Glc+O
 55 rn+Lys;0.754,252.195,1+ALB+ALT+Asp+Tyr+Val+Phe;0.754,253.43
 7,1+ALB+BUN+ALT+BHBA+Orn+Ile;0.754,252.209,1+ALB+BUN+AST+AL
 T+Orn+Tyr;0.754,253.448,1+ALB+ALT+gGT+NEFA+Arg+Thr;0.754,25
 4.388,1+ALB+AST+3MeHis+Arg+Lys+Phe;0.754,254.618,1+ALB+AST+
 NEFA+His+Arg+Orn;0.754,254.997,1+ALB+AST+NEFA+His+Thr+Lys;0.
 60 754,253.908,1+ALB+Ca+ALT+gGT+Arg+Ile;0.754,253.651,1+ALB+BU
 N+Ca+ALT+Thr+Ile;0.754,253.325,1+ALB+Ca+AST+ALT+Glc+Arg;0.7
 54,257.162,1+ALB+Ca+AST+Arg+Orn+Ile;0.754,253.285,1+ALB+AST
 +ALT+His+Arg+Ile;0.754,255.192,1+ALB+BUN+T-BIL+BHBA+Arg+Ly
 s;0.754,256.208,1+ALB+BUN+Orn+Lys+Tyr+Val;0.754,253.688,1+A
 65 LB+ALT+gGT+Glc+Orn+Lys;0.754,253.764,1+ALB+ALT+NEFA+BHBA+Gl
 c+Lys;0.754,253.767,1+ALB+ALT+gGT+NEFA+BHBA+Lys;0.754,253.8

05, 1+ALB+AST+3MeHis+Arg+Phe+Trp; 0.754, 253.934, 1+ALB+ALT+gGT
+BHBA+Thr+Lys; 0.754, 254.061, 1+ALB+BUN+AST+3MeHis+Arg+Orn; 0.
754, 254.484, 1+ALB+AST+NEFA+3MeHis+Lys+Phe; 0.754, 254.608, 1+A
LB+AST+NEFA+Arg+Phe+Trp; 0.754, 253.538, 1+ALB+Ca+ALT+gGT+Arg+ Orn; 0.754, 253.678,
5 1+ALB+BUN+Ca+ALT+gGT + Thr; 0.754, 253.625, 1 +
ALB+Ca+ALT+gGT+Orn+Lys; 0.754, 256.945, 1+ALB+Ca+AST+T-BIL+His
+Orn; 0.754, 253.503, 1+ALB+AST+ALT+gGT+T-BIL+Arg; 0.754, 253.51 6, 1+ALB+AST+ALT+T-
BIL+BHBA+Arg; 0.754, 253.560, 1+ALB+AST+ALT+
gGT+BHBA+Arg; 0.754, 256.035, 1+ALB+BUN+BHBA+Glc+Thr+Lys; 0.754,
10 256.067, 1+ALB+BUN+gGT+BHBA+Orn+Lys; 0.754, 256.089, 1+ALB+BUN+
Arg+Orn+Lys+Val; 0.754, 253.656, 1+ALB+ALT+gGT+BHBA+Orn+Lys; 0. 754, 253.679, 1+ALB+ALT+gGT+T-
BIL+Orn+Lys; 0.754, 252.479, 1+ALB +BUN+NEFA+Arg+Asp+Trp; 0.754, 253.440, 1+ALB+BUN+ALT+NEFA+His+
Thr; 0.754, 253.531, 1+ALB+ALT+BHBA+Glc+Arg+Thr; 0.754, 253.865,
1+ALB+ALT+BHBA+Glc+Thr+Lys; 0.754, 257. 186, 1+ALB+AST+Orn+Lys+
15 Val+Phe; 0.754, 253.494, 1+ALB+ALT+gGT+T-BIL+Arg+Thr; 0.754, 251.
894, 1+ALB+AST+3MeHis+Asp+Phe+Trp; 0.754, 253.408, 1+ALB+AST+AL
T+gGT+Glc+Lys; 0.754, 255.191, 1+ALB+BUN+AST+NEFA+His+Orn; 0.75
4, 255.975, 1+ALB+AST+NEFA+BHBA+Arg+Orn; 0.754, 256.066, 1+ALB+A
ST+NEFA+Arg+Orn+Val; 0.754, 252.536, 1+ALB+Ca+ALT+NEFA+Arg+Ly s; 0.754, 253.625, 1+ALB+Ca+ALT+T-
20 BIL+Orn+Lys; 0.754, 255.314, 1+ ALB+BUN+Ca+T-BIL+BHBA+Lys; 0.754, 253.998, 1+ALB+Ca+AST+ALT+Hi
s+Orn; 0.754, 258.839, 1+ALB+NEFA+Orn+Tyr+Val+Phe; 0.754, 255.19 2, 1+ALB+BUN+T-
BIL+Glc+Arg+Lys; 0.754, 253.668, 1+ALB+ALT+T-BIL
+BHBA+Orn+Lys; 0.754, 256.064, 1+ALB+BUN+Glc+Arg+Orn+Lys; 0.754, 252.406, 1+ALB+ALT+NEFA+T-
BIL+Arg+Lys; 0.754, 252.788, 1+ALB+AL T+BHBA+Glc+Arg+Lys; 0.754, 252.789, 1+ALB+ALT+gGT+BHBA+Arg+Ly
25 s; 0.754, 253.518, 1+ALB+ALT+T-BIL+Glc+Arg+Thr; 0.754, 253.611, 1 +ALB+BUN+ALT+T-
BIL+Glc+Thr; 0.754, 255.751, 1+ALB+AST+Lys+Val+
Phe+Trp; 0.754, 253.695, 1+ALB+AST+ALT+NEFA+Thr+Orn; 0.754, 256. 909, 1+ALB+AST+gGT+T-
BIL+His+Orn; 0.754, 255.995, 1+ALB+Ca+AST+ NEFA+BHBA+Lys; 0.754, 255.257, 1+ALB+BUN+Ca+T-BIL+Thr+Lys;
0.75 4, 253.497, 1+ALB+AST+ALT+T-BIL+Glc+Arg; 0.754, 257.210, 1+ALB+N
30 EFA+Orn+Tyr+Phe+Trp; 0.754, 252.731, 1+ALB+AST+ALT+gGT+Arg+Th r; 0.754, 255.192, 1+ALB+BUN+T-
BIL+Arg+Orn+Lys; 0.754, 253.678, 1 +ALB+ALT+NEFA+BHBA+Arg+Orn; 0.754, 253.967, 1+ALB+ALT+gGT+T-BI
L+Thr+Lys; 0.754, 252.910, 1+ALB+AST+ALT+NEFA+Arg+Val; 0.754, 25 3.528, 1+ALB+ALT+T-
BIL+BHBA+Arg+Thr; 0.754, 253.241, 1+ALB+ALT+
gGT+His+Thr+Lys; 0.754, 254.611, 1+ALB+BUN+AST+3MeHis+Val+Phe;
35 0.754, 255.388, 1+ALB+AST+Arg+Asp+Orn+Lys; 0.754, 254.936, 1+ALB
+BUN+AST+His+Arg+Orn; 0.754, 252.698, 1+ALB+Ca+ALT+gGT+Arg+Ly
s; 0.754, 253.506, 1+ALB+Ca+ALT+NEFA+Arg+Orn; 0.754, 256.436, 1+A
LB+BUN+Arg+Orn+Val+Phe; 0.754, 255.311, 1+ALB+AST+3MeHis+Orn+L
ys+Tyr; 0.754, 254.616, 1+ALB+BUN+NEFA+Arg+Orn+Trp; 0.754, 252.8
40 31, 1+ALB+BUN+Asp+Tyr+Val+Trp; 0.754, 257.084, 1+ALB+T-BIL+His+
Orn+Lys+Ile; 0.754, 253.835, 1+ALB+ALT+gGT+Glc+Lys+Ile; 0.754, 2
53.422, 1+ALB+AST+ALT+3MeHis+Val+Phe; 0.754, 254.810, 1+ALB+AST
+3MeHis+Arg+Orn+Phe; 0.754, 257.222, 1+ALB+AST+Orn+Lys+Tyr+Ph e; 0.754, 253.160, 1+ALB+ALT+Glc+His +
Thr+Lys; 0.754, 255.839, 1+A LB+BUN+AST+NEFA+Glc+Orn; 0.754, 253.714, 1+ALB+AST+NEFA+3MeHis
45 +Arg+Trp; 0.754, 252.697, 1+ALB+Ca+ALT+T-BIL+Arg+Lys; 0.754, 255. 971, 1+ALB+Ca+AST+NEFA+T-
BIL+Lys; 0.754, 256.221, 1+ALB+BUN+Ca+ Glc+Thr+Lys; 0.754, 252.317, 1+ALB+BUN+ALT+3MeHis+Orn+Tyr; 0.75
4, 253.539, 1+ALB+AST+ALT+gGT+Glc+Arg; 0.754, 255.315, 1+ALB+BUN
+NEFA+Arg+Orn+Phe; 0.754, 252.075, 1+ALB+ALT+Arg+Asp+Orn+Val; 0.
754, 254.006, 1+ALB+ALT+NEFA+BHBA+Arg+Ile; 0.754, 253.660, 1+ALB +BUN+ALT+T-
50 BIL+Thr+Ile; 0.754, 254.562, 1+ALB+ALT+gGT+Thr+Orn+
Ile; 0.754, 251.443, 1+ALB+AST+ALT+Arg+Asp+Val; 0.754, 255.072, 1
+ALB+AST+Arg+Lys+Phe+Trp; 0.754, 256.435, 1+ALB+AST+NEFA+His+O rn+Ile; 0.754, 256.480, 1+ALB+AST+T-
BIL+Glc+Orn+Lys; 0.754, 255. 256, 1+ALB+AST+NEFA+Asp+Orn+Val; 0.754, 256.465, 1+ALB+AST+T-BI
L+BHBA+His+Lys; 0.754, 253.525, 1+ALB+Ca+ALT+T-BIL+Arg+Orn; 0.7 54, 255.314, 1+ALB+BUN+Ca+gGT+T-
55 BIL+Lys; 0.754, 253.278, 1+ALB+C a+AST+ALT+T-BIL+Arg; 0.754, 255.967, 1+ALB+Ca+AST+NEFA+Arg+Or
n; 0.754, 253.503, 1+ALB+Ca+AST+ALT+Glc+Lys; 0.754, 256.061, 1+AL
B+BUN+Ca+Thr+Orn+Lys; 0.754, 256.364, 1+ALB+BUN+Arg+Orn+Tyr+Ph
e; 0.754, 255.918, 1+ALB+3MeHis+Orn+Val+Phe+Trp; 0.754, 253.344,
1+ALB+3MeHis+Arg+Asp+Orn+Lys; 0.754, 256.085, 1+ALB+BUN+Arg+Or
60 n+Lys+Tyr; 0.754, 252.807, 1+ALB+NEFA+3MeHis+Asp+Lys+Trp; 0.754,
253.534, 1+ALB+BUN+ALT+NEFA+BHBA+Orn; 0.754, 253.108, 1+ALB+ALT
+BHBA+His+Thr+Lys; 0.754, 253.495, 1+ALB+ALT+gGT+Glc+Arg+Thr; 0.
754, 257.368, 1+ALB+AST+NEFA+Glc+Orn+Ile; 0.754, 253.599, 1+ALB+
BUN+Ca+ALT+BHBA+Thr; 0.754, 253.222, 1+ALB+Ca+ALT+Arg+Thr+Orn;
65 0.754, 253.565, 1+ALB+Ca+ALT+His+Lys+Ile; 0.754, 253.343, 1+ALB+
Ca+AST+ALT+Thr+Lys; 0.754, 255.952, 1+ALB+BUN+Ca+BHBA+Lys+Ile;

0.754,252.156,1+ALB+AST+ALT+3MeHis+Arg+Val;0.754,256.323,1+ALB+BUN+gGT+Glc+Thr+Lys;0.754,255.189,1+ALB+BUN+gGT+T-BIL+Arg+Lys;0.754,253.471,1+ALB+ALT+NEFA+T-BIL+Arg+Orn;0.754,253.533,1+ALB+BUN+ALT+T-BIL+BHBA+Orn;0.754,253.719,1+ALB+ALT+NEFA+Glc+Arg+Orn;0.754,256.895,1+ALB+His+Arg+Orn+Lys+Ile;
5 0.754,256.312,1+ALB+BUN+AST+Glc+His+Orn;0.754,253.943,1+ALB+Ca+ALT+T-BIL+Arg+Ile;0.754,252.694,1+ALB+Ca+ALT+Glc+Arg+Lys;0.754,253.614,1+ALB+Ca+ALT+BHBA+Orn+Lys;0.754,253.678,1+ALB+Ca+ALT+NEFA+Thr+Lys;0.754,253.462,1+ALB+Ca+ALT+T-BIL+His+Lys;0.754,252.959,1+ALB+Ca+AST+ALT+His+Arg;0.754,256.372,1+ALB+3MeHis+Arg+Orn+Lys+Val;0.754,256.015,1+ALB+NEFA+3MeHis+Lys+Val+Trp;0.754,256.419,1+ALB+NEFA+Arg+Lys+Tyr+Trp;0.754,253.440,1+ALB+BUN+ALT+Glc+His+Thr;0.754,254.547,1+ALB+ALT+NEFA+Thr+Orn+Ile;0.754,253.506,1+ALB+ALT+gGT+BHBA+Arg+Thr;0.754,255.342,1+ALB+NEFA+His+Arg+Lys+Ile;0.754,255.487,1+ALB+AST+Asp+Orn+Lys+Phe;0.754,255.719,1+ALB+AST+3MeHis+Lys+Tyr+Phe;0.754,255.339,1+ALB+AST+NEFA+Asp+Orn+Tyr;0.754,255.963,1+ALB+AST+NEFA+T-BIL+Arg+Orn;0.754,256.519,1+ALB+AST+T-BIL+Thr+Orn+Lys;0.754,256.372,1+ALB+AST+T-BIL+Glc+His+Lys;0.754,253.943,1+ALB+Ca+ALT+Glc+Arg+Ile;0.754,252.693,1+ALB+Ca+ALT+BHBA+Arg+Lys;0.754,253.521,1+ALB+Ca+ALT+BHBA+Arg+Orn;0.754,253.341,1+ALB+Ca+AST+ALT+BHBA+Lys;0.754,257.276,1+ALB+Ca+AST+NEFA+Orn+Ile;0.754,256.396,1+ALB+BUN+Ca+gGT+Glc+Lys;0.754,255.308,1+ALB+BUN+Ca+T-BIL+Glc+Lys;0.754,253.125,1+ALB+Ca+ALT+NEFA+His+Lys;0.754,257.505,1+ALB+Orn+Lys+Tyr+Phe+Trp;0.754,256.391,1+ALB+3MeHis+Lys+Tyr+Phe+Trp;0.754,252.848,1+ALB+3MeHis+Asp+Orn+Lys+Trp;0.754,254.775,1+ALB+BUN+NEFA+Arg+Val+Trp;0.754,255.770,1+ALB+BUN+BHBA+Arg+Thr+Lys;0.754,253.582,1+ALB+ALT+Orn+Lys+Tyr+Val;0.754,256.305,1+ALB+AST+T-BIL+Arg+Thr+Lys;0.754,253.440,1+ALB+ALT+NEFA+Glc+Arg+Thr;0.754,253.609,1+ALB+ALT+gGT+His+Lys+Ile;0.754,256.749,1+ALB+gGT+NEFA+Arg+Lys+Ile;0.754,255.214,1+ALB+BUN+AST+Arg+Thr+Orn;0.754,254.202,1+ALB+AST+ALT+Glc+His+Orn;0.754,254.504,1+ALB+BUN+AST+NEFA+Val+Phe;0.754,257.313,1+ALB+AST+NEFA+BHBA+Orn+Ile;0.754,255.479,1+ALB+BUN+AST+gGT+NEFA+Orn;0.754,256.366,1+ALB+AST+His+Arg+Orn+Ile;0.754,253.756,1+ALB+Ca+ALT+NEFA+BHBA+Lys;0.754,253.657,1+ALB+Ca+ALT+T-BIL+Lys+Ile;0.754,253.282,1+ALB+Ca+ALT+NEFA+His+Arg;0.754,256.176,1+ALB+BUN+Ca+gGT+Lys+Ile;0.754,251.231,1+ALB+AST+ALT+Asp+Tyr+Trp;0.754,253.247,1+ALB+ALT+3MeHis+Orn+Tyr+Trp;0.754,256.708,1+ALB+NEFA+Glc+Arg+Lys+Ile;0.754,253.748,1+ALB+ALT+gGT+BHBA+Lys+Ile;0.754,253.750,1+ALB+ALT+BHBA+Glc+Lys+Ile;0.754,253.926,1+ALB+AST+ALT+NEFA+3MeHis+Orn;0.754,253.179,1+ALB+AST+ALT+gGT+BHBA+Lys;0.754,253.218,1+ALB+BUN+AST+ALT+T-BIL+Thr;0.754,254.595,1+ALB+BUN+AST+3MeHis+Tyr+Phe;0.754,257.079,1+ALB+AST+T-BIL+Glc+His+Orn;0.754,257.324,1+ALB+AST+BHBA+Glc+Orn+Lys;0.754,257.960,1+ALB+AST+T-BIL+BHBA+Orn+Ile;0.754,253.914,1+ALB+Ca+ALT+BHBA+Thr+Lys;0.754,257.719,1+ALB+Ca+AST+Thr+Orn+Ile;0.754,253.937,1+ALB+Ca+ALT+T-BIL+Thr+Lys;0.754,253.495,1+ALB+Ca+ALT+BHBA+His+Lys;0.754,252.938,1+ALB+ALT+3MeHis+Arg+Tyr+Val;0.754,254.714,1+ALB+BUN+Arg+Asp+Orn+Phe;0.754,258.060,1+ALB+NEFA+Arg+Orn+Tyr+Phe;0.754,253.704,1+ALB+ALT+NEFA+T-BIL+Glc+Lys;0.754,253.762,1+ALB+ALT+BHBA+Glc+Arg+Orn;0.754,250.953,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Asp+Tyr;0.754,253.709,1+ALB+ALT+gGT+T+NEFA+Arg+Orn;0.754,253.743,1+ALB+AST+ALT+NEFA+Val+Phe;0.754,253.298,1+ALB+BUN+AST+ALT+gGT+Thr;0.754,257.418,1+ALB+AST+Orn+Lys+Tyr+Val;0.754,252.630,1+ALB+AST+3MeHis+Asp+Orn+Phe;0.754,254.901,1+ALB+AST+NEFA+3MeHis+Orn+Phe;0.754,255.476,1+ALB+AST+Asp+Orn+Lys+Tyr;0.754,255.799,1+ALB+BUN+AST+NEFA+T-BIL+Orn;0.754,256.812,1+ALB+Ca+AST+T-BIL+Lys+Ile;0.754,252.639,1+ALB+Ca+ALT+Arg+Thr+Lys;0.754,253.914,1+ALB+Ca+ALT+gGT+NEFA+Arg;0.754,253.857,1+ALB+Ca+ALT+NEFA+BHBA+Arg;0.754,254.496,1+ALB+Ca+ALT+Thr+Orn+Ile;0.754,257.747,1+ALB+Ca+AST+BHBA+His+Orn;0.754,255.844,1+ALB+BUN+Ca+Arg+Thr+Lys;0.754,254.484,1+ALB+BUN+3MeHis+Arg+Tyr+Phe;0.754,256.081,1+ALB+BUN+gGT+Arg+Orn+Lys;0.754,253.632,1+ALB+ALT+NEFA+Arg+Orn+Val;0.754,256.250,1+ALB+AST+T-BIL+BHBA+Arg+Lys;0.754,255.881,1+ALB+BUN+AST+Arg+Orn+Ile;0.754,253.223,1+ALB+BUN+AST+ALT+NEFA+Thr;0.754,257.285,1+ALB+AST+BHBA+Thr+Orn+Lys;0.754,257.422,1+ALB+AST+BHBA+Arg+Orn+Ile;0.754,253.704,1+ALB+AST+NEFA+Asp+Phe+Trp;0.754,255.512,1+ALB+AST+gGT+NEFA+T-BIL+Lys;0.754,256.714,1+ALB+AST+NEFA+T-BIL+Thr+Orn;0.753,254.039,1+ALB+Ca+ALT+gGT+T-BIL+Arg;0.753,253.541,1+ALB+Ca+ALT+Glc+Arg+Orn;0.

753,255.974, 1+ALB+Ca+AST+NEFA+Glc+Lys;0.753,256.176, 1+ALB+B
 UN+Ca+Glc+Orn+Lys;0.753,254.707, 1+ALB+BUN+Asp+Orn+Val+Phe;0.
 753,256.762, 1+ALB+NEFA+3MeHis+Lys+Tyr+Phe;0.753,255.957, 1+A
 LB+BUN+gGT+Arg+Thr+Lys;0.753,252.505, 1+ALB+ALT+NEFA+Arg+Asp + Tyr; 0.753,253.644,
 5 1+ALB+ALT+BHBA+Glc+Orn+Lys; 0.753, 253.661, 1+ALB+ALT+gGT+NEFA+T-
 BIL+Lys;0.753,253.717, 1+ALB+ALT+NEFA+A rg+Orn+Tyr;0.753,253.859, 1+ALB+ALT+NEFA+T-BIL+Glc+Arg;0.753,
 256.012, 1+ALB+NEFA+His+Thr+Orn+Lys;0.753,251.908, 1+ALB+ALT+
 Asp+Tyr+Val+Trp;0.753,253.924, 1+ALB+ALT+T-BIL+Glc+Thr+Lys;0.
 753,254.167, 1+ALB+AST+ALT+BHBA+His+Orn;0.753,256.372, 1+ALB+
 10 AST+His+Thr+Orn+Ile;0.753,257.350, 1+ALB+AST+NEFA+T-BIL+Glc+ Orn;0.753,255.923,
 1+ALB+BUN+Ca+Arg+Orn+Lys; 0.753,262.932, 1 +
 BUN+AST+His+Asn+Thr+Orn;0.753,256.461, 1+ALB+BUN+NEFA+Tyr+Va
 1+Phe;0.753,257.447, 1+ALB+NEFA+BHBA+Orn+Lys+Ile;0.753,256.1
 34, 1+ALB+BUN+Arg+Lys+Tyr+Val;0.753,256.376, 1+ALB+NEFA+3MeHi
 15 s+Lys+Tyr+Trp;0.753,252.029, 1+ALB+ALT+Arg+Asp+Tyr+Val;0.753,
 256.681, 1+ALB+NEFA+Arg+Orn+Lys+Ile;0.753,254.378, 1+ALB+ALT+
 Glc+Thr+Orn+Ile;0.753,252.103, 1+ALB+AST+ALT+Asp+Orn+Val;0.7 53,253.115, 1+ALB+ALT+T-
 BIL+His+Thr+Lys;0.753,253.854, 1+ALB+ AST+ALT+T-BIL+Thr+Orn;0.753,255.953, 1+ALB+Ca+AST+NEFA+Thr+L
 ys;0.753,258.676, 1+ALB+Ca+AST+Glc+Orn+Ile;0.753,253.610, 1+A
 20 LB+BUN+Ca+ALT+Glc+Thr;0.753,255.074, 1+ALB+BUN+Ca+T-BIL+Arg+
 Lys;0.753,256.221, 1+ALB+BUN+Ca+gGT+Thr+Lys;0.753,253.631, 1+
 ALB+BUN+Ca+ALT+NEFA+Thr;0.753,253.666, 1+ALB+Ca+ALT+Glc+His+
 Lys;0.753,256.177, 1+ALB+BUN+Ca+gGT+Orn+Lys;0.753,254.063, 1+
 ALB+ALT+gGT+NEFA+Arg+Ile;0.753,255.709, 1+ALB+3MeHis+Orn+Lys
 25 +Val+Trp;0.753,257.118, 1+ALB+NEFA+Asp+Orn+Tyr+Phe;0.753,253.
 431, 1+ALB+3MeHis+Asp+Orn+Lys+Tyr;0.753,253.756, 1+ALB+ALT+T-
 BIL+Glc+Arg+Orn;0.753,256.291, 1+ALB+3MeHis+Arg+Lys+Tyr+Phe;
 0.753,251.057, 1+ALB+ALT+3MeHis+Asp+Tyr+Trp;0.753,253.980, 1+
 ALB+ALT+gGT+Glc+Thr+Lys;0.753,251.914, 1+ALB+AST+ALT+Arg+Asp
 30 +Tyr;0.753,256.943, 1+ALB+AST+Glc+Arg+Orn+Lys;0.753,255.238, 1+ALB+BUN+AST+T-
 BIL+His+Orn;0.753,255.848, 1+ALB+BUN+AST+NEF
 A+BHBA+Orn;0.753,256.730, 1+ALB+AST+NEFA+Glc+Thr+Orn;0.753,2 57.341, 1+ALB+AST+NEFA+T-
 BIL+Orn+Ile;0.753,256.468, 1+ALB+AST +T-BIL+BHBA+Orn+Lys;0.753,253.362, 1+ALB+Ca+AST+ALT+gGT+Lys;
 0.753,255.968, 1+ALB+BUN+Ca+BHBA+Thr+Lys;0.753,258.659, 1+ALB
 35 +Ca+AST+BHBA+Orn+Ile;0.753,253.769, 1+ALB+Ca+ALT+gGT+Lys+I
 e;0.753,257.765, 1+ALB+Orn+Tyr+Val+Phe+Trp;0.753,257.256, 1+A
 LB+Arg+Orn+Tyr+Phe+Trp;0.753,252.840, 1+ALB+3MeHis+Asp+Lys+P
 he+Trp;0.753,255.076, 1+ALB+BUN+NEFA+Orn+Tyr+Trp;0.753,253.0
 87, 1+ALB+AST+ALT+gGT+NEFA+Arg;0.753,253.665, 1+ALB+ALT+Arg+O
 40 rn+Tyr+Val;0.753,254.038, 1+ALB+ALT+gGT+T-BIL+BHBA+Lys;0.753,
 256.372, 1+ALB+gGT+NEFA+His+Orn+Lys;0.753,254.029, 1+ALB+BUN+
 AST+NEFA+Val+Trp;0.753,254.263, 1+ALB+BUN+AST+NEFA+Arg+Thr;0. 753,257.031, 1+ALB+AST+T-
 BIL+His+Orn+Ile;0.753,254.039, 1+ALB +Ca+ALT+gGT+Glc+Arg;0.753,253.527, 1+ALB+Ca+ALT+T-BIL+His+Ar
 g;0.753,256.428, 1+ALB+3MeHis+Orn+Tyr+Phe+Trp;0.753,253.271,
 45 1+ALB+3MeHis+Asp+Orn+Lys+Va1;0.753,253.754, 1+ALB+BUN+ALT+NE
 FA+Tyr+Val;0.753,253.759, 1+ALB+ALT+gGT+Glc+Arg+Orn;0.753,25
 6.757, 1+ALB+His+Arg+Thr+Lys+Ile;0.753,251.921, 1+ALB+ALT+NEF
 A+Asp+Val+Trp;0.753,256.349, 1+ALB+NEFA+T-BIL+His+Orn+Lys;0.
 753,257.245, 1+ALB+AST+Arg+Orn+Tyr+Phe;0.753,253.245, 1+ALB+B
 50 UN+AST+ALT+His+Thr;0.753,255.498, 1+ALB+NEFA+His+Arg+Orn+Ly
 s;0.753,256.859, 1+ALB+AST+BHBA+Arg+Orn+Lys;0.753,256.942, 1+
 ALB+AST+Arg+Orn+Lys+Val;0.753,253.806, 1+ALB+BUN+AST+NEFA+3M
 eHis+Trp;0.753,255.142, 1+ALB+BUN+AST+T-BIL+Thr+Orn;0.753,25
 5.840, 1+ALB+BUN+AST+NEFA+Orn+Ile;0.753,256.394, 1+ALB+AST+Gl
 55 c+His+Arg+Orn;0.753,257.296, 1+ALB+Ca+AST+BHBA+Orn+Lys;0.753,
 253.318, 1+ALB+Ca+AST+ALT+gGT+Arg;0.753,254.216, 1+ALB+ALT+gG
 T+Glc+Arg+Ile;0.753,257.067, 1+ALB+NEFA+3MeHis+Orn+Val+Phe;0.
 753,253.572, 1+ALB+ALT+gGT+NEFA+His+Arg;0.753,254.800, 1+ALB+
 ALT+NEFA+BHBA+Thr+Orn;0.753,255.296, 1+ALB+Arg+Asp+Lys+Tyr+T
 60 rp;0.753,254.356, 1+ALB+AST+ALT+NEFA+T-BIL+Orn;0.753,253.250,
 1+ALB+BUN+AST+ALT+BHBA+Thr;0.753,253.343, 1+ALB+AST+ALT+Glc+
 Thr+Lys;0.753,256.529, 1+ALB+AST+gGT+NEFA+Thr+Orn;0.753,253.
 979, 1+ALB+AST+Arg+Asp+Val+Trp;0.753,253.932, 1+ALB+Ca+ALT+NE
 FA+Glc+Arg;0.753,257.985, 1+ALB+Ca+AST+T-BIL+Orn+Ile;0.753,2
 53.544, 1+ALB+Ca+ALT+Glc+His+Arg;0.753,253.965, 1+ALB+BUN+NEF
 65 A+Asp+Val+Phe;0.753,253.580, 1+ALB+ALT+NEFA+BHBA+His+Arg;0.7

53,253.256,1+ALB+NEFA+3MeHis+Asp+Lys+Phe;0.753,256.303,1+ALB+3MeHis+Lys+Tyr+Val+Trp;0.753,253.289,1+ALB+AST+ALT+gGT+His+Arg;0.753,253.756,1+ALB+ALT+gGT+BHBA+Arg+Orn;0.753,254.063,1+ALB+ALT+gGT+T-BIL+Glc+Lys;0.753,253.724,1+ALB+ALT+gGT+Glc+His+Lys;0.753,253.799,1+ALB+ALT+NEFA+T-BIL+Arg+Ile;0.753,254.076,1+ALB+BUN+AST+Arg+Asp+Orn;0.753,256.790,1+ALB+NEFA+His+Thr+Lys+Ile;0.753,257.119,1+ALB+T-BIL+Glc+His+Orn+Lys;0.753,253.351,1+ALB+BUN+AST+ALT+Thr+Ile;0.753,253.526,1+ALB+BUN+AST+3MeHis+Tyr+Trp;0.753,253.980,1+ALB+AST+Arg+Asp+Phe+Trp;0.753,255.549,1+ALB+AST+gGT+NEFA+Thr+Lys;0.753,256.493,1+ALB+Ca+AST+T-BIL+Orn+Lys;0.753,253.973,1+ALB+Ca+ALT+gGT+Thr+Lys;0.753,253.624,1+ALB+BUN+Ca+ALT+T-BIL+Thr;0.753,257.786,1+ALB+Ca+AST+Glc+His+Orn;0.753,253.779,1+ALB+BUN+NEFA+Arg+Asp+Phe;0.753,255.451,1+ALB+BUN+3MeHis+Tyr+Val+Trp;0.753.255.650,1+ALB+BUN+NEFA+Arg+Val+Phe;0.753,255.822,1+ALB+NEFA+Asp+Lys+Tyr+Phe;0.753,253.163,1+ALB+AST+ALT+Arg+Tyr+Val;0.753,254.390,1+ALB+AST+ALT+NEFA+BHBA+Orn;0.753,254.831,1+ALB+ALT+gGT+NEFA+Thr+Orn;0.753,257.293,1+ALB+AST+gGT+Glc+Orn+Lys;0.753,253.862,1+ALB+AST+ALT+BHBA+Thr+Orn;0.753,256.151,1+ALB+AST+BHBA+His+Arg+Lys;0.753,256.270,1+ALB+AST+gGT+T-BIL+His+Lys;0.753,254.031,1+ALB+Ca+ALT+gGT+BHBA+Arg;0.753,253.782,1+ALB+Ca+ALT+Glc+Lys+Ile;0.753,252.936,1+ALB+ALT+NEFA+3MeHis+Arg+Val;0.753,255.451,1+ALB+BUN+NEFA+3MeHis+Tyr+Trp;0.753,257.025,1+ALB+NEFA+Lys+Tyr+Phe+Trp;0.753,253.801,1+ALB+ALT+NEFA+Arg+Tyr+Val;0.753,253.828,1+ALB+ALT+gGT+Glc+His+Arg;0.753,255.330,1+ALB+3MeHis+Arg+Lys+Tyr+Trp;0.753,256.102,1+ALB+BUN+gGT+Glc+Arg+Lys;0.753,256.257,1+ALB+NEFA+3MeHis+Lys+Phe+Trp;0.753,253.904,1+ALB+AST+ALT+3MeHis+Orn+Val;0.753,256.099,1+ALB+BUN+3MeHis+Tyr+Val+Phe;0.753,256.392,1+ALB+NEFA+T-BIL+Arg+Lys+Ile;0.753,254.393,1+ALB+AST+ALT+NEFA+Orn+Ile;0.753,257.331,1+ALB+AST+NEFA+T-BIL+BHBA+Orn;0.753,258.244,1+ALB+AST+Glc+His+Lys+Ile;0.753,253.650,1+ALB+Ca+ALT+NEFA+T-BIL+Arg;0.753,253.545,1+ALB+Ca+ALT+BHBA+His+Arg;0.753,254.241,1+ALB+ALT+gGT+BHBA+Arg+Ile;0.753,252.940,1+ALB+NEFA+3MeHis+Asp+Lys+Val;0.753,253.601,1+ALB+ALT+NEFA+His+Arg+Ile;0.753,255.891,1+ALB+BUN+BHBA+Glc+Arg+Lys;0.753,256.199,1+ALB+BUN+gGT+BHBA+Glc+Lys;0.753,254.764,1+ALB+NEFA+Asp+Lys+Tyr+Trp;0.753,254.950,1+ALB+ALT+gGT+NEFA+His+Orn;0.753,253.029,1+ALB+ALT+NEFA+3MeHis+Arg+Tyr;0.753,253.412,1+ALB+ALT+NEFA+T-BIL+His+Arg;0.753,255.606,1+ALB+AST+3MeHis+Orn+Tyr+Phe;0.753,257.793,1+ALB+T-BIL+BHBA+Arg+Lys+Ile;0.753,252.196,1+ALB+AST+ALT+Asp+Orn+Tyr;0.753,256.891,1+ALB+AST+Arg+Orn+Lys+Phe;0.753,258.083,1+ALB+AST+T-BIL+Glc+Orn+Ile;0.753,254.735,1+ALB+AST+gGT+NEFA+Arg+Lys;0.753,256.013,1+ALB+AST+NEFA+T-BIL+Arg+Thr;0.753,256.573,1+ALB+AST+gGT+T-BIL+Lys+Ile;0.753,253.732,1+ALB+Ca+ALT+gGT+NEFA+Lys;0.753,253.534,1+ALB+Ca+ALT+His+Arg+Ile;0.753,255.963,1+ALB+BUN+Ca+Glc+Arg+Lys;0.753,254.242,1+ALB+ALT+gGT+T-BIL+Arg+Ile;0.753,254.248,1+ALB+ALT+BHBA+Glc+Arg+Ile;0.753,254.262,1+ALB+ALT+T-BIL+Glc+Arg+Ile;0.753,254.285,1+ALB+ALT+T-BIL+BHBA+Arg+Ile;0.753,257.086,1+ALB+His+Thr+Orn+Lys+Ile;0.753,252.901,1+ALB+ALT+Asp+Orn+Tyr+Val;0.753,253.705,1+ALB+ALT+NEFA+Lys+Tyr+Val;0.753,255.899,1+ALB+BUN+His+Thr+Orn+Ile;0.753,256.562,1+ALB+AST+NEFA+3MeHis+Orn+Val;0.753,253.239,1+ALB+BUN+AST+NEFA+Asp+Orn;0.753,256.763,1+ALB+AST+T-BIL+Arg+Thr+Orn;0.753,257.335,1+ALB+AST+NEFA+BHBA+Glc+Orn;0.753,257.945,1+ALB+AST+BHBA+His+Lys+Ile;0.753,256.110,1+ALB+AST+NEFA+BHBA+Arg+Thr;0.753,256.177,1+ALB+BUN+Ca+Glc+Lys+Ile;0.753,253.304,1+ALB+3MeHis+Asp+Lys+Tyr+Val;0.753,257.505,1+ALB+3MeHis+Lys+Tyr+Val+Phe;0.753,253.516,1+ALB+3MeHis+Asp+Orn+Lys+Phe;0.753,253.903,1+ALB+ALT+gGT+NEFA+T-BIL+Arg;0.753,253.813,1+ALB+AST+3MeHis+Arg+Val+Trp;0.753,254.392,1+ALB+AST+ALT+NEFA+Glc+Orn;0.753,255.640,1+ALB+AST+Arg+Asp+Lys+Phe;0.753,255.730,1+ALB+BUN+AST+gGT+T-BIL+Orn;0.753,255.984,1+ALB+BUN+AST+T-BIL+Glc+Orn;0.753,254.556,1+ALB+AST+Asp+Tyr+Phe+Trp;0.753,256.136,1+ALB+BUN+AST+BHBA+His+Orn;0.753,256.889,1+ALB+AST+T-BIL+BHBA+Arg+Orn;0.753,257.238,1+ALB+AST+gGT+Thr+Orn+Lys;0.753,257.369,1+ALB+AST+Glc+Thr+Orn+Lys;0.753,255.147,1+ALB+AST+NEFA+Arg+Asp+Tyr;0.753,255.551,1+ALB+AST+gGT+NEFA+Glc+Lys;0.753,253.732,1+ALB+Ca+ALT+NEFA+Glc+Lys;0.753,257.277,1+ALB+Ca+AST+NEFA+Glc+Orn;0.753,253.933,1+ALB+Ca+ALT+Glc+Thr+Lys;0.753,254.263,1

+ALB+Ca+AST+ALT+NEFA+Orn;0.753,255.870,1+ALB+BUN+BHBA+Arg+O
 rn+Lys;0.753,254.119,1+ALB+ALT+NEFA+BHBA+Glc+Arg;0.753,253.764,1+ALB+ALT+T-
 BIL+BHBA+Arg+Orn;0.753,251.532,1+ALB+ALT+3M
 eHis+Asp+Orn+Tyr;0.753,256.849,1+ALB+AST+gGT+Arg+Orn+Lys;0.
 5 753,253.240,1+ALB+AST+ALT+gGT+Thr+Lys;0.753,253.753,1+ALB+A
 ST+ALT+gGT+Thr+Orn;0.753,254.156,1+ALB+AST+ALT+His+Orn+Ile; 0.753,258.000,1+ALB+AST+T-
 BIL+BHBA+Glc+Orn;0.753,256.274,1+ ALB+AST+T-BIL+His+Thr+Lys;0.753,255.707,1+ALB+BUN+Ca+AST+NE
 FA+Orn;0.753,254.116,1+ALB+ALT+gGT+NEFA+BHBA+Arg;0.753,253.830,1+ALB+ALT+gGT+T-
 BIL+His+Arg;0.753,253.315,1+ALB+ALT+Glc +His + Thr+Orn; 0.753,256.366, 1+ALB+NEFA+BHBA+His+Orn+Lys;
 10 0.753,255.212,1+ALB+BUN+AST+NEFA+3MeHis+Orn;0.753,255.839,1+ALB
 +NEFA+BHBA+His+Arg+Lys;0.753,255.886,1+ALB+BUN+AST+Glc+Arg+ Orn;0.753,255.960,1+ALB+BUN+AST+T-
 BIL+BHBA+Orn;0.753,257.760,1+ALB+AST+gGT+BHBA+His+Orn;0.753,253.864,1+ALB+AST+ALT+3M
 eHis+Val+Trp;0.753,254.822,1+ALB+AST+NEFA+3MeHis+Arg+Orn;0.
 753,257.918,1+ALB+AST+BHBA+Glc+His+Orn;0.753,257.525,1+ALB+ AST+T-
 15 BIL+BHBA+Thr+Orn;0.753,253.507,1+ALB+Ca+ALT+gGT+His+A rg;
 0.753,253.731,1+ALB+Ca+ALT+BHBA+Lys+Ile; 0.752,257.409,1 +
 ALB+NEFA+3MeHis+Orn+Tyr+Phe;0.752,253.065,1+ALB+NEFA+3MeHis
 +Asp+Lys+Tyr;0.752,254.014,1+ALB+ALT+gGT+BHBA+Glc+Lys;0.752,
 255.025,1+ALB+ALT+gGT+BHBA+His+Orn;0.752,256.558,1+ALB+BUN+
 20 Arg+Thr+Orn+Ile;0.752,257.173,1+ALB+T-BIL+BHBA+His+Orn+Lys; 0.752,257.777, 1+ALB+T-
 BIL+Arg+Thr+Lys+Ile; 0.752,253.330,1+ALB+BUN+AST+ALT+Glc+Thr;0.752,253.417,1+ALB+AST+ALT+3MeHis+T
 yr+Phe;0.752,255.850,1+ALB+AST+Asp+Lys+Tyr+Val;0.752,257.83
 6,1+ALB+AST+Orn+Tyr+Val+Phe;0.752,257.153,1+ALB+AST+gGT+BHB
 A+Orn+Lys;0.752,254.030,1+ALB+AST+NEFA+Asp+Val+Trp;0.752,25
 25 7.227,1+ALB+Ca+AST+NEFA+BHBA+Orn;0.752,253.616,1+ALB+Ca+ALT
 +Glc+Orn+Lys;0.752,256.049,1+ALB+BUN+Ca+AST+His+Orn;0.752,256.901,1+ALB+Ca+AST+T-
 BIL+Arg+Orn;0.752,255.972,1+ALB+BUN+C
 a+BHBA+Orn+Lys;0.752,254.151,1+ALB+ALT+gGT+NEFA+Glc+Arg;0.7
 52,254.862,1+ALB+ALT+NEFA+His+Orn+Ile;0.752,254.952,1+ALB+A
 30 LT+NEFA+Glc+His+Orn;0.752,258.223,1+ALB+NEFA+Arg+Thr+Orn+I
 e;0.752,257.381,1+ALB+Ca+AST+Glc+Orn+Lys;0.752,254.012,1+ALB+Ca+ALT+T-
 BIL+BHBA+Lys;0.752,253.666,1+ALB+Ca+ALT+NEFA+T-B
 IL+Lys;0.752,256.778,1+ALB+Ca+AST+NEFA+Thr+Orn;0.752,254.10
 2,1+ALB+Ca+ALT+gGT+Glc+Lys;0.752,253.467,1+ALB+BUN+Ca+ALT+H
 35 is+Thr;0.752,257.259,1+ALB+Ca+AST+NEFA+T-BIL+Orn;0.752,256.
 139,1+ALB+Ca+AST+His+Arg+Orn;0.752,257.904,1+ALB+NEFA+Orn+L
 ys+Val+Phe;0.752,257.393,1+ALB+NEFA+Thr+Orn+Lys+Ile;0.752,2
 52.234,1+ALB+ALT+NEFA+Asp+Tyr+Trp;0.752,254.606,1+ALB+ALT+N EFA+T-
 BIL+Thr+Orn;0.752,254.956,1+ALB+ALT+NEFA+BHBA+His+Or
 40 n;0.752,256.884,1+ALB+AST+Arg+Thr+Orn+Lys;0.752,256.307,1+ALB+AST+gGT+T-
 BIL+Orn+Lys;0.752,258.660,1+ALB+Ca+AST+BHBA+Gl
 c+Orn;0.752,253.365,1+ALB+Ca+ALT+NEFA+Arg+Thr;0.752,255.980,
 1+ALB+BUN+3MeHis+Arg+Orn+Tyr;0.752,251.875,1+ALB+AST+ALT+As
 p+Val+Phe;0.752,253.591,1+ALB+ALT+NEFA+Glc+His+Arg;0.752,255.023,1+ALB+ALT+gGT+T-
 45 BIL+His+Orn;0.752,255.932,1+ALB+NEFA+ 3MeHis+Arg+Lys+Val;0.752,253.492,1+ALB+BUN+ALT+3MeHis+Tyr+V
 al;0.752,254.550,1+ALB+AST+ALT+T-BIL+BHBA+Orn;0.752,255.604,
 1+ALB+AST+Arg+Asp+Lys+Val;0.752,253.791,1+ALB+BUN+AST+3MeHi
 s+Val+Trp;0.752,258.795,1+ALB+AST+BHBA+Glc+Orn+Ile;0.752,25
 4.707,1+ALB+AST+Asp+Val+Phe+Trp;0.752,252.404,1+ALB+AST+3Me
 50 His+Asp+Val+Trp;0.752,254.030,1+ALB+Ca+ALT+gGT+T-BIL+Lys;0.
 752,256.109,1+ALB+BUN+Ca+gGT+BHBA+Lys;0.752,257.857,1+ALB+Ca+AST+T-
 BIL+BHBA+Orn;0.752,256.655,1+ALB+Ca+NEFA+Arg+Lys+Ile; 0.752,262.825,1+ALT+His+Asn+Thr+Orn+Ile;
 0.752,256.794, 1+ALB+NEFA+3MeHis+Orn+Lys+Val;0.752,253.874,1+ALB+ALT+BHBA+Glc
 +His+Arg;0.752,253.896,1+ALB+ALT+NEFA+T-BIL+BHBA+Arg;0.752,
 55 254.920,1+ALB+ALT+BHBA+His+Orn+Ile;0.752,252.579,1+ALB+AST+
 3MeHis+Arg+Asp+Phe;0.752,252.591,1+ALB+AST+NEFA+3MeHis+Arg+
 Asp;0.752,254.173,1+ALB+AST+ALT+gGT+NEFA+Orn;0.752,255.520,
 1+ALB+AST+Asp+Orn+Lys+Val;0.752,254.061,1+ALB+AST+ALT+gGT+H
 is+Orn;0.752,254.131,1+ALB+BUN+AST+NEFA+3MeHis+Arg;0.752,257.911,1+ALB+AST+gGT+T-
 60 BIL+Orn+Ile;0.752,257.964,1+ALB+AST+Glc+Thr+Lys+Ile;0.752,257.525,1+ALB+AST+T-BIL+Glc+Thr+Orn;0.
 752,257.637,1+ALB+AST+His+Thr+Lys+Ile;0.752,254.009,1+ALB+Ca+ALT+T-
 BIL+Glc+Lys;0.752,253.665,1+ALB+Ca+ALT+gGT+His+Lys;
 0.752,263.741,1+ALT+Glc+His+Asn+Thr+Orn;0.752,256.563,1+ALB
 +3MeHis+Arg+Orn+Lys+Tyr;0.752,253.509,1+ALB+BUN+AST+Arg+Asp
 65 +Phe;0.752,253.850,1+ALB+ALT+gGT+BHBA+His+Arg;0.752,251.603,
 1+ALB+ALT+NEFA+3MeHis+Asp+Orn;0.752,252.885,1+ALB+ALT+NEFA+

Asp+Orn+Val;0.752,253.751,1+ALB+ALT+gGT+T-BIL+Arg+Orn;0.752, 254.015,1+ALB+ALT+T-BIL+BHBA+Glc+Lys;0.752,254.032,1+ALB+AS
T+ALT+NEFA+Val+Trp;0.752,255.848,1+ALB+BUN+Glc+His+Thr+Orn;
0.752,257.356,1+ALB+AST+gGT+Arg+Orn+Ile;0.752,254.773,1+ALB +BUN+AST+T-
5 BIL+Arg+Thr;0.752,255.867,1+ALB+AST+3MeHis+Lys+T
yr+Val;0.752,252.339,1+ALB+AST+NEFA+3MeHis+Asp+Trp;0.752,25
7.651,1+ALB+Ca+AST+gGT+His+Orn;0.752,255.207,1+ALB+BUN+Arg+
Asp+Tyr+Phe;0.752,253.884,1+ALB+ALT+T-BIL+His+Arg+Ile;0.752,
251.554,1+ALB+ALT+3MeHis+Asp+Orn+Val;0.752,253.861,1+ALB+AL
10 T+gGT+His+Arg+Ile;0.752,253.875,1+ALB+ALT+Glc+His+Arg+Ile;0.
752,256.054,1+ALB+NEFA+3MeHis+Arg+Lys+Tyr;0.752,254.846,1+A
LB+ALT+gGT+BHBA+Thr+Orn;0.752,255.965,1+ALB+BUN+AST+T-BIL+O
rn+Ile;0.752,252.683,1+ALB+AST+3MeHis+Arg+Asp+Orn;0.752,253.
338,1+ALB+AST+ALT+Lys+Tyr+Val;0.752,253.431,1+ALB+ALT+NEFA+
15 His+Thr+Orn;0.752,256.463,1+ALB+AST+gGT+His+Thr+Orn;0.752,2
57.022,1+ALB+AST+gGT+NEFA+Orn+Ile;0.752,257.918,1+ALB+AST+B
HBA+Thr+Lys+Ile;0.752,255.569,1+ALB+AST+gGT+NEFA+BHBA+Lys;0. 752,254.071,1+ALB+Ca+ALT+T-
BIL+Glc+Arg;0.752,253.404,1+ALB+ Ca+ALT+T-BIL+Arg+Thr;0.752,257.211,1+ALB+3MeHis+Orn+Lys+Tyr
+Val;0.752,257.070,1+ALB+3MeHis+Orn+Lys+Tyr+Phe;0.752,255.8
20 88,1+ALB+BUN+gGT+BHBA+Arg+Lys;0.752,257.437,1+ALB+NEFA+Orn+
Val+Phe+Trp;0.752,254.263,1+ALB+AST+ALT+NEFA+Orn+Val;0.752,
254.604,1+ALB+AST+ALT+Glc+Orn+Ile;0.752,256.507,1+ALB+T-BIL
+His+Arg+Orn+Lys;0.752,255.871,1+ALB+BUN+AST+gGT+Arg+Orn;0.
752,256.390,1+ALB+AST+Glc+His+Arg+Lys;0.752,257.959,1+ALB+C a+AST+T-
25 BIL+Glc+Orn;0.752,254.621,1+ALB+3MeHis+Asp+Orn+Tyr+ Phe;0.752,253.884,1+ALB+ALT+T-
BIL+BHBA+His+Arg;0.752,254.316,1+ALB+ALT+gGT+T-BIL+BHBA+Arg;0.752,256.946,1+ALB+NEFA+Glc +His +
Thr+Lys; 0.752,258.705, 1+ALB+AST+gGT+Glc+Orn+Ile; 0.752,
258.647,1+ALB+AST+gGT+BHBA+Orn+Ile;0.752,255.472,1+ALB+BUN+
AST+NEFA+Orn+Tyr;0.752,256.185,1+ALB+BUN+Ca+His+Arg+Orn;0.7
30 52,254.064,1+ALB+Ca+ALT+BHBA+Glc+Arg;0.752,255.811,1+ALB+BU
N+Ca+His+ Thr+Orn;0.752,253.218,1+ALB+Ca+ALT+His+Thr+Lys;0.7
52,254.439,1+ALB+Ca+AST+ALT+Orn+Ile;0.752,256.821,1+ALB+T-B
IL+His+Arg+Lys+Ile;0.752,257.825,1+ALB+NEFA+Orn+Lys+Tyr+Ph
e;0.752,256.221,1+ALB+NEFA+3MeHis+Orn+Lys+Trp;0.752,257.101,
35 1+ALB+NEFA+Orn+Lys+Tyr+Trp;0.752,254.722,1+ALB+ALT+NEFA+Glc +Thr+Orn;0.752,255.026,1+ALB+ALT+T-
BIL+BHBA+His+Orn;0.752,255.031,1+ALB+ALT+gGT+Glc+His+Orn;0.752,255.703,1+ALB+3MeHis
+Arg+Lys+Phe+Trp;0.752,254.935,1+ALB+ALT+T-BIL+His+Orn+Ile;
0.752,254.946,1+ALB+ALT+gGT+His+Orn+Ile;0.752,255.509,1+ALB
+BUN+AST+Arg+Tyr+Phe;0.752,254.436,1+ALB+AST+ALT+gGT+BHBA+O rn;0.752,254.550,1+ALB+AST+ALT+T-
40 BIL+Orn+Ile;0.752,255.309, 1+ALB+BUN+T-BIL+His+Thr+Orn;0.752,255.921,1+ALB+BUN+gGT+His
+Thr+Orn;0.752,257.312,1+ALB+AST+Arg+Lys+Tyr+Val;0.752,258.
240,1+ALB+AST+BHBA+Glc+Lys+Ile;0.752,257.545,1+ALB+AST+BHBA
+Arg+Thr+Ile;0.752,256.269,1+ALB+Ca+AST + T-BIL+Arg+Lys;0.752,
253.410,1+ALB+Ca+ALT+BHBA+Arg+Thr;0.752,253.048,1+ALB+ALT+N
45 EFA+Asp+Orn+Tyr;0.752,250.631,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+3MeHis+As
p;0.752,253.359,1+ALB+NEFA+3MeHis+Asp+Orn+Lys;0.752,253.861, 1+ALB+ALT+T-
BIL+Glc+His+Arg;0.752,255.648,1+ALB+Asp+Lys+Tyr +Phe+Trp;0.752,255.022,1+ALB+ALT+T-
BIL+Glc+His+Orn;0.752,253.984,1+ALB+AST+ALT+NEFA+Orn+Tyr;0.752,253.093,1+ALB+BUN+AS
T+NEFA+Arg+Asp;0.752,252.432,1+ALB+AST+3MeHis+Asp+Tyr+Trp;0.
50 752,257.227,1+ALB+Ca+AST+gGT+Orn+Lys;0.752,256.455,1+ALB+Ca +AST+T-
BIL+His+Lys;0.752,258.534,1+ALB+Ca+AST+gGT+Orn+Ile;0.
752,253.405,1+ALB+Ca+ALT+gGT+Arg+Thr;0.752,255.695,1+ALB+BU
N+Ca+AST+Arg+Orn;0.752,255.963,1+ALB+BUN+Ca+gGT+Arg+Lys;0.7
52,252.670,1+ALB+BUN+3MeHis+Arg+Asp+Orn;0.752,256.037,1+ALB
55 +BUN+3MeHis+Arg+Orn+Val;0.752,252.152,1+ALB+AST+ALT+Asp+Tyr
+Phe;0.752,254.125,1+ALB+BUN+AST+Tyr+Val+Trp;0.752,253.287,
1+ALB+AST+NEFA+3MeHis+Asp+Orn;0.752,258.098,1+ALB+AST+gGT+H
is+Lys+Ile;0.752,256.199,1+ALB+AST+NEFA+Glc+Arg+Thr;0.752,2
52.794,1+ALB+BUN+3MeHis+Arg+Asp+Val;0.752,263.903,1+AST+NEF
60 A+His+Asn+Orn+Ile;0.752,256.269,1+ALB+3MeHis+Orn+Lys+Tyr+Tr
p;0.752,255.241,1+ALB+NEFA+Asp+Lys+Val+Trp;0.752,257.230,1+ ALB+gGT+T-
BIL+His+Orn+Lys;0.752,254.396,1+ALB+AST+ALT+gGT+T -
BIL+Orn;0.752,255.741,1+ALB+BUN+His+Arg+Thr+Ile;0.752,253.
866,1+ALB+AST+ALT+Tyr+Val+Trp;0.752,254.651,1+ALB+AST+NEFA+
65 Arg+Asp+Phe;0.752,254.010,1+ALB+Ca+ALT+gGT+BHBA+Lys;0.752,254.063,1+ALB+Ca+ALT+T-
BIL+BHBA+Arg;0.752,258.561,1+ALB+Ca+A

ST+gGT+Glc+Orn;0.752,256.107,1+ALB+BUN+Ca+BHBA+Glc+Lys;0.75
 2,264.172,1+ALT+NEFA+His+Asn+Thr+Orn;0.752,257.630,1+ALB+3MeHis+Orn+Tyr+Val+Phe;0.752,254.297,1+ALB+ALT+gGT+T-BIL+Glc+Arg;0.752,255.516,1+ALB+Asp+Orn+Lys+Tyr+Trp;0.752,257.666,1+ALB+gGT+NEFA+Orn+Lys+Ile;0.752,257.843,1+ALB+Arg+Thr+Orn+Lys+Ile;0.752,257.918,1+ALB+T-BIL+Arg+Orn+Lys+Ile;0.752,256.743,1+ALB+BUN+AST+gGT+Glc+Orn;0.752,252.789,1+ALB+AST+ALT+His+Thr+Orn;0.752,257.027,1+ALB+AST+T-BIL+Glc+Arg+Orn;0.752,257.943,1+ALB+AST+Glc+His+Orn+Ile;0.752,255.277,1+ALB+AST+His+Arg+Thr+Orn;0.752,256.338,1+ALB+AST+BHBA+His+Arg+Orn;0.752,258.199,1+ALB+Ca+AST+His+Lys+Ile;0.752,253.813,1+ALB+Ca+AST+ALT+Thr+Orn;0.752,255.829,1+ALB+BUN+Ca+AST+T-BIL+Orn;0.751,254.338,1+ALB+ALT+T-BIL+BHBA+Glc+Arg;0.751,254.735,1+ALB+3MeHis+Asp+Orn+Val+Phe;0.751,255.853,1+ALB+BUN+NEFA+3MeHis+Arg+Orn;0.751,258.461,1+ALB+T-BIL+BHBA+Orn+Lys+Ile;0.751,257.873,1+ALB+BHBA+His+Orn+Lys+Ile;0.751,254.946,1+ALB+ALT+Glc+His+Orn+Ile;0.751,258.565,1+ALB+T-BIL+Glc+His+Lys+Ile;0.751,254.548,1+ALB+AST+ALT+T-BIL+Glc+Orn;0.751,254.587,1+ALB+AST+ALT+BHBA+Glc+Orn;0.751,255.597,1+ALB+BUN+AST+3MeHis+Orn+Val;0.751,255.765,1+ALB+NEFA+T-BIL+His+Arg+Lys;0.751,258.651,1+ALB+AST+gGT+BHBA+Glc+Orn;0.751,253.913,1+ALB+BUN+AST+NEFA+Tyr+Trp;0.751,256.484,1+ALB+AST+BHBA+His+Thr+Orn;0.751,257.329,1+ALB+AST+BHBA+Arg+Thr+Orn;0.751,257.522,1+ALB+AST+Glc+Arg+Thr+Ile;0.751,257.837,1+ALB+AST+gGT+T-BIL+BHBA+Orn;0.751,254.621,1+ALB+AST+Asp+Tyr+Val+Trp;0.751,258.230,1+ALB+Ca+AST+Glc+His+Lys;0.751,256.187,1+ALB+3MeHis+Orn+Lys+Phe+Trp;0.751,253.635,1+ALB+AST+ALT+3MeHis+Tyr+Trp;0.751,256.496,1+ALB+3MeHis+Arg+Lys+Tyr+Val;0.751,256.997,1+ALB+NEFA+Orn+Lys+Val+Trp;0.751,257.212,1+ALB+Arg+Lys+Tyr+Phe+Trp;0.751,258.174,1+ALB+T-BIL+Glc+His+Thr+Lys;0.751,255.351,1+ALB+AST+3MeHis+Arg+Orn+Tyr;0.751,257.374,1+ALB+AST+Arg+Orn+Val+Phe;0.751,257.871,1+ALB+AST+gGT+Glc+His+Orn;0.751,256.338,1+ALB+AST+gGT+His+Arg+Lys;0.751,257.353,1+ALB+AST+Glc+Arg+Thr+Orn;0.751,254.259,1+ALB+BUN+AST+Asp+Orn+Tyr;0.751,253.979,1+ALB+Ca+ALT+BHBA+Glc+Lys;0.751,257.589,1+ALB+Ca+AST+T-BIL+Thr+Orn;0.751,256.311,1+ALB+Ca+NEFA+His+Orn+Lys;0.751,256.515,1+ALB+3MeHis+Arg+Orn+Lys+Phe;0.751,253.901,1+ALB+ALT+BHBA+His+Arg+Ile;0.751,255.703,1+ALB+Asp+Lys+Tyr+Val+Trp;0.751,253.495,1+ALB+ALT+gGT+His+Thr+Orn;0.751,255.807,1+ALB+BUN+AST+BHBA+Thr+Orn;0.751,256.188,1+ALB+AST+gGT+T-BIL+Arg+Lys;0.751,257.164,1+ALB+gGT+NEFA+His+Thr+Lys;0.751,257.197,1+ALB+AST+BHBA+Arg+Thr+Lys;0.751,257.822,1+ALB+AST+gGT+His+Orn+Ile;0.751,257.886,1+ALB+AST+gGT+Thr+Lys+Ile;0.751,256.358,1+ALB+AST+gGT+His+Arg+Orn;0.751,257.330,1+ALB+Ca+AST+Thr+Orn+Lys;0.751,255.777,1+ALB+BUN+Ca+BHBA+Arg+Lys;0.751,256.896,1+ALB+3MeHis+Arg+Orn+Tyr+Phe;0.751,254.295,1+ALB+ALT+gGT+BHBA+Glc+Arg;0.751,255.773,1+ALB+3MeHis+Arg+Tyr+Phe+Trp;0.751,257.157,1+ALB+NEFA+Lys+Val+Phe+Trp;0.751,257.122,1+ALB+Arg+Orn+Lys+Tyr+Trp;0.751,257.905,1+ALB+BHBA+Glc+His+Orn+Lys;0.751,254.759,1+ALB+ALT+BHBA+Glc+Thr+Orn;0.751,253.495,1+ALB+ALT+BHBA+His+Thr+Orn;0.751,253.495,1+ALB+ALT+T-BIL+His+Thr+Orn;0.751,253.805,1+ALB+AST+ALT+Glc+Thr+Orn;0.751,256.130,1+ALB+BUN+AST+His+Orn+Ile;0.751,256.329,1+ALB+AST+NEFA+3MeHis+Orn+Tyr;0.751,257.325,1+ALB+AST+Glc+Arg+Thr+Lys;0.751,257.915,1+ALB+AST+gGT+T-BIL+Glc+Orn;0.751,254.121,1+ALB+AST+NEFA+Asp+Tyr+Trp;0.751,255.903,1+ALB+AST+His+Arg+Thr+Lys;0.751,256.855,1+ALB+Ca+AST+Arg+Orn+Lys;0.751,257.557,1+ALB+Ca+AST+Glc+Arg+Orn;0.751,254.404,1+ALB+Ca+AST+ALT+T-BIL+Orn;0.751,252.908,1+ALB+BUN+3MeHis+Arg+Asp+Tyr;0.751,254.917,1+ALB+ALT+NEFA+T-BIL+His+Orn;0.751,255.024,1+ALB+ALT+BHBA+Glc+His+Orn;0.751,255.925,1+ALB+NEFA+Arg+Asp+Lys+Tyr;0.751,250.676,1+ALB+BUN+AST+ALT+Asp+Tyr;0.751,254.461,1+ALB+AST+ALT+gGT+Orn+Ile;0.751,254.463,1+ALB+AST+ALT+gGT+Glc+Orn;0.751,255.831,1+ALB+BUN+AST+BHBA+Arg+Orn;0.751,255.798,1+ALB+BUN+AST+gGT+Thr+Orn;0.751,258.320,1+ALB+AST+gGT+Glc+Lys+Ile;0.751,257.005,1+ALB+AST+gGT+NEFA+BHBA+Orn;0.751,257.041,1+ALB+AST+gGT+NEFA+Glc+Orn;0.751,254.792,1+ALB+Ca+ALT+gGT+His+Orn;0.751,253.387,1+ALB+Ca+ALT+Glc+Arg+Thr;0.751,254.434,1+ALB+Ca+AST+ALT+Glc+Orn;0.751,254.441,1+ALB+Ca+AST+ALT+BHBA+Orn;0.751,255.710,1+ALB+3MeHis+Arg+Orn+Lys+Trp;0.751,254.847,1+ALB+ALT

+NEFA+3MeHis+Orn+Val;0.751,254.598,1+ALB+AST+NEFA+His+Arg+T
hr;0.751,250.965,1+ALB+ALT+NEFA+3MeHis+Asp+Trp;0.751,254.28
7,1+ALB+BUN+AST+ALT+NEFA+Val;0.751,254.574,1+ALB+ALT+3MeHis
+Tyr+Val+Trp;0.751,250.292,1+ALB+BUN+AST+ALT+3MeHis+Asp;0.7
5 51,253.037,1+ALB+AST+3MeHis+Arg+Asp+Val;0.751,254.588,1+ALB
+AST+ALT+BHBA+Orn+Ile;0.751,255.805,1+ALB+BUN+BHBA+His+Thr+
Orn;0.751,257.291,1+ALB+NEFA+Glc+His+Lys+Ile;0.751,254.126,
1+ALB+BUN+AST+Asp+Orn+Val;0.751,255.832,1+ALB+NEFA+Glc+His+
Arg+Lys;0.751,255.027,1+ALB+BUN+AST+3MeHis+Orn+Tyr;0.751,25
10 5.755,1+ALB+BUN+AST+NEFA+Orn+Val;0.751,257.490,1+ALB+AST+gG T+T-
BIL+Thr+Orn;0.751,258.522,1+ALB+Ca+AST+gGT+BHBA+Orn;0.7
51,257.748,1+ALB+Ca+AST+His+Orn+Ile;0.751,255.970,1+ALB+Asp
+Orn+Tyr+Phe+Trp;0.751,256.650,1+ALB+NEFA+3MeHis+Orn+Lys+Ph
e;0.751,258.156,1+ALB+Lys+Tyr+Val+Phe+Trp;0.751,254.582,1+A
15 LB+AST+NEFA+3MeHis+Arg+Phe;0.751,254.827,1+ALB+ALT+gGT+T-BI
L+Thr+Orn;0.751,257.349,1+ALB+gGT+NEFA+His+Lys+Ile;0.751,25
5.337,1+ALB+AST+3MeHis+Arg+Orn+Val;0.751,255.499,1+ALB+NEFA
+His+Arg+Thr+Lys;0.751,255.839,1+ALB+BUN+AST+Arg+Orn+Val;0.
751,258.061,1+ALB+AST+gGT+BHBA+Lys+Ile;0.751,256.828,1+ALB+ AST+T-
20 BIL+Arg+Thr+Ile;0.751,254.737,1+ALB+Ca+ALT+NEFA+His+O rn;0.751,254.826,1+ALB+ALT+T-
BIL+BHBA+Thr+Orn;0.751,254.526, 1+ALB+BUN+AST+His+Arg+Thr;0.751,254.766,1+ALB+Ca+ALT+NEFA+T
hr+Orn;0.751,263.574,1+Ca+ALT+His+Asn+Thr+Orn;0.751,263.204,
1+AST+ALT+His+Asn+Thr+Orn;0.751,253.322,1+ALB+BUN+3MeHis+As p+Orn+Val;
0.751,257.482,1+ALB+Orn+Lys+Val + Phe + Trp; 0.751,257.
25 937,1+ALB+gGT+His+Orn+Lys+Ile;0.751,254.440,1+ALB+AST+ALT+T
yr+Val+Phe;0.751,257.421,1+ALB+gGT+NEFA+Glc+His+Lys;0.751,2
53.041,1+ALB+AST+3MeHis+Arg+Asp+Tyr;0.751,256.590,1+ALB+BUN
+AST+gGT+BHBA+Orn;0.751,257.331,1+ALB+AST+Arg+Lys+Tyr+Phe;0.
751,257.544,1+ALB+AST+gGT+Arg+Thr+Ile;0.751,254.799,1+ALB+C
30 a+ALT+BHBA+His+Orn;0.751,253.336,1+ALB+BUN+Ca+AST+ALT+Thr;0.
751,255.610,1+ALB+NEFA+3MeHis+Arg+Lys+Trp;0.751,255.712,1+A
LB+BUN+NEFA+3MeHis+Val+Trp;0.751,256.888,1+ALB+3MeHis+Arg+O
rn+Val+Phe;0.751,259.035,1+ALB+BHBA+Arg+Thr+Orn+Ile;0.751,2
54.759,1+ALB+ALT+gGT+Glc+Thr+Orn;0.751,255.930,1+ALB+AST+As
35 p+Lys+Val+Phe;0.751,262.703,1+ALT+Glc+His+Asn+Orn+Ile;0.751,
257.925,1+ALB+Glc+His+Orn+Lys+Ile;0.751,255.953,1+ALB+AST+A
sp+Lys+Tyr+Phe;0.751,255.987,1+ALB+AST+NEFA+Tyr+Phe+Trp;0.7
51,256.904,1+ALB+BUN+AST+Glc+Orn+Ile;0.751,256.986,1+ALB+AS T+gGT+NEFA+T-
BIL+Orn;0.751,254.794,1+ALB+Ca+ALT+T-BIL+His+O
40 rn;0.751,258.136,1+ALB+Ca+AST+BHBA+Thr+Orn;0.751,261.255,1+
BUN+ALT+His+Asn+Orn+Ile;0.751,255.616,1+ALB+BUN+ALT+gGT+T-B IL+Ile;0.751,258.629,1+ALB+T-
BIL+BHBA+Glc+His+Lys;0.751,255. 577,1+ALB+AST+Arg+Val+Phe+Trp;0.751,256.424,1+ALB+AST+Glc+H
is+Thr+Orn;0.751,257.211,1+ALB+AST+NEFA+Orn+Tyr+Val; 0.751,2
57.694,1+ALB+AST+BHBA+Glc+Arg+Orn;0.751,257.198,1+ALB+AST+T -
45 BIL+BHBA+Thr+Lys;0.751,257.818,1+ALB+Ca+AST+gGT+T-BIL+Orn;
0.751,253.728,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+3MeHis+Tyr;0.751,254.220,1
+ALB+BUN+AST+ALT+3MeHis+Val;0.751,258.052,1+ALB+gGT+Glc+His
+Orn+Lys;0.751,254.096,1+ALB+AST+ALT+Orn+Tyr+Val;0.751,255. 323,1+ALB+BUN+AST+NEFA+T-
BIL+Arg;0.751,255.845,1+ALB+BUN+Ca +AST+Thr+Orn;0.751,255.733,1+ALB+BUN+ALT+gGT+NEFA+Ile;0.751,
50 253.986,1+ALB+AST+ALT+NEFA+Tyr+Trp;0.751,254.665,1+ALB+BUN+
AST+3MeHis+Arg+Tyr;0.751,255.863,1+ALB+BUN+AST+Arg+Orn+Tyr;
0.751,255.868,1+ALB+gGT+NEFA+His+Arg+Lys;0.751,256.800,1+AL
B+BUN+AST+BHBA+Glc+Orn;0.751,257.264,1+ALB+AST+BHBA+Glc+Arg
+Lys;0.751,257.889,1+ALB+AST+BHBA+Glc+His+Lys;0.751,255.262,
55 1+ALB+BUN+AST+NEFA+Glc+Arg;0.751,254.989,1+ALB+AST+NEFA+Arg +Asp+Val;0.751,256.897,1+ALB+T-
BIL+His+Thr+Orn+Lys;0.751,25 7.723,1+ALB+NEFA+BHBA+Thr+Lys+Ile;0.751,255.553,1+ALB+BUN+N
EFA+His+Arg+Orn;0.751,255.758,1+ALB+BUN+AST+Glc+Arg+Thr;0.7
51,255.379,1+ALB+AST+NEFA+3MeHis+Phe+Trp;0.751,257.597,1+AL
B+AST+BHBA+His+Thr+Lys;0.750,258.002,1+ALB+Ca+AST+Thr+Lys+I le; 0.750,254.295,
60 1+ALB+Ca+AST+ALT+gGT+Orn; 0.750,255.322,1+A
LB+AST+3MeHis+Arg+Tyr+Phe;0.750,257.485,1+ALB+NEFA+T-BIL+Or
n+Lys+Ile;0.750,257.230,1+ALB+NEFA+Orn+Lys+Phe+Trp;0.750,25
5.379,1+ALB+NEFA+Arg+Asp+Lys+Trp;0.750,254.554,1+ALB+ALT+NE
FA+3MeHis+Tyr+Trp;0.750,256.010,1+ALB+NEFA+His+Arg+Thr+Orn;
65 0.750,258.219,1+ALB+BHBA+Arg+Thr+Lys+Ile;0.750,255.737,1+AL
B+BUN+AST+gGT+Arg+Thr;0.750,255.917,1+ALB+BUN+AST+Glc+Thr+O

- rn;0.750,256.236,1+ALB+AST+Asp+Orn+Tyr+Phe;0.750,256.700,1+
ALB+AST+3MeHis+Orn+Tyr+Val;0.750,257.763,1+ALB+AST+gGT+BHBA
+His+Lys;0.750,256.953,1+ALB+Ca+AST+gGT+NEFA+Orn;0.750,257.
922,1+ALB+Ca+AST+BHBA+His+Lys;0.750,257.604,1+ALB+NEFA+Glc+
5 Orn+Lys+Ile;0.750,255.577,1+ALB+BUN+ALT+T-BIL+His+Ile;0.750,
256.826,1+ALB+NEFA+Arg+Tyr+Phe+Trp;0.750,257.285,1+ALB+NEFA
+Arg+Lys+Tyr+Phe;0.750,257.822,1+ALB+NEFA+Arg+Orn+Lys+Tyr;0.750,258.271,1+ALB+T-
BIL+His+Thr+Lys+Ile;0.750,258.620,1+ALB+gGT+T-BIL+Glc+His+Lys;0.750,258.079,1+ALB+AST+gGT+BHBA+Thr
+Orn;0.750,256.932,1+ALB+AST+gGT+T-BIL+Arg+Orn;0.750,257.26
10 3,1+ALB+Ca+AST+Arg+Thr+Orn;0.750,258.489,1+ALB+T-BIL+Thr+Orn+Lys+Ile;0.750,258.737,1+ALB+gGT+T-
BIL+Orn+Lys+Ile;0.750,253.231,1+ALB+BUN+3MeHis+Asp+Orn+Tyr;0.750,254.751,1+ALB+ALT+T-
BIL+Glc+Thr+Orn;0.750,257.316,1+ALB+NEFA+Lys+Tyr+Val+Tr
p;0.750,253.405,1+ALB+BUN+AST+ALT+Tyr+Val;0.750,257.352,1+A
LB+NEFA+BHBA+His+Lys+Ile;0.750,257.309,1+ALB+AST+gGT+Arg+Th r+Orn;0.750,257.021,1+ALB+AST+gGT+T-
15 BIL+BHBA+Lys;0.750,253.435,1+ALB+Ca+ALT+His+Thr+Orn;0.750,256.269,1+ALB+Ca+AST+His
+Arg+Lys;0.750,256.110,1+ALB+NEFA+3MeHis+Arg+Lys+Phe;0.750,
263.553,1+AST+His+Asn+Thr+Orn+Ile;0.750,257.328,1+ALB+NEFA+ T-
BIL+His+Lys+Ile;0.750,257.646,1+ALB+AST+Arg+Orn+Tyr+Val;0.750,255.607,1+ALB+BUN+Ca+AST+T-
BIL+Arg;0.750,257.543,1+ALB+ Ca+AST+BHBA+Arg+Orn;0.750,252.781,1+ALB+BUN+NEFA+3MeHis+Arg
20 +Asp;0.750,257.332,1+ALB+Arg+Orn+Lys+Val+Trp;0.750,257.106,
1+ALB+BUN+NEFA+Thr+Orn+Ile;0.750,255.431,1+ALB+NEFA+Asp+Orn
+Lys+Trp;0.750,256.400,1+ALB+NEFA+Arg+Asp+Lys+Phe;0.750,257.
962,1+ALB+gGT+BHBA+His+Orn+Lys;0.750,258.662,1+ALB+T-BIL+BH
BA+His+Lys+Ile;0.750,253.454,1+ALB+AST+ALT+3MeHis+Orn+Tyr;0.
25 750,257.160,1+ALB+NEFA+BHBA+His+Thr+Lys;0.750,255.328,1+ALB
+BUN+AST+NEFA+BHBA+Arg;0.750,256.518,1+ALB+AST+NEFA+Arg+Tyr
+Val;0.750,258.112,1+ALB+Ca+AST+Glc+Thr+Orn;0.750,254.768,1
+ALB+Ca+ALT+Glc+His+Orn;0.750,254.785,1+ALB+Ca+ALT+gGT+Thr+
Orn;0.750,255.543,1+ALB+Ca+AST+gGT+NEFA+Lys;0.750,254.575,1
30 +ALB+BUN+ALT+NEFA+3MeHis+Val;0.750,256.436,1+ALB+NEFA+Asp+L
ys+Val+Phe;0.750,258.133,1+ALB+gGT+T-BIL+Arg+Lys+Ile;0.750,255.838,1+ALB+BUN+AST+T-
BIL+Glc+Arg;0.750,256.652,1+ALB+AST+NEFA+BHBA+Arg+Ile;0.750,257.658,1+ALB+AST+gGT+Glc+Arg+Orn;
0.750,258.424,1+ALB+AST+Lys+Tyr+Val+Phe;0.750,256.102,1+ALB
+AST+gGT+NEFA+Arg+Thr;0.750,255.449,1+ALB+ALT+gGT+NEFA+T-BI
35 L+Orn;0.750,254.796,1+ALB+ALT+NEFA+Tyr+Val+Trp;0.750,257.096,1+ALB+NEFA+T-
BIL+His+Thr+Lys;0.750,257.492,1+ALB+gGT+NEFA
+BHBA+His+Lys;0.750,255.848,1+ALB+AST+gGT+NEFA+Arg+Orn;0.75
0,257.964,1+ALB+NEFA+BHBA+Arg+Thr+Ile;0.750,254.811,1+ALB+B UN+AST+NEFA+His+Arg
- 40 [401. Fórmula (con dos variables de aminoácido) con precisión diagnóstica mejorada mediante la adición del término
de paridad] 0.704,268.286,1+His+Orn
- [402. Fórmula (con tres variables de aminoácido) con precisión diagnóstica mejorada mediante la adición del término
de paridad] 0.717,266.405,1+His+Orn+Phe;0.714,268.558,1+His+Orn+Cys
- 45 [403. Fórmula (con cuatro variables de aminoácido) con precisión diagnóstica mejorada mediante la adición del
término de paridad] 0.730,266.494, 1+His+Orn+Ile + Phe; 0.728,266.975, 1+His+Orn+Leu + Phe; 0.725,267.519,
1+His+Orn+Phe+BCAA; 0.724,267.093, 1+His + S
er+Orn+Phe;0.723,266.962,1+His+Gly+Orn+Phe;0.722,267.869,1+
50 His+Cit+Orn+Phe;0.722,267.958,1+His+Thr+Orn+Phe;0.722,266.3
68,1+His+Orn+Cys+Phe;0.721,268.912,1+His+Arg+Orn+Cys;0.721, 266.891, 1+His+Asp+Orn+Phe; 0.720,267.791,
1+His+Asp+Orn+Cys;0.720,268.062,1+His+Orn+Met+Phe;0.719,267.653,1+His+Tau+Orn+P
he;0.719,267.517,1+His+3MeHis+Orn+Phe;0.719,268.074,1+His+G
ln+Orn+Phe;0.719,270.675,1+His+Gly+Ala+Orn;0.719,268.356,1+
55 His+Ala+Orn+Phe;0.719,268.198,1+His+Orn+Val+Phe;0.718,268.273,1+His+Arg+Orn+Phe; 0.718,270.048,
1+His+Cit+Orn+Cys; 0.717, 270.110,1+His+Gln+Orn+Cys;0.717,268.357,1+His+Glu+Orn+Phe;0.
717,268.402,1+His+Pro+Orn+Phe;0.717,268.386,1+His+Orn+Lys+P
he;0.717,268.315,1+His+Orn+Tyr+Phe;0.716,269.874,1+His+Gly+ Orn+Cys; 0.716,268.095, 1+His+Orn+Phe+Trp;
0.715,270.484, 1+His +Tau+Orn+Cys;0.715,268.315,1+His+3MeHis+Asp+Orn;0.715,270.2
60 69,1+His+3MeHis+Orn+Cys;0.715,270.342,1+His+Glu+Orn+Cys;0.7
14,270.432,1+His+Ser+Orn+Cys;0.714,270.237,1+His+Pro+Orn+Cy
s;0.714,269.104,1+His+Orn+Cys+Lys;0.714,269.460,1+His+Orn+C
ys+Tyr;0.714,270.269,1+His+Orn+Cys+Met;0.714,270.520,1+His+
Orn+Cys+Ile;0.714,270.550,1+His+Orn+Cys+Leu;0.713,270.557,1
65 +His+Gln+Gly+Orn;0.713,270.944,1+His+Gly+Pro+Orn;0.713,269.
956,1+His+Asp+Ala+Orn;0.713,271.512,1+His+Cit+Ala+Orn;0.713,

270.535, 1+His+Orn+Cys+BCAA; 0.712, 269.440, 1+His+Tau+Asp+Orn; 0.712, 271.746, 1+His + Tau+Ala+Orn; 0.712, 270.505, 1+His + Thr+Orn +Cys; 0.712, 270.442, 1+His+Orn+Cys+Val; 0.711, 271.503, 1+His+Ser+Ala+Orn; 0.711, 271.025, 1+His+Arg+Ala+Orn; 0.710, 271.968, 1+His+Glu+Ala+Orn; 0.710, 271.981, 1+His+Thr+Ala+Orn; 0.710, 271.82
 5 8, 1+His+Ala+Orn+Ile; 0.710, 271.977, 1+His+Ala+Orn+BCAA; 0.709, 271.792, 1+His+Gln+Ala+Orn; 0.709, 271.895, 1+His+Ala+Pro+Orn; 0.709, 271.213, 1+His+Ala+Orn+Tyr; 0.709, 271.954, 1+His+Ala+Orn+Met; 0.709, 271.979, 1+His+Ala+Orn+Leu; 0.709, 270.972, 1+His+Ala+Orn+Trp; 0.708, 271.878, 1+His+Ala+Orn+Val; 0.707, 270.984, 1+His +Orn+Tyr+Leu

10 [404. Fórmula (con cinco variables de aminoácido) con precisión diagnóstica mejorada mediante la adición del término de paridad] 0.737, 266.646, 1+His+Gly+Orn+Leu+Phe; 0.735, 266.818, 1+His+Orn+Val+Phe+BCAA; 0.734, 265.821, 1+His+Ser+Asp+Orn+Phe

15 [405. Fórmula (con seis variables de aminoácido) con precisión diagnóstica mejorada mediante la adición del término de paridad] 0.749, 267.475, 1+His+Gly+Ala+Orn+Ile+Phe; 0.745, 266.628, 1+His+Gly+Asp+Orn+Leu+Phe; 0.745, 268.372, 1+His+Gly+Ala+Orn+Phe+BCAA; 0.745, 268.264, 1+His+Gly+Cit+Orn+Phe+BCAA; 0.745, 266.620, 1+His+Gly+Asp+Orn+Ile+Phe; 0.744, 266.408, 1+His+3MeHis+Asp+Orn+Ile+Phe; 0.743, 267.104, 1+His+Gly+Asp+Orn+Phe+BCAA; 0.743, 267.667, 1+His+Gly+Cit+Orn+Leu+Phe; 0.743, 266.848, 1+His+Ser+Asp+Cit+Orn+Phe; 0.742, 267.950, 1+His+Gln+Gly+Orn+Leu+Phe; 0.741, 266.815, 1+His+Ser+Asp+Orn+Ile+Phe; 0.741, 268.089, 1+His+Gln+Gly+Orn+Ile+Phe; 0.741, 266.997, 1+His+Ser+Asp+Orn+Leu+Phe; 0.741, 266.916, 1+His+Gly+Orn+Cys+Leu+Phe; 0.741, 267.926, 1+His+Gly+Orn+Val+Phe+BCAA; 0.740, 268.413, 1+His+Ser+Ala+Orn+Ile+Phe; 0.740, 268.592, 1+His+Gly+Thr+Orn+Leu+Phe; 0.740, 268.359, 1+His+Tau+Gly+Orn+Leu+Phe; 0.740, 267.334, 1+His+Ser+Asp+Glu+Orn+Phe; 0.740, 267.260, 1+His+Ser+Asp+Orn+Phe+BCAA; 0.739, 266.614, 1+His+3MeHis+Ser+Asp+Orn+Phe; 0.739, 268.644, 1+His+Ala+Orn+Val+Ile+Phe; 0.739, 268.596, 1+His+Gly+Glu+Orn+Leu+Phe; 0.739, 268.136, 1+His+Cit+Orn+Val+Phe+BCAA; 0.739, 268.638, 1+His+3MeHis+Cit+Orn+Phe+BCAA; 0.739, 268.416, 1+His+Gln+Gly+Orn+Phe+BCAA; 0.739, 267.678, 1+His+Ser+Asp+Thr+Orn+Phe; 0.739, 267.299, 1+His+Gly+Orn+Cys+Phe+BCAA; 0.739, 268.902, 1+His+Tau+Gly+Orn+Phe+BCAA; 0.739, 268.324, 1+His+3MeHis+Gly+Orn+Phe+BCAA; 0.738, 268.168, 1+His+Arg+Orn+Val+Phe+BCAA; 0.738, 268.493, 1+His+Gly+Orn+Ile+Leu+Phe; 0.738, 269.472, 1+His+Gly+Ala+Orn+Val+Phe; 0.738, 268.293, 1+His+Gly+Orn+Val+Leu+Phe; 0.738, 266.133, 1+His+Tau+Ser+Asp+Orn+Phe; 0.738, 268.426, 1+His+Arg+Gly+Orn+Leu+Phe; 0.738, 267.626, 1+His+Ser+Asp+Orn+Val+Phe; 0.738, 268.676, 1+His+Ser+Cit+Orn+Leu+Phe; 0.738, 266.400, 1+His+Gly+Asp+Orn+Cys+Phe; 0.738, 268.501, 1+His+Gly+Orn+Lys+Leu+Phe; 0.738, 268.241, 1+His+Tau+3MeHis+Orn+Ile+Phe; 0.738, 267.332, 1+His+Ser+Arg+Asp+Orn+Phe; 0.738, 268.568, 1+His+Gly+Orn+Met+Leu+Phe; 0.738, 268.646, 1+His+Gly+Orn+Tyr+Leu+Phe; 0.737, 269.783, 1+His+Gly+Thr+Ala+Orn+Phe; 0.737, 267.469, 1+His+Ser+Gln+Asp+Orn+Phe; 0.737, 268.587, 1+His+Ser+Gly+Orn+Leu+Phe; 0.737, 267.852, 1+His+Gly+Pro+Orn+Leu+Phe; 0.737, 267.238, 1+His+3MeHis+Orn+Cys+Ile+Phe; 0.737, 268.557, 1+His+Gly+Orn+Leu+Phe+BCAA; 0.737, 268.213, 1+His+Gly+Orn+Leu+Phe+Trp; 0.737, 267.530, 1+His+Ser+Asp+Ala+Orn+Phe; 0.736, 268.773, 1+His+3MeHis+Ser+Orn+Phe+BCAA; 0.736, 267.406, 1+His+Ser+Gly+Asp+Orn+Phe; 0.736, 268.357, 1+His+Gly+Asp+Ala+Orn+Phe; 0.736, 268.611, 1+His+Orn+Lys+Val+Phe+BCAA; 0.735, 269.467, 1+His+Ser+Ala+Orn+Phe+BCAA; 0.735, 267.864, 1+His+Gln+Gly+Asp+Orn+Phe; 0.735, 267.351, 1+His+Tau+Gly+Asp+Orn+Phe; 0.735, 267.798, 1+His+Ser+Asp+Orn+Met+Phe; 0.735, 265.580, 1+His+Ser+Asp+Orn+Cys+Phe; 0.735, 267.776, 1+His+Ser+Asp+Orn+Tyr+Phe; 0.735, 268.557, 1+His+Ser+Orn+Val+Phe+BCAA; 0.735, 268.812, 1+His+Orn+Ile+Leu+Phe+BCAA; 0.735, 268.812, 1+His+Orn+Val+Ile+Phe+BCAA; 0.735, 268.812, 1+His+Orn+Val+Ile+Leu+Phe; 0.734, 268.817, 1+His+Orn+Met+Val+Phe+BCAA; 0.734, 269.283, 1+His+Asp+Glu+Orn+Leu+Phe; 0.734, 267.606, 1+His+Ser+Asp+Orn+Phe+Trp; 0.734, 268.773, 1+His+Glu+Orn+Val+Phe+BCAA; 0.734, 267.677, 1+His+Ser+Asp+Orn+Lys+Phe; 0.734, 267.677, 1+His+Ser+Asp+Pro+Orn+Phe; 0.734, 268.745, 1+His+Thr+Orn+Val+Phe+BCAA; 0.732, 269.386, 1+His+Ser+Gln+Orn+Leu+Phe; 0.732, 271.519, 1+His+Arg+Gly+Ala+Orn+Cys; 0.732, 269.570, 1+His+Ser+Orn+Tyr+Leu+Phe; 0.731, 269.

221,1+His+Tau+Ser+Orn+Leu+Phe;0.731,269.569,1+His+Gln+Gly+A
la+Orn+Phe;0.731,269.031,1+His+Tau+Gln+Gly+Orn+Phe

- 5 [406. Fórmula (con dos variables de bioquímica) con precisión diagnóstica mejorada mediante la adición del término de paridad] 0.729,257.132,1+ALB+BUN;0.711,262.141,1+ALB+Ca;0.729,259.24
7,1+ALB+AST;0.731,254.610,1+ALB+ALT;0.716,261.875,1+ALB+gG
T;0.726,259.148,1+ALB+NEFA;0.718,260.087,1+ALB+T-BIL;0.713,
262.083,1+ALB+BHBA;0.707,262.275,1+ALB+Glc
- 10 [407. Fórmula (con tres variables de bioquímica) con precisión diagnóstica mejorada mediante la adición del término de paridad] 0.729,259.071,1+TP+ALB+BUN;0.726,261.158,1+TP+ALB+AST;0.731,
256.542,1+TP+ALB+ALT;0.715,263.815,1+TP+ALB+gGT;0.726,261.1
32,1+TP+ALB+NEFA;0.720,262.041,1+TP+ALB+T-BIL;0.713,263.996,
1+TP+ALB+BHBA;0.726,258.777,1+ALB+BUN+Ca;0.733,256.798,1+AL
15 B+BUN+AST;0.745,252.538,1+ALB+BUN+ALT;0.728,258.847,1+ALB+B
UN+gGT;0.736,257.014,1+ALB+BUN+NEFA;0.737,256.558,1+ALB+BUN +T-
BIL;0.730,258.675,1+ALB+BUN+BHBA;0.729,259.105,1+ALB+BUN
+Glc;0.725,258.830,1+ALB+BUN+TG;0.727,257.797,1+ALB+BUN+TCH
O;0.727,261.073,1+ALB+Ca+AST;0.729,256.345,1+ALB+Ca+ALT;0.7
20 16,263.674,1+ALB+Ca+gGT;0.725,261.017,1+ALB+Ca+NEFA;0.717,2 61.935,1+ALB+Ca+T-
BIL;0.735,255.954,1+ALB+AST+ALT;0.729,261.
235,1+ALB+AST+gGT;0.740,257.408,1+ALB+AST+NEFA;0.735,258.08 5,1+ALB+AST+T-
BIL;0.732,260.796,1+ALB+AST+BHBA;0.727,261.14
8,1+ALB+AST+Glc;0.727,260.914,1+ALB+AST+TG;0.728,260.177,1+
25 ALB+AST+TCHO;0.733,256.535,1+ALB+ALT+gGT;0.734,255.699,1+AL
B+ALT+NEFA;0.733,255.963,1+ALB+ALT+T-BIL;0.731,256.426,1+AL
B+ALT+BHBA;0.731,256.577,1+ALB+ALT+Glc;0.731,256.509,1+ALB+
ALT+TG;0.731,255.889,1+ALB+ALT+TCHO;0.726,260.934,1+ALB+gGT +NEFA;0.723,261.644,1+ALB+gGT+T-
BIL;0.716,263.612,1+ALB+gGT +BHBA;0.715,263.714,1+ALB+gGT+Glc;0.715,263.477,1+ALB+gGT+T
30 G;0.727,261.145,1+ALB+NEFA+T-BIL;0.727,261.116,1+ALB+NEFA+B
HBA;0.727,260.951,1+ALB+NEFA+Glc;0.726,261.147,1+ALB+NEFA+T
G;0.722,258.885,1+ALB+NEFA+TCHO;0.721,261.876,1+ALB+T-BIL+B HBA;0.720,261.639,1+ALB+T-
BIL+Glc;0.719,262.034,1+ALB+T-BIL +TG;0.720,260.166,1+ALB+T-BIL+TCHO
- 35 [408. Fórmula (con cuatro variables de bioquímica) con precisión diagnóstica mejorada mediante la adición del término de paridad] 0.731,257.747,1+ALB+ALT+TG+TCHO;0.731,257.800,1+ALB+ALT+Glc
+TCHO;0.731,258.482,1+ALB+ALT+Glc+TG;0.732,258.357,1+ALB+AL T+BHBA+TG;0.733,257.233,1+ALB+ALT+T-
BIL+TCHO;0.733,257.961, 1+ALB+ALT + T-BIL+TG; 0.733,257.813, 1+ALB+ALT + T-BIL+Glc; 0.732,
257.952,1+ALB+ALT+T-BIL+BHBA;0.734,256.855,1+ALB+ALT+NEFA+T
40 CHO;0.735,257.687,1+ALB+ALT+NEFA+TG;0.735,257.623,1+ALB+ALT
+NEFA+Glc;0.734,257.698,1+ALB+ALT+NEFA+BHBA;0.734,257.696,1 +ALB+ALT+NEFA+T-
BIL;0.734,257.885,1+ALB+ALT+gGT+T-BIL;0.735, 257.669,1+ALB+ALT+gGT+NEFA;0.738,259.180,1+ALB+AST+T-
BIL+TC HO;0.736,260.082,1+ALB+AST+T-BIL+TG;0.736,259.699,1+ALB+AST +T-
BIL+Glc;0.736,259.946,1+ALB+AST+T-BIL+BHBA;0.740,258.225,
45 1+ALB+AST+NEFA+TCHO;0.740,259.326,1+ALB+AST+NEFA+TG;0.739,2
59.296,1+ALB+AST+NEFA+Glc;0.740,259.408,1+ALB+AST+NEFA+BHB A;0.741,259.308,1+ALB+AST+NEFA+T-
BIL;0.735,260.082,1+ALB+AS T+gGT+T-BIL;0.738,259.326,1+ALB+AST+gGT+NEFA;0.735,257.302,
1+ALB+AST+ALT+TCHO;0.734,257.866,1+ALB+AST+ALT+TG;0.735,257.
924,1+ALB+AST+ALT+Glc;0.735,257.672,1+ALB+AST+ALT+BHBA;0.73 6,256.831,1+ALB+AST+ALT+T-
50 BIL;0.739,256.572,1+ALB+AST+ALT+N EFA;0.735,257.953,1+ALB+AST+ALT+gGT;0.732,257.771,1+ALB+Ca+
ALT+T-BIL;0.734,257.524,1+ALB+Ca+ALT+NEFA;0.735,260.012,1+A LB+Ca+AST+T-
BIL;0.739,259.340,1+ALB+Ca+AST+NEFA;0.735,257.7 23,1+ALB+Ca+AST+ALT; 0.745,254.046, 1+ALB+BUN+ALT
+ TCHO; 0.745, 254.527,1+ALB+BUN+ALT+TG;0.745,254.536,1+ALB+BUN+ALT+Glc;0.
746,254.194,1+ALB+BUN+ALT+BHBA;0.748,253.736,1+ALB+BUN+ALT+ T-
55 BIL;0.749,254.121,1+ALB+BUN+ALT+NEFA;0.744,254.532,1+ALB+
BUN+ALT+gGT;0.731,258.768,1+ALB+BUN+AST+Glc;0.736,258.290,1
+ALB+BUN+AST+BHBA;0.741,255.680,1+ALB+BUN+AST+T-BIL;0.740,2
56.347,1+ALB+BUN+AST+NEFA;0.745,254.166,1+ALB+BUN+AST+ALT;0.
746,254.231,1+ALB+BUN+Ca+ALT;0.733,258.560,1+ALB+BUN+Ca+AS
60 T;0.731,257.783,1+TP+ALB+ALT+TCHO;0.730,258.457,1+TP+ALB+AL
T+TG;0.731,258.494,1+TP+ALB+ALT+Glc;0.731,258.400,1+TP+ALB+
ALT+BHBA;0.732,257.938,1+TP+ALB+ALT+T-BIL;0.732,258.495,1+T
P+ALB+ALT+gGT;0.731,262.773,1+TP+ALB+AST+BHBA;0.735,260.080, 1+TP+ALB+AST+T-
BIL;0.740,259.407,1+TP+ALB+AST+NEFA;0.734,25
65 7.906,1+TP+ALB+AST+ALT;0.730,258.306,1+TP+ALB+Ca+ALT;0.746,
254.520,1+TP+ALB+BUN+ALT;0.733,258.772,1+TP+ALB+BUN+AST

- [409. Fórmula (con cinco variables de bioquímica) con precisión diagnóstica mejorada mediante la adición del término de paridad] 0.730,259.670,1+ALB+ALT+Glc+TG+TCHO;0.732,259.612,1+ALB+ALT+BHBA+TG+TCHO;0.733,259.224,1+ALB+ALT+T-BIL+TG+TCHO;0.735,259.955,1+ALB+ALT+T-BIL+Glc+TCHO;0.733,259.813,1+ALB+ALT+T-BIL+Glc+TG;0.733,259.213,1+ALB+ALT+T-BIL+BHBA+TCHO;0.733,259.951,1+ALB+ALT+T-BIL+BHBA+TG;0.733,259.813,1+ALB+ALT+T-BIL+BHBA+Glc;0.735,258.846,1+ALB+ALT+NEFA+TG+TCHO;0.737,258.666,1+ALB+ALT+NEFA+Glc+TCHO;0.735,259.607,1+ALB+ALT+NEFA+Glc+TG;0.734,258.853,1+ALB+ALT+NEFA+BHBA+TCHO;0.735,259.687,1+ALB+ALT+NEFA+BHBA+TG;0.736,259.610,1+ALB+ALT+NEFA+BHBA+Glc;0.734,258.855,1+ALB+ALT+NEFA+T-BIL+TCHO;0.735,259.685,1+ALB+ALT+NEFA+T-BIL+TG;0.735,259.605,1+ALB+ALT+NEFA+T-BIL+Glc;0.734,259.696,1+ALB+ALT+NEFA+T-BIL+BHBA;0.733,259.702,1+ALB+ALT+gGT+TG+TCHO;0.732,259.724,1+ALB+ALT+gGT+Glc+TCHO;0.731,260.424,1+ALB+ALT+gGT+Glc+TG;0.732,259.660,1+ALB+ALT+gGT+BHBA+TCHO;0.732,260.313,1+ALB+ALT+gGT+BHBA+TG;0.735,259.165,1+ALB+ALT+gGT+T-BIL+TCHO;0.734,259.885,1+ALB+ALT+gGT+T-BIL+TG;0.734,259.720,1+ALB+ALT+gGT+T-BIL+Glc;0.734,259.868,1+ALB+ALT+gGT+T-BIL+BHBA;0.735,258.838,1+ALB+ALT+gGT+NEFA+TCHO;0.735,259.653,1+ALB+ALT+gGT+NEFA+TG;0.736,259.589,1+ALB+ALT+gGT+NEFA+Glc;0.735,259.669,1+ALB+ALT+gGT+NEFA+BHBA;0.735,259.663,1+ALB+ALT+gGT+NEFA+T-BIL;0.738,261.179,1+ALB+AST+T-BIL+TG+TCHO;0.736,260.549,1+ALB+AST+T-BIL+Glc+TCHO;0.737,261.682,1+ALB+AST+T-BIL+Glc+TG;0.735,260.996,1+ALB+AST+T-BIL+BHBA+TCHO;0.737,261.937,1+ALB+AST+T-BIL+BHBA+TG;0.736,261.649,1+ALB+AST+T-BIL+BHBA+Glc;0.740,260.133,1+ALB+AST+NEFA+TG+TCHO;0.737,259.931,1+ALB+AST+NEFA+Glc+TCHO;0.739,261.202,1+ALB+AST+NEFA+Glc+TG;0.739,260.214,1+ALB+AST+NEFA+BHBA+TCHO;0.739,261.326,1+ALB+AST+NEFA+BHBA+TG;0.739,261.283,1+ALB+AST+NEFA+BHBA+Glc;0.740,260.191,1+ALB+AST+NEFA+T-BIL+TCHO;0.740,261.222,1+ALB+AST+NEFA+T-BIL+TG;0.739,261.106,1+ALB+AST+NEFA+T-BIL+Glc;0.740,261.270,1+ALB+AST+NEFA+T-BIL+BHBA;0.736,262.080,1+ALB+AST+gGT+T-BIL+TG;0.736,261.699,1+ALB+AST+gGT+T-BIL+Glc;0.736,261.945,1+ALB+AST+gGT+T-BIL+BHBA;0.738,260.111,1+ALB+AST+gGT+NEFA+TCHO;0.738,261.256,1+ALB+AST+gGT+NEFA+TG;0.738,261.224,1+ALB+AST+gGT+NEFA+Glc;0.738,261.326,1+ALB+AST+gGT+NEFA+BHBA;0.738,261.244,1+ALB+AST+gGT+NEFA+T-BIL;0.734,259.172,1+ALB+AST+ALT+TG+TCHO;0.735,259.235,1+ALB+AST+ALT+Glc+TCHO;0.734,259.843,1+ALB+AST+ALT+Glc+TG;0.735,259.029,1+ALB+AST+ALT+BHBA+TCHO;0.736,259.618,1+ALB+AST+ALT+BHBA+TG;0.736,259.569,1+ALB+AST+ALT+BHBA+Glc;0.736,258.214,1+ALB+AST+ALT+T-BIL+TCHO;0.736,258.824,1+ALB+AST+ALT+T-BIL+TG;0.736,258.657,1+ALB+AST+ALT+T-BIL+Glc;0.736,258.813,1+ALB+AST+ALT+T-BIL+BHBA;0.739,257.855,1+ALB+AST+ALT+NEFA+TCHO;0.739,258.511,1+ALB+AST+ALT+NEFA+TG;0.739,258.511,1+ALB+AST+ALT+NEFA+Glc;0.739,258.565,1+ALB+AST+ALT+NEFA+BHBA;0.738,258.528,1+ALB+AST+ALT+NEFA+T-BIL;0.735,259.301,1+ALB+AST+ALT+gGT+TCHO;0.734,259.865,1+ALB+AST+ALT+gGT+TG;0.735,259.923,1+ALB+AST+ALT+gGT+Glc;0.735,259.669,1+ALB+AST+ALT+gGT+BHBA;0.735,258.825,1+ALB+AST+ALT+gGT+T-BIL;0.738,258.522,1+ALB+AST+ALT+gGT+NEFA;0.732,259.065,1+ALB+Ca+ALT+T-BIL+TCHO;0.732,259.768,1+ALB+Ca+ALT+T-BIL+TG;0.733,259.527,1+ALB+Ca+ALT+T-BIL+Glc;0.732,259.738,1+ALB+Ca+ALT+T-BIL+BHBA;0.733,258.713,1+ALB+Ca+ALT+NEFA+TCHO;0.734,259.516,1+ALB+Ca+ALT+NEFA+TG;0.736,259.383,1+ALB+Ca+ALT+NEFA+Glc;0.734,259.522,1+ALB+Ca+ALT+NEFA+BHBA;0.734,259.523,1+ALB+Ca+ALT+NEFA+T-BIL;0.733,259.711,1+ALB+Ca+ALT+gGT+T-BIL;0.734,259.503,1+ALB+Ca+ALT+gGT+NEFA;0.736,261.112,1+ALB+Ca+AST+T-BIL+TCHO;0.736,262.010,1+ALB+Ca+AST+T-BIL+TG;0.736,261.556,1+ALB+Ca+AST+T-BIL+Glc;0.734,261.847,1+ALB+Ca+AST+T-BIL+BHBA;0.738,260.164,1+ALB+Ca+AST+NEFA+TCHO;0.739,261.261,1+ALB+Ca+AST+NEFA+TG;0.738,261.197,1+ALB+Ca+AST+NEFA+Glc;0.739,261.340,1+ALB+Ca+AST+NEFA+BHBA;0.740,261.245,1+ALB+Ca+AST+NEFA+T-BIL;0.734,262.008,1+ALB+Ca+AST+gGT+T-BIL;0.737,261.255,1+ALB+Ca+AST+gGT+NEFA;0.734,259.084,1+ALB+Ca+AST+ALT+TCHO;0.734,259.635,1+ALB+Ca+AST+ALT+TG;0.734,259.636,1+ALB+Ca+AST+ALT+Glc;0.735,259.526,1+ALB+Ca+AST+ALT+BHBA;0.734,258.699,1+ALB+Ca+AST+ALT+T-BIL;0.738,258.452,1+ALB+Ca+AST+ALT+NEFA;0.735,259.723,1+ALB+Ca+AST+ALT+gGT;0.745,256.022,1+ALB+BUN+ALT+TG+TCHO;0.745,256.031,1+ALB+BUN+ALT+Glc+TCHO;0.745,256.526,1+ALB+BUN+ALT+Glc+TG;0.746,255.716,1+ALB+BUN+ALT+BHBA+TCHO;0.747,256.193,1+ALB+BUN+ALT+BHBA+TG;0.746,256.160,1+ALB+BUN+ALT+BHBA+Glc;0.746,255.246,1+ALB+BUN+ALT+T-BIL+TCHO;0.748,255.688,1+ALB+BUN+ALT+T-BIL+TG;0.748,255.694,1+ALB+BUN+ALT+T-BIL+Glc;0.748,255.727,1+ALB+BUN+ALT+T-BIL+BHBA;0.748,255.564,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+TCHO;0.749,256.087,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+TG;0.749,256.116,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Glc;0.747,255.978,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+BHBA;0.748,255.714,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+T-BIL;0.745,256.039,1+ALB+BUN+ALT+gGT+TCHO;0.745,256.523,1+ALB+BUN+ALT+gGT+TG;0.744,256.

- 529,1+ALB+BUN+ALT+gGT+Glc;0.746,256.193,1+ALB+BUN+ALT+gGT+B
HBA;0.747,255.729,1+ALB+BUN+ALT+gGT+T-BIL;0.748,256.120,1+A
LB+BUN+ALT+gGT+NEFA;0.730,259.988,1+ALB+BUN+AST+Glc+TCHO;0.
730,260.627,1+ALB+BUN+AST+Glc+TG;0.733,259.646,1+ALB+BUN+AS
5 T+BHBA+TCHO;0.733,260.173,1+ALB+BUN+AST+BHBA+TG;0.733,260.2
11,1+ALB+BUN+AST+BHBA+Glc;0.740,257.071,1+ALB+BUN+AST+T-BIL
+TCHO;0.742,257.608,1+ALB+BUN+AST+T-BIL+TG;0.741,257.518,1+ ALB+BUN+AST+T-
BIL+Glc;0.741,257.654,1+ALB+BUN+AST+T-BIL+BHB
A;0.740,257.480,1+ALB+BUN+AST+NEFA+TCHO;0.741,258.252,1+ALB
10 +BUN+AST+NEFA+TG;0.740,258.323,1+ALB+BUN+AST+NEFA+Glc;0.740,
258.260,1+ALB+BUN+AST+NEFA+BHBA;0.742,257.642,1+ALB+BUN+AST +NEFA+T-
BIL;0.731,260.768,1+ALB+BUN+AST+gGT+Glc;0.736,260.2
76,1+ALB+BUN+AST+gGT+BHBA;0.741,257.641,1+ALB+BUN+AST+gGT+T -BIL; 0.741,258.240,
1+ALB+BUN+AST+gGT+NEFA; 0.745,255.699,1+A
15 LB+BUN+AST+ALT+TCHO;0.745,256.158,1+ALB+BUN+AST+ALT+TG;0.74
6,256.163,1+ALB+BUN+AST+ALT+Glc;0.745,255.768,1+ALB+BUN+AST
+ALT+BHBA;0.748,255.010,1+ALB+BUN+AST+ALT+T-BIL;0.747,255.5
15,1+ALB+BUN+AST+ALT+NEFA;0.745,256.148,1+ALB+BUN+AST+ALT+g
GT;0.745,255.756,1+ALB+BUN+Ca+ALT+TCHO;0.745,256.218,1+ALB+
20 BUN+Ca+ALT+TG;0.745,256.201,1+ALB+BUN+Ca+ALT+Glc;0.745,255.
991,1+ALB+BUN+Ca+ALT+BHBA;0.748,255.510,1+ALB+BUN+Ca+ALT+T-
BIL;0.748,255.876,1+ALB+BUN+Ca+ALT+NEFA;0.745,256.229,1+ALB
+BUN+Ca+ALT+gGT;0.730,260.488,1+ALB+BUN+Ca+AST+Glc;0.735,26
0.147,1+ALB+BUN+Ca+AST+BHBA;0.741,257.566,1+ALB+BUN+Ca+AST+ T-BIL ,-
25 0.740,258.224,1+ALB+BUN+Ca+AST+NEFA; 0.733,260.556,1+A
LB+BUN+Ca+AST+gGT;0.745,255.897,1+ALB+BUN+Ca+AST+ALT;0.732,
259.663,1+TP+ALB+ALT+TG+TCHO;0.731,259.664,1+TP+ALB+ALT+Glc
+TCHO;0.730,260.417,1+TP+ALB+ALT+Glc+TG;0.731,259.662,1+TP+
ALB+ALT+BHBA+TCHO;0.732,260.337,1+TP+ALB+ALT+BHBA+TG;0.734, 259.187,1+TP+ALB+ALT+T-
30 BIL+TCHO;0.732,259.937,1+TP+ALB+ALT+ T-BIL+TG;0.734,259.770,1+TP+ALB+ALT+T-BIL+Glc;0.733,259.916,
1+TP+ALB+ALT+T-BIL+BHBA;0.734,258.835,1+TP+ALB+ALT+NEFA+TCH
O;0.735,259.603,1+TP+ALB+ALT+NEFA+Glc;0.732,259.745,1+TP+AL
B+ALT+gGT+TCHO;0.732,260.424,1+TP+ALB+ALT+gGT+TG;0.731,260.
444,1+TP+ALB+ALT+gGT+Glc;0.732,260.355,1+TP+ALB+ALT+gGT+BHB A;
35 0.734,259.877,1+TP+ALB+ALT+gGT+T-BIL; 0.729,264.5 63, 1 + TP+A
LB+AST+BHBA+Glc;0.738,261.170,1+TP+ALB+AST+T-BIL+TCHO;0.736, 262.077,1+TP+ALB+AST+T-
BIL+TG;0.736,261.678,1+TP+ALB+AST+T-BIL+Glc;0.736,261.921,1+TP+ALB+AST+T-BIL+BHBA;0.740,260.225,
1+TP+ALB+AST+NEFA+TCHO;0.740,261.326,1+TP+ALB+AST+NEFA+TG;0.
739,261.296,1+TP+ALB+AST+NEFA+Glc;0.740,261.407,1+TP+ALB+AS
40 T+NEFA+BHBA;0.740,261.307,1+TP+ALB+AST+NEFA+T-BIL;0.731,264.
773,1+TP+ALB+AST+gGT+BHBA;0.735,262.074,1+TP+ALB+AST+gGT+T-BIL ; 0.738,261.325,
1+TP+ALB+AST+gGT+NEFA; 0.734,259.216,1 + TP+
ALB+AST+ALT+TCHO;0.735,259.831,1+TP+ALB+AST+ALT+TG;0.735,25
9.865,1+TP+ALB+AST+ALT+Glc;0.735,259.664,1+TP+ALB+AST+ALT+B
45 HBA;0.735,258.826,1+TP+ALB+AST+ALT+T-BIL;0.734,259.904,1+TP
+ALB+AST+ALT+gGT;0.731,259.578,1+TP+ALB+Ca+ALT+TCHO;0.730,2
60.269,1+TP+ALB+Ca+ALT+gGT;0.729,264.678,1+TP+ALB+Ca+AST+BH
BA;0.735,262.010,1+TP+ALB+Ca+AST+T-BIL;0.739,261.338,1+TP+A
LB+Ca+AST+NEFA;0.733,259.698,1+TP+ALB+Ca+AST+ALT;0.745,256.
50 011,1+TP+ALB+BUN+ALT+TCHO;0.745,256.511,1+TP+ALB+BUN+ALT+T
G;0.746,256.516,1+TP+ALB+BUN+ALT+Glc;0.746,256.194,1+TP+ALB
+BUN+ALT+BHBA;0.749,255.735,1+TP+ALB+BUN+ALT+T-BIL;0.748,25
6.118,1+TP+ALB+BUN+ALT+NEFA;0.745,256.517,1+TP+ALB+BUN+ALT+ gGT; 0.732,260.735, 1 +
TP+ALB+BUN+AST+Glc; 0.736,260.289, 1 + TP+A LB+BUN+AST+BHBA;0.741,257.679,1+TP+ALB+BUN+AST+T-
55 BIL;0.741, 258.345,1+TP+ALB+BUN+AST+NEFA;0.734,260.766,1+TP+ALB+BUN+AS
T+gGT;0.745,256.155,1+TP+ALB+BUN+AST+ALT;0.746,256.227,1+TP
+ALB+BUN+Ca+ALT;0.733,260.549,1+TP+ALB+BUN+Ca+AST
- [410. Fórmula (con seis variables de bioquímica) con precisión diagnóstica mejorada mediante la adición del término
60 de paridad] 0.733,261.445,1+ALB+ALT+BHBA+Glc+TG+TCHO;0.735,260.955,1+AL B+ALT+T-
BIL+Glc+TG+TCHO;0.733,261.207,1+ALB+ALT+T-BIL+BHBA+ TG+TCHO;0.734,260.954,1+ALB+ALT+T-
BIL+BHBA+Glc+TCHO;0.733,2 61.813,1+ALB+ALT+T-BIL+BHBA+Glc+TG;0.737,260.645,1+ALB+ALT+
NEFA+Glc+TG+TCHO;0.735,260.843,1+ALB+ALT+NEFA+BHBA+TG+TCHO;
0.737,260.657,1+ALB+ALT+NEFA+BHBA+Glc+TCHO;0.735,261.594,1+
65 ALB+ALT+NEFA+BHBA+Glc+TG;0.734,260.845,1+ALB+ALT+NEFA+T-BIL
+TG+TCHO;0.737,260.656,1+ALB+ALT+NEFA+T-BIL+Glc+TCHO;0.735, 261.587,1+ALB+ALT+NEFA+T-

BIL+Glc+TG;0.734,260.853,1+ALB+ALT +NEFA+T-BIL+BHBA+TCHO;0.734,261.685,1+ALB+ALT+NEFA+T-BIL+BH
 BA+TG;0.735,261.602,1+ALB+ALT+NEFA+T-BIL+BHBA+Glc;0.731,261.
 619,1+ALB+ALT+gGT+Glc+TG+TCHO;0.733,261.573,1+ALB+ALT+gGT+B
 HBA+TG+TCHO;0.733,261.467,1+ALB+ALT+gGT+BHBA+Glc+TCHO;0.735, 261.162,1+ALB+ALT+gGT+T-
 5 BIL+TG+TCHO;0.734,260.878,1+ALB+ALT +gGT+T-BIL+Glc+TCHO;0.734,261.716,1+ALB+ALT+gGT+T-BIL+Glc+T
 G;0.735,261.140,1+ALB+ALT+gGT+T-BIL+BHBA+TCHO;0.734,261.867, 1+ALB+ALT+gGT+T-
 BIL+BHBA+TG;0.734,261.719,1+ALB+ALT+gGT+T-B
 IL+BHBA+Glc;0.735,260.826,1+ALB+ALT+gGT+NEFA+TG+TCHO;0.735,
 260.647,1+ALB+ALT+gGT+NEFA+Glc+TCHO;0.735,261.566,1+ALB+ALT
 10 +gGT+NEFA+Glc+TG;0.735,260.836,1+ALB+ALT+gGT+NEFA+BHBA+TCH O;
 0.734,261.653,1+ALB+ALT+gGT+NEFA+BHBA+TG; 0.736,261.575,1 +
 ALB+ALT+gGT+NEFA+BHBA+Glc;0.735,260.838,1+ALB+ALT+gGT+NEFA+ T-
 BIL+TCHO;0.734,261.646,1+ALB+ALT+gGT+NEFA+T-BIL+TG;0.735, 261.559,1+ALB+ALT+gGT+NEFA+T-
 BIL+Glc;0.735,261.662,1+ALB+AL T+gGT+NEFA+T-BIL+BHBA;0.736,262.535,1+ALB+AST+T-BIL+Glc+TG+
 15 TCHO;0.736,262.992,1+ALB+AST+T-BIL+BHBA+TG+TCHO;0.735,262.4 90,1+ALB+AST+T-
 BIL+BHBA+Glc+TCHO;0.736,263.626,1+ALB+AST+T-
 BIL+BHBA+Glc+TG;0.740,261.810,1+ALB+AST+NEFA+Glc+TG+TCHO;0.
 740,262.119,1+ALB+AST+NEFA+BHBA+TG+TCHO;0.738,261.927,1+ALB
 +AST+NEFA+BHBA+Glc+TCHO;0.739,263.189,1+ALB+AST+NEFA+BHBA+G
 20 lc+TG;0.740,262.099,1+ALB+AST+NEFA+T-BIL+TG+TCHO;0.738,261. 808,1+ALB+AST+NEFA+T-
 BIL+Glc+TCHO;0.740,262.998,1+ALB+AST+N EFA+T-BIL+Glc+TG;0.739,262.136,1+ALB+AST+NEFA+T-
 BIL+BHBA+TC HO;0.740,263.177,1+ALB+AST+NEFA+T-BIL+BHBA+TG;0.739,263.095, 1+ALB+AST+NEFA+T-
 BIL+BHBA+Glc;0.737,263.682,1+ALB+AST+gGT+T -BIL+Glc+TG;0.737,263.937,1+ALB+AST+gGT+T-
 BIL+BHBA+TG;0.736, 263.649,1+ALB+AST+gGT+T-BIL+BHBA+Glc;0.739,262.032,1+ALB+AS
 25 T+gGT+NEFA+TG+TCHO;0.737,261.830,1+ALB+AST+gGT+NEFA+Glc+TCH
 O;0.738,263.141,1+ALB+AST+gGT+NEFA+Glc+TG;0.737,262.103,1+A
 LB+AST+gGT+NEFA+BHBA+TCHO;0.738,263.256,1+ALB+AST+gGT+NEFA+
 BHBA+TG;0.738,263.209,1+ALB+AST+gGT+NEFA+BHBA+Glc;0.737,262. 091,1+ALB+AST+gGT+NEFA+T-
 BIL+TCHO;0.739,263.170,1+ALB+AST+g GT+NEFA+T-BIL+TG;0.738,262.062,1+ALB+AST+gGT+NEFA+T-BIL+GI
 30 c;0.738,263.218,1+ALB+AST+gGT+NEFA+T-BIL+BHBA;0.735,261.117,
 1+ALB+AST+ALT+Glc+TG+TCHO;0.737,260.939,1+ALB+AST+ALT+BHBA+
 TG+TCHO;0.735,260.868,1+ALB+AST+ALT+BHBA+Glc+TCHO;0.736,261.
 528,1+ALB+AST+ALT+BHBA+Glc+TG;0.736,260.214,1+ALB+AST+ALT+T -
 BIL+TG+TCHO;0.737,259.952,1+ALB+AST+ALT+T-BIL+Glc+TCHO;0.7 37,260.636,1+ALB+AST+ALT+T-
 35 BIL+Glc+TG;0.736,260.194,1+ALB+A ST+ALT+T-BIL+BHBA+TCHO;0.736,260.803,1+ALB+AST+ALT+T-BIL+BH
 BA+TG;0.736,260.656,1+ALB+AST+ALT+T-BIL+BHBA+Glc;0.740,259.
 811,1+ALB+AST+ALT+NEFA+TG+TCHO;0.741,259.717,1+ALB+AST+ALT+
 NEFA+Glc+TCHO;0.740,260.439,1+ALB+AST+ALT+NEFA+Glc+TG;0.738,
 259.853,1+ALB+AST+ALT+NEFA+BHBA+TCHO;0.739,260.506,1+ALB+AS
 40 T+ALT+NEFA+BHBA+TG;0.739,260.481,1+ALB+AST+ALT+NEFA+BHBA+GI
 c;0.738,259.835,1+ALB+AST+ALT+NEFA+T-BIL+TCHO;0.739,260.466, 1+ALB+AST+ALT+NEFA+T-
 BIL+TG;0.738,260.424,1+ALB+AST+ALT+NEF A+T-BIL+Glc;0.738,260.527,1+ALB+AST+ALT+NEFA+T-
 BIL+BHBA;0.7 34,261.172,1+ALB+AST+ALT+gGT+TG+TCHO;0.735,261.233,1+ALB+AS
 T+ALT+gGT+Glc+TCHO;0.734,261.843,1+ALB+AST+ALT+gGT+Glc+TG;0.
 45 735,261.028,1+ALB+AST+ALT+gGT+BHBA+TCHO;0.736,261.611,1+ALB
 +AST+ALT+gGT+BHBA+TG;0.736,261.568,1+ALB+AST+ALT+gGT+BHBA+G
 lc;0.736,260.211,1+ALB+AST+ALT+gGT+T-BIL+TCHO;0.736,260.820, 1+ALB+AST+ALT+gGT+T-
 BIL+TG;0.736,260.654,1+ALB+AST+ALT+gGT+ T-BIL+Glc;0.735,260.809,1+ALB+AST+ALT+gGT+T-
 BIL+BHBA;0.739, 259.806,1+ALB+AST+ALT+gGT+NEFA+TCHO;0.738,260.468,1+ALB+AST
 50 +ALT+gGT+NEFA+TG;0.738,260.465,1+ALB+AST+ALT+gGT+NEFA+Glc;0.
 737,260.513,1+ALB+AST+ALT+gGT+NEFA+BHBA;0.738,260.488,1+ALB +AST+ALT+gGT+NEFA+T-
 BIL;0.731,261.053,1+ALB+Ca+ALT+T-BIL+TG +TCHO;0.733,260.675,1+ALB+Ca+ALT+T-
 BIL+Glc+TCHO;0.731,261.0 23,1+ALB+Ca+ALT+T-BIL+BHBA+TCHO;0.732,261.737,1+ALB+Ca+ALT+ T-
 BIL+BHBA+TG;0.733,261.521,1+ALB+Ca+ALT+T-BIL+BHBA+Glc;0.7
 55 33,260.707,1+ALB+Ca+ALT+NEFA+TG+TCHO;0.735,260.440,1+ALB+Ca
 +ALT+NEFA+Glc+TCHO;0.736,261.369,1+ALB+Ca+ALT+NEFA+Glc+TG;0.
 732,260.703,1+ALB+Ca+ALT+NEFA+BHBA+TCHO;0.734,261.514,1+ALB
 +Ca+ALT+NEFA+BHBA+TG;0.736,261.378,1+ALB+Ca+ALT+NEFA+BHBA+G
 lc;0.733,260.712,1+ALB+Ca+ALT+NEFA+T-BIL+TCHO;0.734,261.514, 1+ALB+Ca+ALT+NEFA+T-
 60 BIL+TG;0.736,261.358,1+ALB+Ca+ALT+NEFA+ T-BIL+Glc;0.734,261.516,1+ALB+Ca+ALT+NEFA+T-
 BIL+BHBA;0.730, 261.475,1+ALB+Ca+ALT+gGT+TG+TCHO;0.731,262.115,1+ALB+Ca+ALT
 +gGT+Glc+TG;0.733,261.010,1+ALB+Ca+ALT+gGT+T-BIL+TCHO;0.733, 261.711,1+ALB+Ca+ALT+gGT+T-
 BIL+TG;0.734,261.456,1+ALB+Ca+AL T+gGT+T-BIL+Glc;0.733,261.671,1+ALB+Ca+ALT+gGT+T-BIL+BHBA;0.
 733,260.700,1+ALB+Ca+ALT+gGT+NEFA+TCHO;0.735,261.491,1+ALB+
 65 Ca+ALT+gGT+NEFA+TG;0.735,261.359,1+ALB+Ca+ALT+gGT+NEFA+Glc;
 0.734,261.501,1+ALB+Ca+ALT+gGT+NEFA+BHBA;0.734,261.499,1+AL B+Ca+ALT+gGT+NEFA+T-

- BIL;0.736,263.112,1+ALB+Ca+AST+T-BIL+TG +TCHO;0.734,262.396,1+ALB+Ca+AST+T-BIL+Glc+TCHO;0.736,263.538,1+ALB+Ca+AST+T-BIL+Glc+TG;0.735,263.839,1+ALB+Ca+AST+T-BIL+BHBA+TG;0.734,263.486,1+ALB+Ca+AST+T-BIL+BHBA+Glc;0.739,262.074,1+ALB+Ca+AST+NEFA+TG+TCHO;0.737,261.828,1+ALB+Ca+AST+NEFA+Glc+TCHO;0.737,263.105,1+ALB+Ca+AST+NEFA+Glc+TG;0.737,262.150,1+ALB+Ca+AST+NEFA+BHBA+TCHO;0.739,263.260,1+ALB+Ca+AST+NEFA+BHBA+TG;0.737,263.189,1+ALB+Ca+AST+NEFA+BHBA+Glc;0.738,262.133,1+ALB+Ca+AST+NEFA+T-BIL+TCHO;0.739,263.161,1+ALB+Ca+AST+NEFA+T-BIL+TG;0.738,263.001,1+ALB+Ca+AST+NEFA+T-BIL+Glc;0.739,263.197,1+ALB+Ca+AST+NEFA+T-BIL+BHBA;0.735,264.006,1+ALB+Ca+AST+gGT+T-BIL+TG;0.736,263.554,1+ALB+Ca+AST+gGT+T-BIL+Glc;0.734,263.846,1+ALB+Ca+AST+gGT+T-BIL+BHBA;0.735,262.048,1+ALB+Ca+AST+gGT+NEFA+TCHO;0.737,263.187,1+ALB+Ca+AST+gGT+NEFA+TG;0.736,263.121,1+ALB+Ca+AST+gGT+NEFA+Glc;0.737,263.255,1+ALB+Ca+AST+gGT+NEFA+BHBA;0.736,263.178,1+ALB+Ca+AST+gGT+NEFA+T-BIL;0.735,260.952,1+ALB+Ca+AST+ALT+TG+TCHO;0.734,260.942,1+ALB+Ca+AST+ALT+Glc+TCHO;0.735,261.560,1+ALB+Ca+AST+ALT+Glc+TG;0.735,260.889,1+ALB+Ca+AST+ALT+BHBA+TCHO;0.735,261.467,1+ALB+Ca+AST+ALT+BHBA+TG;0.735,261.368,1+ALB+Ca+AST+ALT+BHBA+Glc;0.736,260.090,1+ALB+Ca+AST+ALT+T-BIL+TCHO;0.734,260.694,1+ALB+Ca+AST+ALT+T-BIL+TG;0.738,260.447,1+ALB+Ca+AST+ALT+T-BIL+Glc;0.735,260.663,1+ALB+Ca+AST+ALT+T-BIL+BHBA;0.738,259.749,1+ALB+Ca+AST+ALT+NEFA+TCHO;0.738,260.399,1+ALB+Ca+AST+ALT+NEFA+TG;0.739,260.344,1+ALB+Ca+AST+ALT+NEFA+Glc;0.738,260.451,1+ALB+Ca+AST+ALT+NEFA+BHBA;0.737,260.413,1+ALB+Ca+AST+ALT+NEFA+T-BIL;0.734,261.084,1+ALB+Ca+AST+ALT+gGT+TCHO;0.734,261.631,1+ALB+Ca+AST+ALT+gGT+TG;0.734,261.636,1+ALB+Ca+AST+ALT+gGT+Glc;0.735,261.521,1+ALB+Ca+AST+ALT+gGT+BHBA;0.735,260.690,1+ALB+Ca+AST+ALT+gGT+T-BIL;0.736,260.396,1+ALB+Ca+AST+ALT+gGT+NEFA;0.739,262.357,1+ALB+BUN+NEFA+T-BIL+Glc+TG;0.739,262.478,1+ALB+BUN+NEFA+T-BIL+BHBA+TG;0.739,262.312,1+ALB+BUN+gGT+NEFA+T-BIL+TG;0.745,258.010,1+ALB+BUN+ALT+Glc+TG+TCHO;0.746,257.708,1+ALB+BUN+ALT+BHBA+TG+TCHO;0.745,257.652,1+ALB+BUN+ALT+BHBA+Glc+TCHO;0.746,258.160,1+ALB+BUN+ALT+BHBA+Glc+TG;0.746,257.216,1+ALB+BUN+ALT+T-BIL+TG+TCHO;0.747,257.153,1+ALB+BUN+ALT+T-BIL+Glc+TCHO;0.749,257.631,1+ALB+BUN+ALT+T-BIL+Glc+TG;0.746,257.242,1+ALB+BUN+ALT+T-BIL+BHBA+TCHO;0.748,257.683,1+ALB+BUN+ALT+T-BIL+BHBA+TG;0.747,257.672,1+ALB+BUN+ALT+T-BIL+BHBA+Glc;0.746,257.537,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+TG+TCHO;0.747,257.531,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Glc+TCHO;0.749,258.079,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Glc+TG;0.746,257.456,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+BHBA+TCHO;0.747,257.950,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+BHBA+TG;0.748,257.947,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+BHBA+Glc;0.746,257.242,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+T-BIL+TCHO;0.748,257.679,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+T-BIL+TG;0.747,257.660,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+T-BIL+Glc;0.748,257.710,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+T-BIL+BHBA;0.744,258.017,1+ALB+BUN+ALT+gGT+TG+TCHO;0.745,258.023,1+ALB+BUN+ALT+gGT+Glc+TCHO;0.745,258.521,1+ALB+BUN+ALT+gGT+Glc+TG;0.746,257.715,1+ALB+BUN+ALT+gGT+BHBA+TCHO;0.747,258.192,1+ALB+BUN+ALT+gGT+BHBA+TG;0.746,258.159,1+ALB+BUN+ALT+gGT+BHBA+Glc;0.745,257.240,1+ALB+BUN+ALT+gGT+T-BIL+TCHO;0.747,257.674,1+ALB+BUN+ALT+gGT+T-BIL+TG;0.746,257.683,1+ALB+BUN+ALT+gGT+T-BIL+Glc;0.747,257.721,1+ALB+BUN+ALT+gGT+T-BIL+BHBA;0.747,257.564,1+ALB+BUN+ALT+gGT+NEFA+TCHO;0.748,258.085,1+ALB+BUN+ALT+gGT+NEFA+TG;0.748,258.115,1+ALB+BUN+ALT+gGT+NEFA+Glc;0.747,257.978,1+ALB+BUN+ALT+gGT+NEFA+BHBA;0.747,257.702,1+ALB+BUN+ALT+gGT+NEFA+T-BIL;0.731,261.506,1+ALB+BUN+AST+BHBA+TG+TCHO;0.731,261.475,1+ALB+BUN+AST+BHBA+Glc+TCHO;0.731,262.111,1+ALB+BUN+AST+BHBA+Glc+TG;0.741,259.014,1+ALB+BUN+AST+T-BIL+TG+TCHO;0.740,258.775,1+ALB+BUN+AST+T-BIL+Glc+TCHO;0.742,259.409,1+ALB+BUN+AST+T-BIL+Glc+TG;0.740,259.025,1+ALB+BUN+AST+T-BIL+BHBA+TCHO;0.742,259.573,1+ALB+BUN+AST+T-BIL+BHBA+TG;0.741,259.514,1+ALB+BUN+AST+T-BIL+BHBA+Glc;0.743,259.374,1+ALB+BUN+AST+NEFA+TG+TCHO;0.739,259.373,1+ALB+BUN+AST+NEFA+Glc+TCHO;0.741,260.220,1+ALB+BUN+AST+NEFA+Glc+TG;0.741,259.442,1+ALB+BUN+AST+NEFA+BHBA+TCHO;0.741,260.171,1+ALB+BUN+AST+NEFA+BHBA+TG;0.738,260.205,1+ALB+BUN+AST+NEFA+BHBA+Glc;0.740,258.975,1+ALB+BUN+AST+NEFA+T-BIL+TCHO;0.742,259.535,1+ALB+BUN+AST+NEFA+T-BIL+TG;0.741,259.504,1+ALB+BUN+AST+NEFA+T-BIL+Glc;0.742,259.628,1+ALB+BUN+AST+NEFA+T-BIL+BHBA;0.731,261.985,1+ALB+BUN+AST+gGT+Glc+TCHO;0.732,261.625,1+ALB+BUN+AST+gGT+BHBA+TCHO;0.733,262.146,1+ALB+BUN+AST+gGT+BHBA+TG;0.733,262.201,1+ALB+BUN+AST+gGT+BHBA+Glc;0.741,259.024,1+ALB+BUN+AST+gGT+T-BIL+TCHO;0.742,259.581,1+ALB+BUN+AST+gGT+T-BIL+TG;0.740,259.487,1+ALB+BUN+AST+gGT+T-BIL+Glc;0.

- 741,259.62 0,1+ALB+BUN+AST+gGT+T-BIL+BHBA; 0.740,259.344,1+ALB+BUN+AST+gGT+NEFA+TCHO;0.741,260.160,1+ALB+BUN+AST+gGT+NEFA+TG;0.741,260.222,1+ALB+BUN+AST+gGT+NEFA+Glc;0.741,260.140,1+ALB+BUN+AST+gGT+NEFA+BHBA;0.741,259.585,1+ALB+BUN+AST+gGT+NEFA+T-BIL;0.744,257.678,1+ALB+BUN+AST+ALT+TG+TCHO;0.745,257.687,1+ALB+BUN+AST+ALT+Glc+TCHO;0.745,258.156,1+ALB+BUN+AST+ALT+Glc+TG;0.745,257.304,1+ALB+BUN+AST+ALT+BHBA+TCHO;0.745,257.768,1+ALB+BUN+AST+ALT+BHBA+TG;0.745,257.732,1+ALB+BUN+AST+ALT+BHBA+Glc;0.747,256.575,1+ALB+BUN+AST+ALT+T-BIL+TCHO;0.749,256.912,1+ALB+BUN+AST+ALT+T-BIL+TG;0.747,256.951,1+ALB+BUN+AST+ALT+T-BIL+Glc;0.747,257.006,1+ALB+BUN+AST+ALT+T-BIL+BHBA;0.747,257.008,1+ALB+BUN+AST+ALT+NEFA+TCHO;0.748,257.434,1+ALB+BUN+AST+ALT+NEFA+TG;0.747,257.509,1+ALB+BUN+AST+ALT+NEFA+Glc;0.747,257.367,1+ALB+BUN+AST+ALT+NEFA+BHBA;0.748,257.001,1+ALB+BUN+AST+ALT+NEFA+T-BIL;0.744,257.687,1+ALB+BUN+AST+ALT+gGT+TCHO;0.745,258.137,1+ALB+BUN+AST+ALT+gGT+TG;0.745,258.146,1+ALB+BUN+AST+ALT+gGT+Glc;0.746,257.723,1+ALB+BUN+AST+ALT+gGT+BHBA;0.747,256.961,1+ALB+BUN+AST+ALT+gGT+T-BIL;0.747,257.436,1+ALB+BUN+AST+ALT+gGT+NEFA;0.746,257.729,1+ALB+BUN+Ca+ALT+TG+TCHO;0.744,257.697,1+ALB+BUN+Ca+ALT+Glc+TCHO;0.745,258.192,1+ALB+BUN+Ca+ALT+Glc+TG;0.745,257.522,1+ALB+BUN+Ca+ALT+BHBA+TCHO;0.746,257.988,1+ALB+BUN+Ca+ALT+BHBA+TG;0.744,257.920,1+ALB+BUN+Ca+ALT+BHBA+Glc;0.745,257.037,1+ALB+BUN+Ca+ALT+T-BIL+TCHO;0.747,257.470,1+ALB+BUN+Ca+ALT+T-BIL+TG;0.748,257.415,1+ALB+BUN+Ca+ALT+T-BIL+Glc;0.748,257.509,1+ALB+BUN+Ca+ALT+T-BIL+BHBA;0.746,257.347,1+ALB+BUN+Ca+ALT+NEFA+TCHO;0.747,257.851,1+ALB+BUN+Ca+ALT+NEFA+TG;0.748,257.844,1+ALB+BUN+Ca+ALT+NEFA+Glc;0.746,257.784,1+ALB+BUN+Ca+ALT+NEFA+BHBA;0.747,257.481,1+ALB+BUN+Ca+ALT+NEFA+T-BIL;0.745,257.754,1+ALB+BUN+Ca+ALT+gGT+TCHO;0.745,258.218,1+ALB+BUN+Ca+ALT+gGT+TG;0.745,258.199,1+ALB+BUN+Ca+ALT+gGT+Glc;0.745,257.991,1+ALB+BUN+Ca+ALT+gGT+BHBA;0.747,257.507,1+ALB+BUN+Ca+ALT+gGT+T-BIL;0.749,257.876,1+ALB+BUN+Ca+ALT+gGT+NEFA;0.729,261.704,1+ALB+BUN+Ca+AST+Glc+TCHO;0.727,262.354,1+ALB+BUN+Ca+AST+Glc+TG;0.732,261.509,1+ALB+BUN+Ca+AST+BHBA+TCHO;0.731,262.028,1+ALB+BUN+Ca+AST+BHBA+TG;0.732,262.036,1+ALB+BUN+Ca+AST+BHBA+Glc;0.739,258.965,1+ALB+BUN+Ca+AST+T-BIL+TCHO;0.741,259.499,1+ALB+BUN+Ca+AST+T-BIL+TG;0.739,259.356,1+ALB+BUN+Ca+AST+T-BIL+Glc;0.741,259.527,1+ALB+BUN+Ca+AST+T-BIL+BHBA;0.738,259.373,1+ALB+BUN+Ca+AST+NEFA+TCHO;0.740,260.136,1+ALB+BUN+Ca+AST+NEFA+TG;0.739,260.180,1+ALB+BUN+Ca+AST+NEFA+Glc;0.739,260.157,1+ALB+BUN+Ca+AST+NEFA+BHBA;0.741,259.533,1+ALB+BUN+Ca+AST+NEFA+T-BIL;0.731,262.486,1+ALB+BUN+Ca+AST+gGT+Glc;0.734,262.131,1+ALB+BUN+Ca+AST+gGT+BHBA;0.740,259.522,1+ALB+BUN+Ca+AST+gGT+T-BIL;0.740,260.111,1+ALB+BUN+Ca+AST+gGT+NEFA;0.745,257.437,1+ALB+BUN+Ca+AST+ALT+TCHO;0.745,257.887,1+ALB+BUN+Ca+AST+ALT+TG;0.745,257.866,1+ALB+BUN+Ca+AST+ALT+Glc;0.746,257.606,1+ALB+BUN+Ca+AST+ALT+BHBA;0.748,256.846,1+ALB+BUN+Ca+AST+ALT+T-BIL;0.746,257.330,1+ALB+BUN+Ca+AST+ALT+NEFA;0.745,257.871,1+ALB+BUN+Ca+AST+ALT+gGT;0.732,261.559,1+TP+ALB+ALT+Glc+TG+TCHO;0.732,261.568,1+TP+ALB+ALT+BHBA+TG+TCHO;0.732,261.457,1+TP+ALB+ALT+BHBA+Glc+TCHO;0.732,262.239,1+TP+ALB+ALT+BHBA+Glc+TG;0.733,261.180,1+TP+ALB+ALT+T-BIL+TG+TCHO;0.734,260.876,1+TP+ALB+ALT+T-BIL+Glc+TCHO;0.734,261.769,1+TP+ALB+ALT+T-BIL+Glc+TG;0.733,261.151,1+TP+ALB+ALT+T-BIL+BHBA+TCHO;0.733,261.916,1+TP+ALB+ALT+T-BIL+BHBA+TG;0.734,261.766,1+TP+ALB+ALT+T-BIL+BHBA+Glc;0.735,260.825,1+TP+ALB+ALT+NEFA+TG+TCHO;0.735,260.626,1+TP+ALB+ALT+NEFA+Glc+TCHO;0.736,261.585,1+TP+ALB+ALT+NEFA+Glc+TG;0.734,260.829,1+TP+ALB+ALT+NEFA+BHBA+TCHO;0.736,261.595,1+TP+ALB+ALT+NEFA+BHBA+Glc;0.734,260.834,1+TP+ALB+ALT+NEFA+T-BIL+TCHO;0.735,261.583,1+TP+ALB+ALT+NEFA+T-BIL+Glc;0.732,261.639,1+TP+ALB+ALT+gGT+TG+TCHO;0.732,261.625,1+TP+ALB+ALT+gGT+Glc+TCHO;0.731,262.381,1+TP+ALB+ALT+gGT+Glc+TG;0.732,261.625,1+TP+ALB+ALT+gGT+BHBA+TCHO;0.733,262.304,1+TP+ALB+ALT+gGT+BHBA+TG;0.732,262.240,1+TP+ALB+ALT+gGT+BHBA+Glc;0.735,261.140,1+TP+ALB+ALT+gGT+T-BIL+TCHO;0.734,261.877,1+TP+ALB+ALT+gGT+T-BIL+TG;0.735,261.701,1+TP+ALB+ALT+gGT+T-BIL+Glc;0.733,261.852,1+TP+ALB+ALT+gGT+T-BIL+BHBA;0.735,260.824,1+TP+

- ALB+ALT+gGT+NEFA+TCHO;0.734,261.578,1+TP+ALB+ALT+gGT+NEFA+Glc;0.737,263.169,1+TP+ALB+AST+T-BIL+TG+TCHO;0.735,262.506,1+TP+ALB+AST+T-BIL+Glc+TCHO;0.736,263.657,1+TP+ALB+AST+T-BIL+Glc+TG;0.735,262.957,1+TP+ALB+AST+T-BIL+BHBA+TCHO;0.736,263.910,1+TP+ALB+AST+T-BIL+BHBA+TG;0.736,263.610,1+TP+ALB+AST+T-BIL+BHBA+Glc;0.740,262.133,1+TP+ALB+AST+NEFA+TG+TCHO;0.737,261.927,1+TP+ALB+AST+NEFA+Glc+TCHO;0.739,263.201,1+TP+ALB+AST+NEFA+Glc+TG;0.739,262.214,1+TP+ALB+AST+NEFA+BHBA+TCHO;0.740,263.326,1+TP+ALB+AST+NEFA+BHBA+TG;0.740,263.283,1+TP+ALB+AST+NEFA+BHBA+Glc;0.740,262.191,1+TP+ALB+AST+NEFA+T-BIL+TCHO;0.740,263.221,1+TP+ALB+AST+NEFA+T-BIL+TG;0.739,263.104,1+TP+ALB+AST+NEFA+T-BIL+Glc;0.740,263.270,1+TP+ALB+AST+NEFA+T-BIL+BHBA;0.729,266.562,1+TP+ALB+AST+gGT+BHBA+Glc;0.737,263.155,1+TP+ALB+AST+gGT+T-BIL+TCHO;0.736,264.072,1+TP+ALB+AST+gGT+T-BIL+TG;0.736,263.673,1+TP+ALB+AST+gGT+T-BIL+Glc;0.735,263.916,1+TP+ALB+AST+gGT+T-BIL+BHBA;0.737,262.107,1+TP+ALB+AST+gGT+NEFA+TCHO;0.738,263.254,1+TP+ALB+AST+gGT+NEFA+TG;0.737,263.218,1+TP+ALB+AST+gGT+NEFA+Glc;0.738,263.324,1+TP+ALB+AST+gGT+NEFA+BHBA;0.738,263.244,1+TP+ALB+AST+gGT+NEFA+T-BIL;0.735,261.104,1+TP+ALB+AST+ALT+TG+TCHO;0.734,261.126,1+TP+ALB+AST+ALT+Glc+TCHO;0.736,261.799,1+TP+ALB+AST+ALT+Glc+TG;0.735,260.999,1+TP+ALB+AST+ALT+BHBA+TCHO;0.736,261.613,1+TP+ALB+AST+ALT+BHBA+TG;0.735,261.556,1+TP+ALB+AST+ALT+BHBA+Glc;0.736,260.194,1+TP+ALB+AST+ALT+T-BIL+TCHO;0.736,260.818,1+TP+ALB+AST+ALT+T-BIL+TG;0.737,260.642,1+TP+ALB+AST+ALT+T-BIL+Glc;0.735,260.801,1+TP+ALB+AST+ALT+T-BIL+BHBA;0.738,259.850,1+TP+ALB+AST+ALT+NEFA+TCHO;0.734,261.215,1+TP+ALB+AST+ALT+gGT+TCHO;0.734,261.825,1+TP+ALB+AST+ALT+gGT+TG;0.734,261.864,1+TP+ALB+AST+ALT+gGT+Glc;0.735,261.658,1+TP+ALB+AST+ALT+gGT+BHBA;0.735,260.816,1+TP+ALB+AST+ALT+gGT+T-BIL;0.731,261.455,1+TP+ALB+Ca+ALT+TG+TCHO;0.732,261.036,1+TP+ALB+Ca+ALT+T-BIL+TCHO;0.732,261.503,1+TP+ALB+Ca+ALT+T-BIL+Glc;0.734,260.702,1+TP+ALB+Ca+ALT+NEFA+TCHO;0.732,261.547,1+TP+ALB+Ca+ALT+gGT+TCHO;0.729,262.153,1+TP+ALB+Ca+ALT+gGT+Glc;0.728,266.424,1+TP+ALB+Ca+AST+BHBA+Glc;0.736,263.106,1+TP+ALB+Ca+AST+T-BIL+TCHO;0.735,264.008,1+TP+ALB+Ca+AST+T-BIL+TG;0.736,263.544,1+TP+ALB+Ca+AST+T-BIL+Glc;0.734,263.830,1+TP+ALB+Ca+AST+T-BIL+BHBA;0.738,262.164,1+TP+ALB+Ca+AST+NEFA+TCHO;0.739,263.260,1+TP+ALB+Ca+AST+NEFA+TG;0.738,263.197,1+TP+ALB+Ca+AST+NEFA+Glc;0.738,263.338,1+TP+ALB+Ca+AST+NEFA+BHBA;0.739,263.243,1+TP+ALB+Ca+AST+NEFA+T-BIL;0.729,266.678,1+TP+ALB+Ca+AST+gGT+BHBA;0.734,264.004,1+TP+ALB+Ca+AST+gGT+T-BIL;0.737,263.255,1+TP+ALB+Ca+AST+gGT+NEFA;0.734,261.028,1+TP+ALB+Ca+AST+ALT+TCHO;0.734,261.619,1+TP+ALB+Ca+AST+ALT+TG;0.734,261.601,1+TP+ALB+Ca+AST+ALT+Glc;0.734,260.698,1+TP+ALB+Ca+AST+ALT+T-BIL;0.734,261.695,1+TP+ALB+Ca+AST+ALT+gGT;0.739,262.502,1+TP+ALB+BUN+NEFA+T-BIL+TG;0.745,257.991,1+TP+ALB+BUN+ALT+TG+TCHO;0.746,257.990,1+TP+ALB+BUN+ALT+Glc+TCHO;0.745,258.508,1+TP+ALB+BUN+ALT+Glc+TG;0.746,257.712,1+TP+ALB+BUN+ALT+BHBA+TCHO;0.747,258.193,1+TP+ALB+BUN+ALT+BHBA+TG;0.746,258.160,1+TP+ALB+BUN+ALT+BHBA+Glc;0.746,257.240,1+TP+ALB+BUN+ALT+T-BIL+TCHO;0.748,257.685,1+TP+ALB+BUN+ALT+T-BIL+TG;0.748,257.689,1+TP+ALB+BUN+ALT+T-BIL+Glc;0.747,257.727,1+TP+ALB+BUN+ALT+T-BIL+BHBA;0.747,257.556,1+TP+ALB+BUN+ALT+NEFA+TCHO;0.749,258.084,1+TP+ALB+BUN+ALT+NEFA+TG;0.748,258.112,1+TP+ALB+BUN+ALT+NEFA+Glc;0.748,257.712,1+TP+ALB+BUN+ALT+NEFA+T-BIL;0.745,258.009,1+TP+ALB+BUN+ALT+gGT+TCHO;0.745,258.509,1+TP+ALB+BUN+ALT+gGT+TG;0.745,258.513,1+TP+ALB+BUN+ALT+gGT+Glc;0.746,258.193,1+TP+ALB+BUN+ALT+gGT+BHBA;0.747,257.729,1+TP+ALB+BUN+ALT+gGT+T-BIL;0.748,258.118,1+TP+ALB+BUN+ALT+gGT+NEFA;0.731,261.938,1+TP+ALB+BUN+AST+Glc+TCHO;0.733,261.643,1+TP+ALB+BUN+AST+BHBA+TCHO;0.733,262.173,1+TP+ALB+BUN+AST+BHBA+Glc;0.740,259.071,1+TP+ALB+BUN+AST+T-BIL+TCHO;0.742,259.607,1+TP+ALB+BUN+AST+T-BIL+TG;0.741,259.518,1+TP+ALB+BUN+AST+T-BIL+Glc;0.741,259.654,1+TP+ALB+BUN+AST+T-BIL+BHBA;0.740,259.479,1+TP+ALB+BUN+AST+NEFA+TCHO;0.742,260.251,1+TP+ALB+BUN+AST+NEFA+TG;0.740,260.322,1+TP+ALB+BUN+AST+NEFA+Glc;0.739,260.249,1+TP+ALB+BUN+AST+NEFA+BHBA;0.741,259.640,1+TP+ALB+BUN+AST+NEFA+T-BIL;0.732,262.730,1+TP+ALB+BUN+AST+gGT+Glc;0.736,262.274,1+TP+ALB+BUN+AST+gGT+BHBA;0.741,259.640,1+TP+ALB+BUN+AST+gGT+T-BIL;0.741,260.239,1+TP+ALB+BUN+AST+gGT+NEFA;0.745,257.672,1+TP+ALB+BUN+AST+ALT+TCHO;0.745,258.148,1+TP+ALB+BUN+AST+ALT+TG;0.745,258.150,1+TP+ALB+BUN+AST+ALT+Glc;0.7

- 46,257.767, 1+TP+ALB+BUN+AST+ALT+BHBA; 0.747,257.009, 1+TP+ALB +BUN+AST+ALT+T-BIL; 0.747,257.515, 1+TP+ALB+BUN+AST+ALT+NEFA;
0.746,258.129, 1+TP+ALB+BUN+AST+ALT+gGT; 0.746,257.741, 1+TP+A
LB+BUN+Ca+ALT+TCHO; 0.746,258.215, 1+TP+ALB+BUN+Ca+ALT+TG; 0.7
- 5 45,258.194, 1+TP+ALB+BUN+Ca+ALT+Glc; 0.745,258.226, 1+TP+ALB+B
UN+Ca+ALT+gGT; 0.730,261.853, 1+TP+ALB+BUN+Ca+AST+TCHO; 0.731,
262.472, 1+TP+ALB+BUN+Ca+AST+Glc; 0.735,262.146, 1+TP+ALB+BUN+
Ca+AST+BHBA; 0.740,259.562, 1+TP+ALB+BUN+Ca+AST+T-BIL; 0.740,2
60.218, 1+TP+ALB+BUN+Ca+AST+NEFA; 0.734,262.541, 1+TP+ALB+BUN+
10 Ca+AST+gGT; 0.745,257.895, 1+TP+ALB+BUN+Ca+AST+ALT
- [411. Fórmula (con dos variables de aminoácido+bioquímica) con precisión diagnóstica mejorada mediante la adición del término de paridad]
- 15 0.751,250.928, 1+Lys+ALB; 0.748,251.463, 1+Trp+ALB; 0.746,251.9
28, 1+ALB+Orn; 0.743,252.614, 1+Arg+ALB; 0.736,256.166, 1+Phe+AL
B; 0.733,255.023, 1+ALB+Val; 0.731,254.610, 1+ALB+ALT; 0.730,257.
214, 1+Thr+ALB; 0.730,256.539, 1+ALB+Cit; 0.729,257.132, 1+ALB+B
UN; 0.729,259.247, 1+ALB+AST; 0.728,256.102, 1+ALB+BCAA; 0.728,2 57.315, 1+ALB+Pro; 0.72 6, 259.148,
1+ALB+NEFA; 0.726, 256.753, 1+A LB+Leu; 0.724,257.277, 1+ALB+Tyr; 0.723,258.818, 1+ALB+Met; 0.72
20 3,259.905, 1+ALB+Gly; 0.722,258.383, 1+ALB+Ile; 0.720,259.937, 1 +ALB+3MeHis; 0.718,260.087, 1+ALB+T-
BIL; 0.717,256.888, 1+ALB+A sp; 0.716,261.875, 1+ALB+gGT; 0.716,261.000, 1+ALB+Gln; 0.714,26
1.615, 1+ALB+His; 0.713,261.534, 1+ALB+Ser; 0.713,262.083, 1+ALB
+BHBA; 0.711,262.141, 1+ALB+Ca; 0.707,262.275, 1+ALB+Glc
- 25 [412. Fórmula (con tres variables de aminoácido+bioquímica) con precisión diagnóstica mejorada mediante la adición del término de paridad]
- 0.766,248.802, 1+ALB+Cit+Trp; 0.765,247.923, 1+Lys+ALB+BUN; 0.7
64,248.646, 1+ALB+BUN+Trp; 0.759,247.974, 1+Arg+ALT+ALB; 0.759, 247.457, 1+ALB+ALT+Lys;
0.757,252.122, 1+ALB+Cys+Lys ; 0.757,250. 503, 1+ALB+Lys+Trp; 0.757,250.672, 1+ALB+3MeHis+Lys; 0.756,250.
- 30 224, 1+ALB+AST+Lys; 0.756,249.022, 1+ALB+ALT+Orn; 0.756,250.642,
1+ALB+AST+Orn; 0.756,250.202, 1+Trp+AST+ALB; 0.756,251.172, 1+A
LB+BUN+Phe; 0.756,252.160, 1+Gly+Trp+ALB; 0.755,250.883, 1+ALB+
Orn+Trp; 0.755,251.288, 1+ALB+NEFA+Lys; 0.755,251.184, 1+ALB+BU
N+Orn; 0.754,250.863, 1+ALB+Arg+Trp; 0.754,251.609, 1+Lys+His+A
35 LB; 0.754,251.897, 1+ALB+Orn+Lys; 0.753,255.172, 1+Gly+Phe+ALB;
0.752,252.805, 1+ALB+Phe+Trp; 0.752,251.356, 1+Lys+TCHO+ALB; 0.752,251.446, 1+ALB+AST+Arg;
0.752,252.955, 1 + Trp+Glc+ALB; 0.752, 252.970, 1+Ala+Trp+ALB; 0.752,251.464, 1+ALB+BUN+Arg; 0.751,252.
904, 1+Lys+ALB+TP; 0.751,251.848, 1+Arg+Lys+ALB; 0.751,253.077,
1+ALB+Orn+Phe; 0.751,252.454, 1+Lys+Glc+ALB; 0.751,252.751, 1+L
40 ys+TG+ALB; 0.751,252.928, 1+Lys+Tyr+ALB; 0.751,252.928, 1+Ala+L
ys+ALB; 0.751,252.757, 1+Lys+gGT+ALB; 0.750,250.939, 1+ALB+Asp+
Lys; 0.750,252.897, 1+ALB+Lys+Phe; 0.750,252.905, 1+Lys+Thr+AL
B; 0.750,252.910, 1+BCAA+Lys+ALB; 0.750,252.927, 1+Trp+His+ALB;
0.750,252.528, 1+ALB+3MeHis+Orn; 0.750,251.740, 1+ALB+3MeHis+A
45 rg; 0.750,252.842, 1+ALB+Lys+Val; 0.749,250.838, 1+ALB+Asp+Trp;
0.749,252.958, 1+ALB+Val+Trp; 0.749,253.367, 1+Trp+ALB+TP; 0.74
9,252.826, 1+Lys+ALB+Ca; 0.749,252.335, 1+Trp+TCHO+ALB; 0.749,2
52.885, 1+ALB+3MeHis+Trp; 0.749,252.841, 1+Lys+ALB+BHBA; 0.749,
252.798, 1+ALB+Arg+Orn; 0.749,253.298, 1+ALB+NEFA+Trp; 0.748,25
50 3.430, 1+Trp+Thr+ALB; 0.748,253.463, 1+Trp+ALB+BHBA; 0.748,253.
312, 1+ALB+NEFA+Orn; 0.748,253.176, 1+Arg+ALB+NEFA; 0.748,253.3
94, 1+ALB+Tyr+Trp; 0.748,253.359, 1+Trp+gGT+ALB; 0.747,253.876,
1+Thr+ALB+BUN; 0.747,253.425, 1+Trp+TG+ALB; 0.746,255.377, 1+Ph
e+ALB+NEFA; 0.746,253.580, 1+Arg+His+ALB; 0.746,253.369, 1+Trp+
55 ALB+Ca; 0.746,251.782, 1+BCAA+ALT+ALB; 0.746,252.568, 1+Arg+TCH
O+ALB; 0.746,253.940, 1+Arg+gGT+ALB; 0.745,252.538, 1+ALB+BUN+A
LT; 0.745,255.200, 1+ALB+3MeHis+Phe; 0.744,253.712, 1+ALB+Orn+V al; 0.744,252.413, 1+ALB+Asp+Orn;
0.744,253.841, 1+ALB+Orn+Tyr; 0.744,256.915, 1+Gly+Thr+ALB; 0.743,253.271, 1+ALB+BUN+Val; 0.7
43,254.502, 1+Arg+ALB+TP; 0.743,254.187, 1+ALB+Arg+Phe; 0.743,2
60 54.051, 1+Arg+Thr+ALB; 0.743,253.922, 1+BCAA+ALB+BUN; 0.743,254.
520, 1+Arg+Glc+ALB; 0.743,254.614, 1+Arg+Tyr+ALB; 0.743,254.614,
1+Arg+ALB+BHBA; 0.742,254.594, 1+Arg+TG+ALB; 0.742,255.191, 1+P
he+AST+ALB; 0.742,254.525, 1+Ala+Arg+ALB; 0.742,254.500, 1+Arg+
ALB+Ca; 0.742,253.589, 1+ALB+Arg+Val; 0.741,254.230, 1+ALB+AST+
65 Val; 0.741,254.291, 1+Tyr+ALB+BUN; 0.740,253.554, 1+ALB+Arg+As
p; 0.740,256.093, 1+Thr+AST+ALB; 0.740,257.408, 1+ALB+AST+NEFA;

0.740,254.253,1+BCAA+Arg+ALB;0.739,255.195,1+BCAA+AST+ALB;0.738,251.157,1+ALB+ALT+Asp;0.738,258.458,1+Gly+AST+ALB;0.738,256.311,1+ALB+Val+Phe;0.738,257.677,1+Phe+His+ALB;0.737,258.007,1+Phe+Glc+ALB;0.737,253.422,1+ALB+BUN+Asp;0.737,256.736,1+Gly+BCAA+ALB;0.737,256.229,1+ALB+NEFA+Val;0.736,254.128,1+ALB+Asp+Val;0.736,257.476,1+Thr+Phe+ALB;0.736,257.949,1+Ala+Phe+ALB;0.736,257.933,1+Phe+TG+ALB;0.736,258.073,1+Ala+Gly+ALB;0.736,256.025,1+Phe+TCHO+ALB;0.736,257.014,1+ALB+BUN+NEFA;0.736,255.661,1+His+ALT+ALB;0.736,257.427,1+Thr+ALB+NEFA;0.736,257.231,1+BCAA+Phe+ALB;0.736,256.252,1+ALB+AST+Tyr;0.735,258.073,1+Phe+ALB+TP;0.735,257.415,1+Gly+Tyr+ALB;0.735,256.239,1+ALB+3MeHis+Val;0.735,257.963,1+Phe+ALB+BHBA;0.735,257.897,1+ALB+Tyr+Phe;0.735,255.954,1+ALB+AST+ALT;0.734,256.903,1+BCAA+ALB+NEFA;0.734,255.699,1+ALB+ALT+NEFA;0.734,258.068,1+Phe+ALB+Ca;0.734,255.791,1+ALB+AST+Asp;0.734,257.811,1+Phe+gGT+ALB;0.733,255.498,1+Gly+ALT+ALB;0.733,255.585,1+ALB+Asp+Phe;0.733,257.163,1+BCAA+His+ALB;0.733,257.942,1+Gly+ALB+BUN;0.733,256.798,1+ALB+BUN+AST;0.732,255.771,1+ALB+ALT+3MeHis;0.732,258.521,1+Thr+Glc+ALB;0.731,257.725,1+ALB+BUN+3MeHis;0.731,256.871,1+ALB+Tyr+Val;0.731,257.115,1+ALB+3MeHis+Tyr;0.731,258.965,1+ALB+AST+3MeHis;0.731,256.106,1+BCAA+TCHO+ALB;0.730,258.780,1+Thr+gGT+ALB;0.730,259.168,1+Thr+ALB+BHBA;0.730,257.987,1+ALB+NEFA+Tyr;0.730,259.915,1+His+AST+ALB;0.730,257.870,1+Thr+TCHO+ALB;0.730,258.898,1+Thr+His+ALB;0.730,259.151,1+Thr+ALB+TP;0.730,258.553,1+His+ALB+BUN;0.730,259.064,1+Ala+AST+ALB;0.730,257.777,1+BCAA+Thr+ALB;0.730,257.823,1+BCAA+Glc+ALB;0.729,257.851,1+Ala+BCAA+ALB;0.729,253.873,1+ALB+3MeHis+Asp;0.728,257.885,1+BCAA+Tyr+ALB;0.728,259.108,1+Thr+ALB+Ca;0.728,258.814,1+Thr+TG+ALB;0.728,257.839,1+BCAA+ALB+BHBA;0.728,258.192,1+Thr+Tyr+ALB;0.728,258.066,1+BCAA+ALB+TP;0.728,256.142,1+ALB+NEFA+Asp;0.728,257.847,1+BCAA+gGT+ALB;0.727,261.166,1+Gly+His+ALB;0.727,258.024,1+BCAA+ALB+Ca;0.727,257.975,1+BCAA+TG+ALB;0.726,260.773,1+Gly+ALB+NEFA;0.725,259.215,1+Tyr+Glc+ALB;0.725,259.030,1+Ala+Tyr+ALB;0.725,260.931,1+His+ALB+NEFA;0.725,260.412,1+ALB+NEFA+3MeHis;0.725,261.822,1+Gly+ALB+TP;0.724,256.804,1+Tyr+TCHO+ALB;0.724,261.763,1+Gly+Glc+ALB;0.724,259.212,1+Tyr+ALB+TP;0.724,258.970,1+Tyr+gGT+ALB;0.724,256.803,1+ALB+Asp+Tyr;0.724,261.628,1+Gly+gGT+ALB;0.723,259.063,1+Tyr+His+ALB;0.723,259.223,1+Tyr+TG+ALB;0.723,261.768,1+Gly+TG+ALB;0.723,261.705,1+Gly+ALB+BHBA;0.722,259.180,1+Tyr+ALB+BHBA;0.722,259.183,1+Tyr+ALB+Ca;0.721,261.715,1+Gly+ALB+Ca;0.721,259.584,1+Gly+TCHO+ALB;0.720,263.048,1+His+gGT+ALB;0.719,261.445,1+Ala+gGT+ALB;0.717,261.466,1+His+TCHO+ALB;0.717,260.175,1+Ala+TCHO+ALB;0.715,263.435,1+His+ALB+TP;0.714,263.507,1+His+Glc+ALB;0.714,261.737,1+Ala+ALB+TP;0.714,263.206,1+His+TG+ALB;0.714,263.439,1+His+ALB+BHBA;0.713,263.421,1+His+ALB+Ca

[413. Fórmula (con cuatro variables de aminoácido+bioquímica) con precisión diagnóstica mejorada mediante la adición del término de paridad] 0.771,247.738,1+ALB+BUN+Lys+Trp;0.770,247.390,1+ALB+BUN+ALT+Trp;0.770,248.325,1+ALB+BUN+His+Lys;0.770,249.074,1+ALB+BUN+Lys+Ile;0.769,249.248,1+ALB+BUN+Phe+Trp;0.769,249.244,1+Ala+Trp+ALB+BUN;0.768,245.692,1+ALB+BUN+ALT+Lys;0.768,248.927,1+Gly+Lys+ALB+BUN;0.767,247.744,1+ALB+BUN+Asp+Trp;0.767,249.512,1+ALB+BUN+Lys+Phe;0.767,248.133,1+Trp+Arg+ALT+ALB;0.767,248.133,1+ALB+ALT+Arg+Trp;0.767,247.638,1+ALB+BUN+Asp+Lys;0.766,248.645,1+ALB+BUN+3MeHis+Lys;0.766,249.064,1+ALB+BUN+NEFA+Lys;0.766,249.156,1+ALB+BUN+Arg+Trp;0.766,249.030,1+ALB+BUN+T-BIL+Lys;0.766,249.916,1+ALB+BUN+Lys+Val;0.766,247.745,1+ALB+BUN+ALT+Arg;0.766,249.689,1+Ala+Lys+ALB+BUN;0.766,248.949,1+Lys+TCHO+ALB+BUN;0.766,249.982,1+Trp+His+ALB+BUN;0.766,249.594,1+Gly+Lys+AST+ALB;0.765,249.087,1+ALB+ALT+Orn+Trp;0.765,249.632,1+ALB+BUN+Arg+Lys;0.765,249.760,1+BCAA+Lys+ALB+BUN;0.765,250.424,1+Trp+Glc+ALB+BUN;0.765,250.181,1+Gly+Trp+ALB+BUN;0.765,250.425,1+Trp+ALB+BUN+TP;0.765,249.933,1+Trp+TCHO+ALB+BUN;0.765,249.919,1+ALB+BUN+Lys+Tyr;0.765,248.419,1+Gly+Lys+ALT+ALB;0.765,249.803,1+ALB+BUN+Orn+Lys;0.765,249.914,1+ALB+BUN+Thr+Lys;0.765,248.448,1+ALB+BUN+AST+Trp;0.764,250.342,1+Trp+Lys+His+ALB;0.764,249.738,1+ALB+BUN+BHBA+Lys;0.764,250.600,1+ALB+BUN+Tyr+Trp;0.764,250.298,

1+Gly+Phe+ALT+ALB;0.764,250.641,1+Trp+TG+ALB+BUN;0.764,248.
 598,1+Gly+Arg+ALT+ALB;0.764,250.843,1+Gly+Trp+Lys+ALB;0.764,
 249.873,1+Gly+Arg+AST+ALB;0.764,249.425,1+ALB+BUN+Orn+Trp;0.
 764,250.593,1+Trp+Thr+ALB+BUN;0.764,252.477,1+Gly+BCAA+Lys+
 5 ALB;0.764,248.178,1+ALB+BUN+AST+Lys;0.764,248.243,1+ALB+ALT
 +Lys+Trp;0.764,249.893,1+Lys+TG+ALB+BUN;0.763,251.074,1+ALB
 +BUN+Orn+Phe;0.763,249.691,1+ALB+BUN+Glc+Lys;0.763,249.867,
 1+ALB+BUN+gGT+Lys;0.763,250.597,1+Trp+ALB+BUN+BHBA;0.763,24
 9.812,1+Lys+ALB+BUN+TP;0.763,250.636,1+Trp+ALB+BUN+NEFA;0.7
 10 63,249.834,1+ALB+BUN+Ca+Lys;0.763,250.622,1+Trp+gGT+ALB+BU
 N;0.763,251.423,1+Gly+Lys+His+ALB;0.763,250.443,1+ALB+BUN+3
 MeHis+Trp;0.763,249.748,1+ALB+ALT+Arg+Ile;0.763,250.633,1+B
 CAA+Trp+ALB+BUN;0.763,251.750,1+Gly+Phe+ALB+BUN;0.763,250.5
 49,1+ALB+BUN+Val+Trp;0.763,250.553,1+Trp+ALB+BUN+Ca;0.763,2
 15 50.858,1+Gly+Trp+Arg+ALB;0.763,250.898,1+Trp+Glc+ALT+ALB;0.
 762,248.594,1+ALB+ALT+3MeHis+Lys;0.762,252.155,1+Gly+Lys+Gl
 c+ALB;0.762,252.459,1+Ala+Gly+Lys+ALB;0.762,250.499,1+Trp+A
 rg+His+ALB;0.762,251.990,1+Phe+His+ALB+BUN;0.762,249.709,1+
 ALB+AST+Lys+Trp;0.762,248.185,1+ALB+ALT+Arg+Lys;0.762,252.9
 20 10,1+Ala+Gly+Trp+ALB;0.762,249.674,1+ALB+AST+Arg+Trp;0.762,
 249.051,1+ALB+AST+ALT+Arg;0.762,250.619,1+Gly+Trp+AST+ALB;0.
 762,251.475,1+ALB+BUN+3MeHis+Phe;0.762,248.983,1+ALB+ALT+Ly
 s+Phe;0.762,252.579,1+Gly+Lys+Phe+ALB;0.762,248.965,1+ALB+A
 LT+Orn+Lys;0.761,248.678,1+ALB+ALT+His+Lys;0.761,252.676,1+
 25 Gly+Lys+Tyr+ALB;0.761,253.118,1+Gly+Trp+Phe+ALB;0.761,249.2
 93,1+ALB+ALT+Arg+Orn;0.761,248.949,1+ALB+ALT+3MeHis+Arg;0.7
 61,250.201,1+ALB+AST+NEFA+Lys;0.761,251.694,1+ALB+BUN+NEFA+
 Phe;0.761,251.228,1+Gly+Arg+Lys+ALB;0.761,248.604,1+ALB+ALT
 +Lys+Ile;0.761,252.672,1+Gly+Lys+Thr+ALB;0.761,249.586,1+AL
 30 B+AST+Orn+Trp;0.761,251.821,1+Arg+Phe+ALB+BUN;0.761,248.838,
 1+ALB+BUN+ALT+Orn;0.761,249.165,1+ALB+ALT+NEFA+Lys;0.761,25
 1.084,1+Trp+Thr+ALT+ALB;0.760,251.850,1+BCAA+Trp+Lys+ALB;0.
 760,252.129,1+Trp+Lys+Tyr+ALB;0.760,250.813,1+Gly+Lys+TCHO+
 ALB;0.760,251.265,1+Trp+ALT+gGT+ALB;0.760,250.774,1+ALB+ALT +Val + Trp; 0.760,249.305,
 35 1+Arg+TCHO+ALT+ALB; 0.760,249.853,1+A
 LB+ALT+NEFA+Arg;0.760,249.833,1+ALB+ALT+gGT+Arg;0.760,252.6
 16,1+Gly+Lys+ALB+TP;0.760,249.970,1+ALB+ALT+Arg+Tyr;0.760,2
 50.967,1+BCAA+Trp+ALT+ALB;0.760,248.783,1+Lys+TCHO+ALT+ALB;
 0.760,250.636,1+Gly+Trp+ALT+ALB;0.760,251.311,1+ALB+3MeHis+
 40 Lys+Trp;0.760,249.137,1+ALB+ALT+Glc+Lys;0.760,249.004,1+ALB
 +3MeHis+Asp+Lys;0.760,249.952,1+Arg+ALT+ALB+TP;0.760,251.24
 8,1+Trp+TG+ALT+ALB;0.760,251.867,1+Trp+Lys+Thr+ALB;0.760,24
 9.257,1+ALB+ALT+His+Arg;0.760,251.260,1+Trp+ALT+ALB+BHBA;0.
 760,249.966,1+ALB+ALT+BHBA+Arg;0.760,252.693,1+Gly+Lys+TG+A
 45 LB;0.760,252.869,1+Thr+Phe+ALB+BUN;0.760,247.164,1+ALB+ALT+ Asp+Lys; 0.759,249.974, 1+ALB+ALT+T-
 BIL+Arg; 0.759,251.933,1+ T rp+Lys+Glc+ALB;0.759,249.380,1+ALB+ALT+T-BIL+Lys;0.759,251.
 457,1+ALB+AST+His+Lys;0.759,251.250,1+Trp+ALT+ALB+NEFA;0.75
 9,249.610,1+ALB+ALT+Arg+Val;0.759,251.099,1+Trp+His+ALT+AL
 B;0.759,250.021,1+ALB+ALT+His+Orn;0.759,249.940,1+Ala+Arg+A
 50 LT+ALB;0.759,253.626,1+Gly+Trp+Glc+ALB;0.759,252.466,1+ALB+
 AST+Orn+Ile;0.759,252.533,1+Ala+Phe+ALB+BUN;0.759,250.984,1
 +Trp+Tyr+ALT+ALB;0.759,252.658,1+Gly+Lys+ALB+BHBA;0.759,251.
 392,1+Lys+His+ALB+NEFA;0.759,249.907,1+ALB+ALT+Glc+Arg;0.75
 9,251.568,1+Arg+Lys+His+ALB;0.759,251.312,1+ALB+AST+His+Or
 55 n;0.759,249.401,1+ALB+ALT+BHBA+Lys;0.759,249.453,1+Ala+Lys+ ALT+ALB; 0.759,249.941,
 1+Trp+ALT+AST+ALB; 0.759,251.470, 1 + Trp
 +Arg+TCHO+ALB;0.759,248.170,1+ALB+ALT+Asp+Trp;0.759,252.468,
 1+Gly+Lys+ALB+NEFA;0.759,252.636,1+Gly+Lys+gGT+ALB;0.759,24
 9.450,1+Lys+TG+ALT+ALB;0.759,249.453,1+ALB+ALT+Lys+Val;0.75
 60 9,248.647,1+ALB+ALT+Arg+Asp;0.759,251.900,1+Trp+Arg+Lys+AL
 B;0.759,251.832,1+Phe+TCHO+ALB+BUN;0.759,251.024,1+ALB+AST+
 Arg+Lys;0.759,250.694,1+Trp+TCHO+ALT+ALB;0.759,249.446,1+AL
 B+ALT+Lys+Tyr;0.759,249.879,1+Arg+TG+ALT+ALB;0.758,249.866,
 1+BCAA+Arg+ALT+ALB;0.758,249.456,1+ALB+ALT+Thr+Lys;0.758,25
 65 1.007,1+ALB+AST+Orn+Lys;0.758,251.306,1+ALB+3MeHis+Arg+Lys;
 0.758,252.346,1+Trp+Lys+ALB+TP;0.758,251.429,1+ALB+AST+Lys+

Ile;0.758,252.892,1+Ala+Gly+Arg+ALB;0.758,252.071,1+ALB+AST +T-
 BIL+Orn;0.758,252.570,1+Gly+Lys+ALB+Ca;0.758,254.027,1+G
 ly+Trp+ALB+NEFA;0.758,249.452,1+ALB+ALT+gGT+Lys;0.758,251.6
 67,1+ALB+AST+NEFA+Orn;0.758,248.626,1+ALB+AST+ALT+Lys;0.758,
 5 251.316,1+Trp+Lys+TCHO+ALB;0.758,249.867,1+ALB+Ca+ALT+Arg;0.
 758,251.228,1+Trp+ALT+ALB+Ca;0.758,254.013,1+Gly+Trp+ALB+T
 P;0.758,250.237,1+ALB+AST+3MeHis+Lys;0.758,252.032,1+Trp+Ly s+ALB+NEFA;0.758,250.984,1+ALB+AST+T-
 BIL+Lys;0.758,249.417, 1+BCAA+Lys+ALT+ALB;0.758,251.655,1+Ala+Trp+AST+ALB;0.758,25
 1.746,1+Trp+Glc+AST+ALB;0.758,252.053,1+ALB+3MeHis+Orn+Lys;
 10 0.758,252.498,1+Trp+Lys+ALB+BHBA;0.758,251.566,1+ALB+AST+Ar
 g+Orn;0.757,251.215,1+Phe+AST+ALB+BUN;0.757,252.483,1+ALB+A
 ST+Thr+Orn;0.757,250.609,1+ALB+ALT+3MeHis+Orn;0.757,252.968,
 1+Gly+Arg+Phe+ALB;0.757,251.985,1+Trp+AST+ALB+TP;0.757,253.
 121,1+Phe+Glc+ALB+BUN;0.757,253.245,1+Lys+Phe+His+ALB;0.757,
 15 250.743,1+ALB+BUN+AST+Orn;0.757,252.523,1+Trp+Arg+Glc+ALB;0.
 757,252.193,1+ALB+AST+Lys+Phe;0.757,251.509,1+Lys+TCHO+ALB+
 NEFA;0.757,252.542,1+ALB+3MeHis+Lys+Phe;0.757,252.500,1+Ala
 +Trp+Lys+ALB;0.757,252.135,1+Lys+AST+ALB+TP;0.757,251.379,1
 +Lys+TCHO+AST+ALB;0.757,256.297,1+Ala+Gly+Phe+ALB;0.757,252.
 20 392,1+ALB+AST+Glc+Orn;0.757,252.478,1+Trp+Lys+Phe+ALB;0.757,
 251.127,1+Arg+AST+ALB+BUN;0.757,252.632,1+ALB+AST+BHBA+Orn;
 0.757,251.462,1+Arg+AST+ALB+NEFA;0.756,250.460,1+ALB+BUN+AL
 T+Val;0.756,252.146,1+Lys+TG+AST+ALB;0.756,251.980,1+Trp+Hi s+AST+ALB; 0.756,252.223,
 1+Ala+Lys+AST+ALB; 0.756,249.420,1+A LB+Ca+ALT+Lys;0.756,254.085,1+Gly+Trp+Thr+ALB;0.756,251.968,
 25 1+ALB+AST+Orn+Phe;0.756,249.779,1+ALB+AST+ALT+Orn;0.756,249.
 011,1+ALB+ALT+Asp+Orn;0.756,252.451,1+Trp+Lys+TG+ALB;0.756,
 252.751,1+Lys+Glc+ALB+NEFA;0.756,252.624,1+ALB+AST+gGT+Orn;
 0.756,252.163,1+Trp+AST+ALB+BHBA;0.756,253.134,1+BCAA+Phe+A
 LB+BUN;0.756,254.154,1+Gly+Trp+TG+ALB;0.756,253.049,1+BCAA+
 30 Lys+ALB+NEFA;0.756,252.164,1+ALB+AST+Lys+Val;0.756,253.168,
 1+Phe+ALB+BUN+TP;0.756,250.751,1+ALB+ALT+Thr+Orn;0.756,254.
 082,1+Gly+BCAA+Trp+ALB;0.756,254.153,1+Gly+Trp+ALB+BHBA;0.7
 56,253.487,1+Lys+His+ALB+TP;0.756,253.536,1+Lys+Thr+His+AL
 B;0.756,251.828,1+Trp+AST+ALB+NEFA;0.756,251.451,1+ALB+AST+
 35 3MeHis+Orn;0.756,252.199,1+BCAA+Lys+AST+ALB;0.756,252.223,1
 +Lys+Tyr+AST+ALB;0.756,253.151,1+Phe+TG+ALB+BUN;0.756,252.4
 38,1+Trp+Lys+gGT+ALB;0.756,252.202,1+Trp+TG+AST+ALB;0.756,2
 51.178,1+Gly+Arg+TCHO+ALB;0.756,254.506,1+Ala+Trp+Glc+ALB;0.
 756,251.725,1+Trp+Phe+AST+ALB;0.756,253.809,1+Ala+Trp+His+A
 40 LB;0.756,252.176,1+Trp+Thr+AST+ALB;0.756,253.172,1+Phe+Tyr+
 ALB+BUN;0.756,253.516,1+Ala+Lys+His+ALB;0.756,253.773,1+Gly
 +Phe+AST+ALB;0.755,252.208,1+Lys+Thr+AST+ALB;0.755,253.276,
 1+Lys+TG+ALB+NEFA;0.755,252.832,1+Ala+Trp+Arg+ALB;0.755,253.
 160,1+Lys+ALB+TP+NEFA;0.755,252.068,1+ALB+AST+BHBA+Lys;0.75
 45 5,253.443,1+BCAA+Lys+His+ALB;0.755,251.644,1+Trp+TCHO+AST+A
 LB;0.755,252.508,1+Arg+Lys+ALB+NEFA;0.755,252.983,1+Phe+gGT
 +ALB+BUN;0.755,252.500,1+Arg+Thr+ALB+BUN;0.755,252.192,1+Ly
 s+AST+gGT+ALB;0.755,251.566,1+Gly+Arg+ALB+BUN;0.755,253.238,
 1+Lys+ALB+NEFA+BHBA;0.755,253.398,1+Gly+Arg+TG+ALB;0.755,25
 50 3.100,1+Gly+Arg+Thr+ALB;0.755,252.920,1+Lys+His+Glc+ALB;0.7
 55,254.120,1+Gly+Trp+gGT+ALB;0.755,252.709,1+BCAA+Trp+Arg+A
 LB;0.755,251.729,1+Lys+Glc+AST+ALB;0.755,252.154,1+Trp+Tyr+
 AST+ALB;0.755,254.061,1+Gly+Trp+ALB+Ca;0.755,250.151,1+ALB+ AST+Asp+Lys; 0.755,252.086, 1 +
 Trp+AST+gGT+ALB; 0.755,250.631,1 +BCAA+ALT+ALB+BUN;0.755,254.618,1+Ala+Trp+Phe+ALB;0.755,252.
 55 770,1+Trp+Arg+Thr+ALB;0.755,252.349,1+Trp+Lys+ALB+Ca;0.755,
 252.612,1+ALB+Ca+AST+Orn;0.754,252.841,1+Trp+Arg+ALB+TP;0.7
 54,252.107,1+BCAA+Trp+AST+ALB;0.754,253.275,1+Ala+Lys+ALB+N
 EFA;0.754,252.124,1+Trp+AST+ALB+Ca;0.754,253.478,1+Trp+Glc+ TCHO+ALB; 0.754,253.195, 1+Lys +
 Thr+ALB+NEFA; 0.754,253.793,1+A la+Trp+TCHO+ALB;0.754,252.044,1+Arg+TCHO+ALB+BUN;0.754,252.
 60 863,1+Trp+Arg+TG+ALB;0.754,252.611,1+Trp+Arg+gGT+ALB;0.754,
 252.435,1+Lys+Glc+TCHO+ALB;0.754,252.817,1+Ala+Arg+ALB+BUN;
 0.754,252.129,1+Lys+AST+ALB+Ca;0.754,253.235,1+Lys+gGT+ALB+
 NEFA;0.754,252.780,1+Gly+Trp+TCHO+ALB;0.753,253.028,1+Arg+g GT+ALB+BUN; 0.753,253.140,
 1+Gly+Arg+gGT+ALB; 0.753,254.733, 1 + Ala+Trp+ALB+NEFA;0.753,253.352,1+Gly+Arg+Glc+ALB;0.753,253.
 65 480,1+Gly+BCAA+Arg+ALB;0.753,252.121,1+Arg+Lys+TCHO+ALB;0.7
 53,253.679,1+BCAA+Arg+Lys+ALB;0.753,253.391,1+Arg+AST+ALB+T

P;0.753,252.396,1+Arg+TCHO+AST+ALB;0.753,253.491,1+Lys+His+gGT+ALB;0.753,253.420,1+Arg+AST+gGT+ALB;0.753,254.803,1+BCAA+Trp+Glc+ALB;0.753,253.445,1+Arg+TG+AST+ALB;0.752,253.259,1+Lys+Thr+TCHO+ALB;0.752,253.348,1+BCAA+Lys+TCHO+ALB;0.752,253.402,1+Arg+AST+ALB+BHBA;0.752,252.918,1+Arg+Thr+AST+ALB;0.752,253.330,1+Lys+TCHO+ALB+TP;0.752,253.539,1+Arg+Lys+Glc+ALB;0.752,253.800,1+Arg+Lys+Thr+ALB;0.752,254.762,1+Trp+Glc+ALB+NEFA;0.752,253.354,1+Ala+Arg+AST+ALB;0.752,254.902,1+Trp+Glc+ALB+TP;0.752,254.847,1+Trp+Thr+Glc+ALB;0.752,254.969,1+Ala+Trp+Tyr+ALB;0.752,254.694,1+Lys+gGT+ALB+TP;0.752,254.936,1+Ala+Trp+ALB+TP;0.752,253.453,1+Arg+Glc+ALB+BUN;0.752,253.463,1+Arg+TG+ALB+BUN;0.752,254.935,1+Ala+BCAA+Trp+ALB;0.752,254.317,1+Lys+Glc+TG+ALB;0.752,254.969,1+Ala+Trp+ALB+BHBA;0.752,253.381,1+Arg+Glc+AST+ALB;0.752,254.445,1+Lys+Glc+ALB+TP;0.752,254.963,1+Ala+Trp+Thr+ALB;0.752,253.355,1+Ala+Lys+TCHO+ALB;0.752,254.627,1+Lys+TG+gGT+ALB;0.751,254.79,1+Lys+Phe+ALB+TP;0.751,254.717,1+BCAA+Lys+TG+ALB;0.751,254.838,1+BCAA+Lys+Phe+ALB;0.751,254.898,1+Trp+Glc+ALB+BHBA;0.751,253.833,1+Ala+Arg+Lys+ALB;0.751,254.904,1+Lys+Tyr+ALB+TP;0.751,254.944,1+Ala+Trp+TG+ALB;0.751,253.542,1+Arg+Lys+gGT+ALB;0.751,254.867,1+Gly+Thr+ALB+BUN;0.751,253.152,1+Lys+ALB+Ca+NEFA;0.751,254.877,1+Lys+Thr+ALB+TP;0.751,254.884,1+BCAA+Lys+ALB+TP;0.751,254.903,1+Ala+Lys+ALB+TP;0.751,254.717,1+Lys+TG+ALB+TP;0.751,253.848,1+Arg+Lys+ALB+TP;0.751,254.736,1+BCAA+Lys+gGT+ALB;0.751,254.432,1+BCAA+Lys+Glc+ALB;0.751,253.305,1+Lys+TCHO+gGT+ALB;0.751,254.453,1+Lys+Thr+Glc+ALB;0.751,253.207,1+BCAA+Arg+AST+ALB;0.751,254.928,1+Ala+Lys+Tyr+ALB;0.751,254.851,1+Ala+Trp+ALB+Ca;0.751,254.754,1+Ala+Lys+gGT+ALB;0.751,254.229,1+Lys+Glc+gGT+ALB;0.751,254.444,1+Ala+Lys+Glc+ALB;0.751,254.055,1+BCAA+Trp+TCHO+ALB;0.751,254.904,1+Ala+Lys+Thr+ALB;0.751,254.924,1+Trp+Glc+TG+ALB;0.751,254.751,1+Ala+Lys+TG+ALB;0.750,254.910,1+Ala+BCAA+Lys+ALB;0.750,253.172,1+Lys+TCHO+TG+ALB;0.750,254.053,1+Trp+TCHO+ALB+NEFA;0.750,254.237,1+Trp+TCHO+ALB+TP;0.750,254.896,1+Ala+Lys+Phe+ALB;0.750,254.791,1+Lys+ALB+TP+BHBA;0.750,255.422,1+Gly+Thr+AST+ALB;0.750,254.891,1+Trp+Glc+ALB+Ca;0.750,253.788,1+Arg+Lys+TG+ALB;0.750,254.808,1+Lys+ALB+TP+Ca;0.750,254.740,1+Lys+Thr+gGT+ALB;0.750,254.809,1+Ala+Trp+gGT+ALB;0.750,254.901,1+BCAA+Lys+Thr+ALB;0.750,257.748,1+Ala+Gly+Thr+ALB,-0.750,254.733,1+Lys+Thr+TG+ALB;0.750,255.257,1+Trp+ALB+NEFA+BHBA;0.749,255.065,1+Ala+Gly+ALB+BUN;0.749,254.844,1+Thr+ALB+BUN+NEFA;0.749,254.803,1+Trp+Glc+gGT+ALB;0.749,254.826,1+Ala+Lys+ALB+Ca;0.749,254.333,1+Trp+TCHO+ALB+BHBA;0.749,253.734,1+Thr+AST+ALB+BUN;0.749,254.310,1+Trp+TCHO+TG+ALB;0.749,255.297,1+Trp+TG+ALB+NEFA;0.749,255.319,1+Trp+TG+ALB+TP;0.749,254.841,1+Ala+Lys+ALB+BHBA;0.748,254.298,1+Trp+TCHO+gGT+ALB;0.748,255.177,1+Trp+ALB+TP+NEFA;0.748,255.472,1+Thr+Glc+ALB+BUN;0.748,255.364,1+Trp+ALB+TP+BHBA;0.748,254.220,1+Trp+TCHO+ALB+Ca;0.748,255.286,1+BCAA+Trp+Thr+ALB;0.748,255.282,1+Trp+ALB+TP+Ca;0.748,255.213,1+Trp+gGT+ALB+TP;0.748,255.201,1+Trp+ALB+Ca+NEFA;0.748,255.130,1+BCAA+Trp+ALB+NEFA;0.748,253.268,1+Gly+BCAA+ALT+ALB;0.748,255.288,1+BCAA+Trp+ALB+BHBA;0.748,255.217,1+Trp+gGT+ALB+NEFA;0.747,255.208,1+BCAA+Trp+ALB+TP;0.747,255.358,1+Trp+gGT+ALB+BHBA;0.747,255.194,1+BCAA+Trp+gGT+ALB;0.747,253.665,1+BCAA+ALT+ALB+NEFA;0.747,255.201,1+BCAA+Thr+ALB+BUN;0.747,253.626,1+BCAA+Glc+ALT+ALB;0.747,255.262,1+BCAA+Trp+TG+ALB;0.747,255.424,1+Trp+TG+ALB+BHBA;0.747,255.337,1+Trp+TG+gGT+ALB;0.747,252.952,1+BCAA+TCHO+ALT+ALB;0.746,255.497,1+Gly+BCAA+AST+ALB;0.746,253.777,1+BCAA+TG+ALT+ALB;0.746,253.636,1+BCAA+ALT+ALB+BHBA;0.746,255.190,1+BCAA+Trp+ALB+Ca;0.746,257.732,1+Ala+Gly+BCAA+ALB;0.746,255.696,1+Thr+TG+ALB+BUN;0.746,253.771,1+BCAA+ALT+gGT+ALB;0.746,255.369,1+Trp+ALB+Ca+BHBA;0.746,255.333,1+Trp+TG+ALB+Ca;0.746,255.026,1+Thr+TCHO+ALB+BUN;0.746,254.178,1+Gly+ALT+ALB+BUN;0.746,253.043,1+BCAA+ALT+AST+ALB;0.746,254.904,1+Ala+BCAA+ALB+BUN;0.745,255.260,1+Trp+gGT+ALB+Ca;0.745,255.640,1+Thr+gGT+ALB+BUN;0.745,256.539,1+Ala+Gly+AST+ALB;0.744,253.737,1+BCAA+ALT+ALB+Ca;0.744,253.804,1+BCAA+AST+ALB+

BUN;0.744,255.352,1+Gly+BCAA+ALB+BUN;0.743,255.276,1+BCAA+ALB+BUN+NEFA;0.743,255.920,1+BCAA+ALB+BUN+TP;0.743,255.599,1+BCAA+AST+ALB+NEFA;0.742,257.751,1+Ala+Thr+AST+ALB;0.742,255.511,1+BCAA+ALB+BUN+BHBA;0.742,255.791,1+BCAA+Glc+ALB+BUN;0.741,255.812,1+BCAA+ALB+BUN+Ca;0.741,255.899,1+BCAA+TG+ALB+BUN;0.740,257.366,1+Gly+AST+ALB+BUN;0.740,258.435,1+Gly+BCAA+Glc+ALB;0.740,257.299,1+Ala+ALB+BUN+TP;0.739,256.927,1+Ala+BCAA+AST+ALB;0.739,255.780,1+BCAA+gGT+ALB+BUN;0.739,256.295,1+Ala+TCHO+ALB+BUN;0.739,259.044,1+Gly+AST+ALB+NEFA;0.739,256.574,1+Gly+ALT+AST+ALB;0.739,254.536,1+BCAA+TCHO+ALB+BUN;0.738,260.144,1+Gly+AST+ALB+BHBA;0.738,258.494,1+Gly+BCAA+ALB+NEFA;0.738,257.192,1+BCAA+AST+ALB+TP;0.738,256.807,1+BCAA+AST+ALB+BHBA;0.738,257.184,1+BCAA+AST+gGT+ALB;0.738,260.335,1+Gly+Glc+AST+ALB;0.738,259.825,1+Ala+Gly+ALB+TP;0.738,260.424,1+Gly+TG+AST+ALB;0.737,260.437,1+Gly+AST+gGT+ALB;0.737,260.432,1+Gly+AST+ALB+TP;0.737,257.145,1+BCAA+AST+ALB+Ca;0.737,258.727,1+Gly+BCAA+TG+ALB;0.737,256.417,1+Gly+BCAA+TCHO+ALB;0.737,259.970,1+Ala+Gly+Glc+ALB;0.737,256.897,1+BCAA+Glc+AST+ALB;0.737,256.097,1+BCAA+TCHO+AST+ALB;0.736,258.724,1+Gly+BCAA+ALB+TP;0.736,256.664,1+BCAA+TCHO+ALB+NEFA;0.736,257.166,1+BCAA+TG+AST+ALB;0.736,260.069,1+Ala+Gly+TG+ALB;0.736,259.672,1+Ala+Gly+gGT+ALB;0.736,258.613,1+BCAA+Glc+ALB+NEFA;0.735,259.950,1+Ala+Gly+ALB+BHBA;0.735,257.327,1+Gly+ALT+ALB+NEFA;0.735,259.289,1+Gly+TCHO+AST+ALB;0.735,257.592,1+Ala+Gly+TCHO+ALB;0.734,258.588,1+Gly+BCAA+gGT+ALB;0.734,257.380,1+Gly+ALT+ALB+BHBA;0.734,259.996,1+Ala+Gly+ALB+Ca;0.734,258.895,1+BCAA+TG+ALB+NEFA;0.734,258.901,1+BCAA+ALB+TP+NEFA;0.734,257.471,1+Gly+ALT+gGT+ALB;0.734,258.897,1+BCAA+ALB+NEFA+BHBA;0.734,257.446,1+Gly+Glc+ALT+ALB;0.734,257.496,1+Gly+TG+ALT+ALB;0.733,256.708,1+Gly+TCHO+ALT+ALB;0.733,257.465,1+Gly+ALT+ALB+TP;0.733,258.828,1+BCAA+ALB+Ca+NEFA;0.732,259.895,1+Gly+Glc+ALB+BUN;0.732,258.696,1+Ala+TCHO+ALB+NEFA;0.732,258.769,1+BCAA+gGT+ALB+NEFA;0.732,257.429,1+BCAA+Glc+TCHO+ALB;0.732,257.868,1+Ala+BCAA+TCHO+ALB;0.731,258.004,1+BCAA+TCHO+TG+ALB;0.731,260.516,1+Ala+AST+ALB+BHBA;0.731,259.770,1+Gly+gGT+ALB+BUN;0.730,259.861,1+Gly+TG+ALB+BUN;0.730,261.003,1+Ala+AST+gGT+ALB;0.730,259.768,1+BCAA+Glc+ALB+TP;0.730,259.530,1+Ala+BCAA+gGT+ALB;0.730,258.360,1+Gly+TCHO+ALB+BUN;0.730,259.625,1+Ala+BCAA+Glc+ALB;0.729,259.583,1+Ala+BCAA+ALB+BHBA;0.729,259.733,1+Ala+BCAA+TG+ALB;0.729,261.009,1+Ala+Glc+AST+ALB;0.729,258.017,1+BCAA+TCHO+gGT+ALB;0.729,260.001,1+Ala+TCHO+AST+ALB;0.729,260.847,1+Ala+TCHO+gGT+ALB;0.729,259.722,1+BCAA+Glc+TG+ALB;0.728,260.770,1+Ala+AST+ALB+TP;0.728,260.988,1+Ala+AST+ALB+Ca;0.728,259.515,1+BCAA+Glc+gGT+ALB;0.727,259.769,1+BCAA+TG+gGT+ALB;0.727,259.771,1+Ala+BCAA+ALB+Ca;0.724,263.543,1+Gly+TG+gGT+ALB;0.723,263.459,1+Gly+Glc+gGT+ALB;0.723,263.639,1+Gly+Glc+TG+ALB;0.721,261.509,1+Gly+TCHO+gGT+ALB;0.721,261.126,1+Gly+Glc+TCHO+ALB;0.720,263.217,1+Ala+TG+gGT+ALB;0.720,261.797,1+Ala+TCHO+gGT+ALB;0.719,263.334,1+Ala+Glc+gGT+ALB;0.718,261.885,1+Ala+Glc+TCHO+ALB;0.717,261.807,1+Ala+TCHO+TG+ALB

[414. Fórmula (con cinco variables de aminoácido+bioquímica) con precisión diagnóstica mejorada mediante la adición del término de paridad] 0.780,246.798,1+ALB+BUN+ALT+Phe+Trp;0.779,247.356,1+Trp+Lys

+His+ALB+BUN;0.778,248.514,1+BCAA+Trp+Lys+ALB+BUN;0.777,247.960,1+Gly+Phe+ALT+ALB+BUN;0.775,247.451,1+ALB+BUN+ALT+Arg+Trp;0.775,249.117,1+Trp+Phe+His+ALB+BUN;0.775,246.510,1+ALB+BUN+ALT+Lys+Trp;0.775,249.162,1+ALB+BUN+Lys+Val+Trp;0.774,247.602,1+ALB+BUN+ALT+Orn+Phe;0.774,246.621,1+ALB+BUN+ALT+Lys+Phe;0.774,250.716,1+ALB+BUN+Tyr+Phe+Trp;0.774,249.006,1+Lys+Phe+His+ALB+BUN;0.774,250.656,1+BCAA+Trp+Phe+ALB+BUN;0.774,247.568,1+ALB+BUN+ALT+Arg+Phe;0.774,249.506,1+Ala+Trp+His+ALB+BUN;0.773,246.829,1+ALB+BUN+ALT+Lys+Ile;0.773,249.411,1+Ala+Trp+Lys+ALB+BUN;0.773,245.948,1+ALB+BUN+ALT+Asp+Trp;0.773,250.819,1+BCAA+Lys+Phe+ALB+BUN;0.773,247.707,1+ALB+BUN+Asp+Lys+Trp;0.773,249.227,1+Trp+Lys+Thr+ALB+BUN;0.773,248.261,1+ALB+BUN+ALT+Orn+Trp;0.773,250.577,1+Ala+Trp+Phe+ALB+BUN

N;0.773,249.330,1+ALB+BUN+Lys+Tyr+Trp;0.773,249.152,1+ALB+B
 UN+NEFA+His+Lys;0.773,246.714,1+ALB+BUN+ALT+His+Lys;0.773,2
 50.523,1+Gly+Trp+Phe+ALB+BUN;0.773,249.077,1+Gly+Trp+Lys+AL
 B+BUN;0.772,249.168,1+ALB+BUN+3MeHis+Lys+Trp;0.772,249.649,
 5 1+ALB+BUN+Lys+Phe+Trp;0.772,248.932,1+ALB+BUN+T-BIL+His+Ly
 s;0.772,250.546,1+Ala+Trp+Arg+ALB+BUN;0.772,249.407,1+Gly+L
 ys+His+ALB+BUN;0.772,249.454,1+Trp+Lys+Glc+ALB+BUN;0.772,24
 9.418,1+Trp+Lys+ALB+BUN+TP;0.772,249.129,1+Trp+His+ALT+ALB+
 BUN;0.772,249.255,1+Trp+TG+ALT+ALB+BUN;0.772,249.865,1+ALB+ BUN+T-
 10 BIL+Lys+Ile;0.772,251.223,1+ALB+BUN+Lys+Tyr+Phe;0.772,
 250.139,1+Ala+Gly+Trp+ALB+BUN;0.772,247.250,1+ALB+BUN+ALT+3
 MeHis+Lys;0.772,249.670,1+Ala+Lys+His+ALB+BUN;0.772,251.090,
 1+Trp+Phe+Glc+ALB+BUN;0.772,250.287,1+Ala+Gly+Lys+ALB+BUN;0.
 771,251.930,1+Phe+His+ALB+BUN+NEFA;0.771,250.408,1+Gly+Lys+
 15 Phe+ALB+BUN;0.771,250.166,1+ALB+BUN+Arg+Lys+Ile;0.771,249.7
 37,1+Trp+Lys+TG+ALB+BUN;0.771,249.651,1+ALB+ALT+Arg+Tyr+Tr
 p;0.771,251.107,1+Ala+BCAA+Trp+ALB+BUN;0.771,249.664,1+Trp+
 Lys+ALB+BUN+BHBA;0.771,249.998,1+Lys+His+ALB+BUN+TP;0.771,2
 51.113,1+Trp+Thr+Phe+ALB+BUN;0.771,249.612,1+ALB+BUN+NEFA+L
 20 ys+Trp;0.771,247.348,1+Gly+Lys+ALT+ALB+BUN;0.771,249.235,1+
 Trp+Glc+ALT+ALB+BUN;0.771,250.202,1+ALB+BUN+His+Thr+Lys;0.7
 71,251.117,1+Ala+Trp+Glc+ALB+BUN;0.771,249.738,1+ALB+BUN+Or
 n+Lys+Trp;0.771,249.934,1+ALB+BUN+Glc+His+Lys;0.771,248.543,
 1+Trp+Arg+His+ALT+ALB;0.771,249.202,1+Trp+Thr+ALT+ALB+BUN;0.
 771,249.647,1+ALB+BUN+Arg+Lys+Trp;0.771,250.739,1+ALB+BUN+A
 25 rg+Tyr+Trp;0.770,249.373,1+Trp+ALT+gGT+ALB+BUN;0.770,249.84
 5,1+ALB+BUN+NEFA+Lys+Ile;0.770,249.240,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+T
 rp;0.770,247.497,1+BCAA+Lys+ALT+ALB+BUN;0.770,249.011,1+Trp
 +Lys+TCHO+ALB+BUN;0.770,250.694,1+ALB+BUN+3MeHis+Phe+Trp;0.770,245.023,
 30 1+ALB+BUN+ALT+Asp+Lys; 0.770,249.730,1+ Trp+Lys+g GT+ALB+BUN; 0.770,250.946, 1+ALB+BUN+Thr+Lys +
 Ile; 0.770,250.07 9,1+ALB+BUN+His+Lys+Ile;0.770,251.108,1+ALB+BUN+Val+Phe+Tr
 p;0.770,251.107,1+ALB+BUN+NEFA+Phe+Trp;0.770,250.741,1+ALB+
 BUN+Arg+Phe+Trp;0.770,249.287,1+Gly+Trp+Arg+AST+ALB;0.770,2
 51.335,1+Gly+BCAA+Lys+AST+ALB;0.770,250.658,1+ALB+BUN+Orn+L ys + Ile ,-
 35 0.770,247.220,1+ALB+BUN+ALT+Arg+Lys; 0.770,247.521,1 +
 ALB+BUN+ALT+BHBA+Lys;0.770,247.420,1+Ala+Lys+ALT+ALB+BUN;0.
 770,247.960,1+ALB+BUN+AST+Lys+Trp;0.770,251.046,1+ALB+BUN+g
 GT+Lys+Ile;0.770,249.483,1+ALB+BUN+His+Arg+Lys;0.770,247.67
 2,1+Lys+TG+ALT+ALB+BUN;0.770,247.548,1+ALB+BUN+ALT+T-BIL+Ly
 40 s;0.770,249.131,1+ALB+BUN+Asp+Phe+Trp;0.770,249.363,1+Trp+A LT+ALB+BUN+BHBA;
 0.770,249.567,1+ALB+BUN+His+Orn+Lys; 0.770,2
 48.960,1+ALB+BUN+AST+Arg+Trp;0.770,251.243,1+Trp+Phe+TG+ALB
 +BUN;0.770,251.148,1+Ala+Trp+Tyr+ALB+BUN;0.770,251.096,1+Tr
 p+Phe+ALB+BUN+TP;0.770,250.088,1+ALB+BUN+3MeHis+Lys+Phe;0.7
 45 70,246.858,1+ALB+BUN+3MeHis+Asp+Lys;0.769,251.196,1+Ala+Trp
 +Thr+ALB+BUN;0.769,249.380,1+ALB+BUN+ALT+3MeHis+Trp;0.769,2
 47.550,1+Lys+ALT+ALB+BUN+TP;0.769,251.170,1+Ala+Trp+gGT+ALB
 +BUN;0.769,249.208,1+ALB+BUN+ALT+Tyr+Trp;0.769,249.247,1+G1
 y+Trp+ALT+ALB+BUN;0.769,247.684,1+ALB+BUN+ALT+gGT+Lys;0.769,
 50 249.788,1+ALB+ALT+Arg+Phe+Trp;0.769,250.986,1+ALB+BUN+BHBA+
 Lys+Ile;0.769,251.669,1+Gly+BCAA+Trp+Lys+ALB;0.769,251.364,
 1+ALB+BUN+Lys+Val+Phe;0.769,249.317,1+ALB+BUN+AST+Phe+Trp;0.
 769,248.988,1+Trp+TCHO+ALT+ALB+BUN;0.769,250.563,1+Gly+BCAA
 +Lys+ALB+BUN;0.769,250.256,1+Gly+Trp+Arg+ALB+BUN;0.769,248. 874,1+Gly+Lys+AST+ALB+BUN; 0.769,
 55 250.920,1+Gly+Lys+His+AST+A LB;0.769,250.792,1+ALB+AST+Arg+Tyr+Trp;0.769,250.813,1+ALB+
 ALT+Orn+Tyr+Phe;0.769,249.926,1+Gly+Arg+Lys+AST+ALB;0.769,2
 49.126,1+Gly+Trp+Arg+ALT+ALB;0.769,249.625,1+Trp+Lys+ALB+BU N+Ca;
 0.769,250.512,1+Ala+Trp+TCHO+ALB+BUN; 0.769,251.230,1+A
 la+Trp+TG+ALB+BUN;0.769,247.625,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Lys;0.76
 60 9,247.621,1+ALB+BUN+ALT+Lys+Val;0.769,250.475,1+Gly+Trp+Phe
 +ALT+ALB;0.769,249.384,1+ALB+BUN+AST+Lys+Ile;0.769,249.743,
 1+Gly+Lys+TCHO+ALB+BUN;0.769,251.175,1+Ala+Trp+ALB+BUN+BHB
 A;0.769,250.768,1+Gly+Lys+ALB+BUN+TP;0.769,249.331,1+BCAA+T
 rp+ALT+ALB+BUN;0.768,249.285,1+ALB+BUN+ALT+Val+Trp;0.768,24
 65 9.068,1+ALB+BUN+ALT+Arg+Thr;0.768,249.213,1+ALB+BUN+ALT+His
 +Arg;0.768,249.131,1+Ala+Trp+AST+ALB+BUN;0.768,250.297,1+AL

B+BUN+gGT+His+Lys;0.768,248.171,1+ALB+ALT+Arg+Lys+Ile;0.768,
 251.217,1+Trp+Phe+gGT+ALB+BUN;0.768,250.684,1+ALB+BUN+Orn+P
 he+Trp;0.768,249.335,1+Trp+ALT+ALB+BUN+Ca;0.768,249.425,1+A
 rg+Phe+His+ALT+ALB;0.768,249.039,1+Gly+Arg+ALT+ALB+BUN;0.76
 5 8,247.691,1+ALB+BUN+ALT+Lys+Tyr;0.768,247.533,1+ALB+BUN+ALT
 +Glc+Lys;0.768,248.918,1+Trp+Lys+His+ALT+ALB;0.768,249.718,
 1+Gly+Trp+Lys+AST+ALB;0.768,252.249,1+Trp+Glc+ALB+BUN+TP;0.
 768,251.180,1+Ala+Trp+ALB+BUN+NEFA;0.768,247.692,1+ALB+BUN+
 ALT+Thr+Lys;0.768,250.232,1+ALB+BUN+Ca+His+Lys;0.768,247.23
 10 1,1+Lys+TCHO+ALT+ALB+BUN;0.768,249.512,1+ALB+BUN+Asp+Lys+Ph
 e;0.768,249.058,1+ALB+BUN+ALT+3MeHis+Arg;0.768,250.006,1+BC
 AA+Trp+Arg+ALT+ALB;0.768,250.551,1+ALB+BUN+3MeHis+Arg+Trp;0.
 768,250.883,1+ALB+BUN+NEFA+Lys+Val;0.768,247.671,1+ALB+BUN+
 ALT+Orn+Lys;0.768,250.989,1+ALB+BUN+Ca+Lys+Ile;0.768,252.74
 15 1,1+Ala+Gly+Lys+His+ALB;0.768,250.396,1+ALB+BUN+3MeHis+Lys+ Val;
 0.768,249.548,1+Gly+Arg+Phe+ALT+ALB;0.768,251.698,1+Gly
 +Phe+His+ALT+ALB;0.768,251.362,1+Ala+Lys+Phe+ALB+BUN;0.768,
 252.612,1+Ala+Gly+Trp+Lys+ALB;0.768,250.922,1+Gly+Lys+TG+AL
 B+BUN;0.768,250.011,1+ALB+BUN+BHBA+His+Lys;0.768,250.778,1+
 20 ALB+BUN+Glc+Lys+Ile;0.768,249.601,1+ALB+BUN+Asp+Tyr+Trp;0.7
 68,250.592,1+ALB+BUN+NEFA+Lys+Phe;0.768,249.400,1+ALB+BUN+A
 rg+Asp+Trp;0.768,249.826,1+Gly+Lys+Phe+ALT+ALB;0.768,247.84
 5,1+ALB+BUN+ALT+Arg+Asp;0.768,249.893,1+Trp+Arg+Glc+ALT+AL
 B;0.768,250.615,1+BCAA+Lys+ALB+BUN+NEFA;0.768,249.626,1+Lys
 25 +Phe+His+ALT+ALB;0.768,251.586,1+Gly+Arg+TG+AST+ALB;0.768,2
 50.658,1+Gly+Lys+TCHO+AST+ALB;0.768,250.907,1+Gly+Lys+gGT+A
 LB+BUN;0.767,250.395,1+Gly+Arg+Lys+ALB+BUN;0.767,250.628,1+
 Gly+Lys+Glc+ALB+BUN;0.767,249.221,1+Gly+Arg+ALT+AST+ALB;0.767,250.438,1+ALB+ALT+Arg+Tyr+Phe;
 0.767,252.489,1+Ala+Gly+Ph e+ALB+BUN;0.767,249.737,1+ALB+BUN+Asp+Val+Trp;0.767,248.869,
 30 1+ALB+BUN+NEFA+Asp+Lys;0.767,250.292,1+Ala+Gly+Arg+ALT+ALB;
 0.767,250.096,1+Trp+Arg+ALT+gGT+ALB;0.767,248.587,1+ALB+ALT
 +His+Arg+Lys;0.767,247.240,1+ALB+BUN+AST+ALT+Lys;0.767,251.
 424,1+ALB+BUN+Orn+Lys+Phe;0.767,249.984,1+Trp+Arg+TG+ALT+AL
 B;0.767,250.037,1+ALB+ALT+Lys+Phe+Trp;0.767,251.384,1+Gly+L
 35 ys+AST+ALB+TP;0.767,251.192,1+Ala+Gly+Trp+AST+ALB;0.767,250.
 116,1+ALB+ALT+NEFA+Arg+Trp;0.767,252.009,1+Gly+Trp+ALB+BUN+
 NEFA;0.767,251.324,1+BCAA+Arg+Lys+ALB+BUN;0.767,249.346,1+A
 LB+ALT+Arg+Lys+Trp;0.767,251.280,1+Ala+Gly+Lys+AST+ALB;0.76
 7,251.928,1+Gly+Trp+ALB+BUN+TP;0.767,251.050,1+Trp+Arg+ALB+
 40 BUN+TP;0.767,249.629,1+ALB+BUN+Asp+Orn+Lys;0.767,248.918,1+
 ALB+AST+ALT+Arg+Trp;0.767,248.579,1+ALB+BUN+AST+ALT+Trp;0.7
 67,249.231,1+Gly+Lys+ALT+AST+ALB;0.767,251.129,1+Ala+Trp+AL
 B+BUN+Ca;0.767,249.557,1+Trp+Arg+TCHO+ALT+ALB;0.767,251.447,
 1+Ala+BCAA+Lys+ALB+BUN;0.767,250.491,1+ALB+ALT+Arg+Thr+Ile;
 45 0.767,251.931,1+Gly+Trp+Glc+ALB+BUN;0.767,250.914,1+Gly+Lys
 +Thr+ALB+BUN;0.767,250.188,1+ALB+ALT+Orn+Phe+Trp;0.767,250.
 582,1+ALB+BUN+3MeHis+Orn+Lys;0.767,247.649,1+ALB+BUN+Ca+ALT
 +Lys;0.767,249.696,1+ALB+BUN+ALT+T-BIL+Arg;0.767,249.937,1+
 ALB+ALT+Arg+Orn+Trp;0.767,250.119,1+Trp+Arg+Thr+ALT+ALB;0.7
 50 67,249.401,1+Gly+Trp+Lys+ALT+ALB;0.767,247.602,1+ALB+BUN+AS
 T+Asp+Trp;0.767,251.026,1+BCAA+Trp+Lys+AST+ALB;0.767,251.39
 8,1+ALB+BUN+Arg+Lys+Phe;0.767,249.274,1+ALB+BUN+ALT+Arg+Or
 n;0.767,251.707,1+Trp+TCHO+ALB+BUN+TP;0.767,251.504,1+ALB+B
 UN+Arg+Lys+Tyr;0.767,251.124,1+Trp+Arg+TG+ALB+BUN;0.767,250.
 55 124,1+ALB+BUN+3MeHis+Arg+Lys;0.767,249.714,1+ALB+BUN+NEFA+A
 sp+Trp;0.767,249.636,1+ALB+BUN+Arg+Asp+Lys;0.767,251.066,1+
 ALB+ALT+Orn+Tyr+Trp;0.767,249.373,1+ALB+BUN+Asp+Orn+Trp;0.7
 67,249.716,1+ALB+ALT+His+Arg+Orn;0.767,250.115,1+Trp+AST+AL
 B+BUN+TP;0.767,249.026,1+ALB+BUN+AST+3MeHis+Lys;0.767,251.0
 60 25,1+Gly+Lys+Glc+AST+ALB;0.766,250.702,1+Ala+Lys+ALB+BUN+NE
 FA;0.766,249.605,1+ALB+BUN+Asp+Lys+Val;0.766,250.057,1+Trp+
 Arg+ALT+ALB+BHBA;0.766,251.171,1+Ala+Gly+Arg+AST+ALB;0.766,
 249.815,1+Trp+Lys+Glc+ALT+ALB;0.766,251.095,1+ALB+AST+Arg+L
 ys+Ile;0.766,251.316,1+Lys+Phe+Glc+ALB+BUN;0.766,251.180,1+
 65 Trp+Phe+Glc+ALT+ALB;0.766,251.019,1+ALB+BUN+T-BIL+Orn+Lys;0.
 766,250.131,1+ALB+ALT+Arg+Val+Trp;0.766,249.066,1+ALB+BUN+A

ST+His+Lys;0.766,251.129,1+ALB+BUN+Arg+Val+Trp;0.766,250.34
0,1+ALB+BUN+NEFA+3MeHis+Lys;0.766,250.971,1+ALB+BUN+NEFA+Ly
s+Tyr;0.766,249.738,1+ALB+BUN+ALT+Glc+Arg;0.766,249.569,1+A
rg+TG+ALT+ALB+BUN;0.766,253.429,1+Ala+Gly+Trp+His+ALB;0.766,
5 252.415,1+Trp+Glc+TG+ALB+BUN;0.766,252.093,1+Ala+Trp+Lys+Hi
s+ALB;0.766,250.256,1+Ala+Gly+Lys+ALT+ALB;0.766,249.791,1+A
LB+BUN+AST+Lys+Phe;0.766,250.689,1+ALB+BUN+T-BIL+Glc+Lys;0.
766,251.602,1+ALB+BUN+Arg+Lys+Val;0.766,249.703,1+ALB+ALT+3
MeHis+Arg+Trp;0.766,248.521,1+ALB+BUN+3MeHis+Asp+Trp;0.766,
10 249.665,1+ALB+BUN+ALT+Arg+Ile;0.766,249.790,1+BCAA+Trp+Lys+
ALT+ALB;0.766,251.585,1+Gly+Lys+TG+AST+ALB;0.766,251.474,1+
Ala+Arg+Lys+ALB+BUN;0.766,249.737,1+Arg+ALT+ALB+BUN+TP;0.76
6,250.946,1+ALB+BUN+Arg+Orn+Trp;0.766,250.111,1+Ala+Trp+Arg
+ALT+ALB;0.766,252.126,1+Gly+Trp+TG+ALB+BUN;0.766,250.956,1
15 +ALB+AST+NEFA+Lys+Ile;0.766,252.293,1+Trp+Glc+ALB+BUN+BHBA;
0.766,250.640,1+ALB+BUN+3MeHis+Lys+Tyr;0.766,249.396,1+ALB+
BUN+Asp+Lys+Tyr;0.766,252.490,1+Ala+Gly+Trp+Arg+ALB;0.766,2
54.107,1+Ala+Gly+BCAA+Lys+ALB;0.766,251.355,1+ALB+BUN+Orn+T
yr+Trp;0.766,248.965,1+Gly+Arg+Lys+ALT+ALB;0.766,251.516,1+
20 Trp+Glc+TCHO+ALB+BUN;0.766,252.885,1+ALB+BUN+NEFA+3MeHis+Ph
e;0.766,251.282,1+Gly+Lys+AST+ALB+NEFA;0.766,251.578,1+Gly+
Lys+Thr+AST+ALB;0.766,249.625,1+BCAA+Arg+ALT+ALB+BUN;0.766,
251.111,1+ALB+BUN+NEFA+Arg+Trp;0.766,249.180,1+ALB+BUN+AST+
ALT+Arg;0.766,251.877,1+Trp+Lys+His+ALB+TP;0.766,251.405,1+
25 Trp+Lys+AST+ALB+TP;0.766,249.114,1+ALB+BUN+AST+NEFA+Lys;0.7
66,249.770,1+Gly+Trp+AST+ALB+BUN;0.766,250.714,1+Ala+Lys+TC
HO+ALB+BUN;0.766,251.014,1+Lys+TG+ALB+BUN+NEFA;0.766,250.96 2,1+ALB+BUN+NEFA+T-
BIL+Lys;0.766,249.719,1+ALB+BUN+ALT+BHBA
+Arg;0.766,251.780,1+ALB+BUN+Orn+Lys+Tyr;0.766,251.742,1+BC
30 AA+Lys+Thr+ALB+BUN;0.766,250.349,1+Trp+AST+ALB+BUN+BHBA;0.7
66,252.775,1+ALB+BUN+Orn+Tyr+Phe;0.766,251.915,1+ALB+BUN+Ly s+Tyr+Val; 0.766,251.653,
1+Ala+Lys+Tyr+ALB+BUN; 0.766, 251.029, 1+ALB+BUN+T-
BIL+BHBA+Lys;0.766,249.686,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+A
rg;0.766,251.289,1+ALB+BUN+Orn+Val+Trp;0.766,251.053,1+ALB+
35 BUN+gGT+NEFA+Lys;0.766,250.475,1+ALB+ALT+Arg+Orn+Phe;0.766,
251.628,1+BCAA+Lys+ALB+BUN+TP;0.766,247.851,1+ALB+BUN+AST+A
sp+Lys;0.766,251.504,1+Gly+Lys+AST+ALB+BHBA;0.766,252.411,1
+BCAA+Trp+Glc+ALB+BUN;0.766,252.599,1+Gly+Trp+Lys+ALB+TP;0.
766,249.213,1+ALB+ALT+3MeHis+Arg+Lys;0.766,250.298,1+Gly+Ly
40 s+ALT+ALB+TP;0.766,250.214,1+Gly+Arg+TG+ALT+ALB;0.766,251.4
78,1+ALB+AST+Orn+Lys+Ile;0.765,251.033,1+ALB+BUN+NEFA+Thr+L
ys;0.765,251.036,1+ALB+BUN+NEFA+BHBA+Lys;0.765,250.991,1+AL B+BUN+gGT+T-
BIL+Lys;0.765,250.842,1+ALB+BUN+NEFA+Glc+Lys;0.
765,249.136,1+ALB+BUN+AST+Orn+Trp;0.765,249.276,1+Arg+TCHO+
45 ALT+ALB+BUN;0.765,249.722,1+ALB+BUN+ALT+Arg+Tyr;0.765,250.8 67,1+ALB+BUN+T-
BIL+Arg+Lys;0.765,251.002,1+ALB+ALT+NEFA+Orn + Trp; 0.765,250.871, 1+Lys+ALB+BUN+TP+NEFA;
0.765,249.974, 1 + Tr p+Lys+Thr+ALT+ALB;0.765,251.046,1+ALB+BUN+NEFA+Orn+Lys;0.76
5,252.416,1+Trp+Glc+ALB+BUN+NEFA;0.765,249.610,1+ALB+AST+AL
T+Orn+Trp;0.765,248.751,1+ALB+ALT+Arg+Asp+Trp;0.765,250.258,
50 1+Trp+AST+gGT+ALB+BUN;0.765,253.458,1+ALB+BUN+NEFA+Tyr+Phe;
0.765,251.037,1+ALB+ALT+Orn+Val+Trp;0.765,249.446,1+ALB+BUN
+ALT+Arg+Val;0.765,252.605,1+ALB+His+Orn+Lys+Ile;0.765,252.
157,1+Gly+Trp+ALB+BUN+BHBA;0.765,249.665,1+Gly+Lys+TCHO+ALT
+ALB;0.765,251.745,1+ALB+BUN+Orn+Lys+Val;0.765,249.693,1+AL
55 B+BUN+ALT+gGT+Arg;0.765,252.199,1+ALB+NEFA+Arg+Lys+Ile;0.76
5,250.241,1+Gly+BCAA+Lys+ALT+ALB;0.765,249.433,1+ALB+ALT+Hi
s+Orn+Lys;0.765,250.101,1+Trp+Arg+ALT+ALB+Ca;0.765,250.392,
1+Gly+Lys+TG+ALT+ALB;0.765,251.584,1+ALB+NEFA+His+Arg+Lys;0.
765,252.380,1+Trp+Glc+gGT+ALB+BUN;0.765,250.961,1+ALB+BUN+T -
60 BIL+Thr+Lys;0.765,249.150,1+ALB+ALT+Asp+Orn+Trp;0.765,252.
180,1+Gly+BCAA+Trp+ALB+BUN;0.765,251.926,1+Trp+TCHO+TG+ALB+
BUN;0.765,254.416,1+Ala+Gly+Trp+Glc+ALB;0.765,250.025,1+ALB
+ALT+Arg+Lys+Phe;0.765,249.639,1+ALB+ALT+Orn+Lys+Ile;0.765,
251.353,1+ALB+AST+Orn+Val+Trp;0.765,250.395,1+Trp+TG+AST+AL B+BUN;
65 0.765,251.428,1+Gly+Lys+AST+gGT+ALB; 0.765,251.634,1+A
la+Lys+ALB+BUN+TP;0.765,250.123,1+ALB+BUN+ALT+His+Orn;0.765,

254.435, 1+Ala+Gly+Trp+Phe+ALB; 0.765,252.325, 1+Trp+ALB+BUN+T
P+BHBA; 0.765,250.993, 1+ALB+BUN+AST+Orn+Phe; 0.765,250.419, 1+
Gly+Lys+ALT+gGT+ALB; 0.765,250.384, 1+ALB+BUN+AST+NEFA+Trp; 0.
765,249.798, 1+ALB+BUN+AST+Arg+Lys; 0.765,251.155, 1+Trp+Lys+T
5 hr+AST+ALB; 0.765,249.578, 1+ALB+BUN+Ca+ALT+Arg; 0.765,252.306,
1+ALB+BUN+NEFA+Orn+Phe; 0.765,252.423, 1+Trp+TG+ALB+BUN+TP; 0.
765,252.410, 1+Trp+ALB+BUN+TP+NEFA; 0.765,251.187, 1+ALB+AST+N
EFA+Arg+Trp; 0.765,251.616, 1+ALB+BUN+Arg+Thr+Lys; 0.765,251.1
41, 1+ALB+BUN+3MeHis+Orn+Trp; 0.765,250.297, 1+Gly+Arg+Thr+ALT
10 +ALB; 0.765,249.876, 1+ALB+AST+Asp+Lys+Trp; 0.765,250.006, 1+AL
B+ALT+Orn+Lys+Trp; 0.765,250.236, 1+ALB+BUN+AST+3MeHis+Trp; 0.
765,251.347, 1+ALB+AST+Lys+Tyr+Trp; 0.765,251.890, 1+BCAA+Trp+
TCHO+ALB+BUN; 0.765,251.891, 1+Trp+TCHO+ALB+BUN+NEFA; 0.765,25
1.666, 1+Ala+Lys+TG+ALB+BUN; 0.765,253.996, 1+Ala+Gly+Lys+Glc+
15 ALB; 0.765,250.524, 1+ALB+AST+ALT+Phe+Trp; 0.765,252.801, 1+ALB
+AST+Arg+Orn+Ile; 0.765,249.193, 1+ALB+AST+ALT+Lys+Trp; 0.765, 248.982, 1+ALB+BUN+AST+T-
BIL+Lys; 0.765,250.965, 1+ALB+BUN+Ca+ NEFA+Lys; 0.765,250.933, 1+ALB+BUN+Ca+T-BIL+Lys; 0.764,251.731,
1+ALB+BUN+3MeHis+Orn+Phe; 0.764,251.608, 1+Lys+Glc+ALB+BUN+T
P; 0.764,250.951, 1+ALB+ALT+3MeHis+Orn+Trp; 0.764,250.636, 1+BC
20 AA+Lys+Phe+ALT+ALB; 0.764,250.415, 1+Gly+Lys+Thr+ALT+ALB; 0.76
4,250.005, 1+Lys+AST+ALB+BUN+TP; 0.764,249.638, 1+Trp+Lys+TCHO
+ALT+ALB; 0.764,254.362, 1+Ala+Gly+Lys+Tyr+ALB; 0.764,251.624,
1+Arg+Lys+TG+ALB+BUN; 0.764,251.613, 1+ALB+BUN+Arg+Orn+Lys; 0.
764,252.418, 1+BCAA+Trp+ALB+BUN+TP; 0.764,249.811, 1+ALB+ALT+3
25 MeHis+Lys+Trp; 0.764,250.873, 1+ALB+ALT+Lys+Tyr+Phe; 0.764,250.
201, 1+Trp+Glc+AST+ALB+BUN; 0.764,251.047, 1+ALB+AST+Arg+Orn+T rp; 0.764,251.663,
1+ALB+BUN+BHBA+Orn+Lys; 0.764,250.032, 1+Gly
+Lys+Glc+ALT+ALB; 0.764,251.660, 1+Ala+Lys+Thr+ALB+BUN; 0.764,
250.653, 1+ALB+ALT+Arg+Orn+Ile; 0.764,250.526, 1+Gly+Arg+ALT+g
30 GT+ALB; 0.764,250.259, 1+ALB+AST+ALT+Orn+Phe; 0.764,250.252, 1+
ALB+BUN+ALT+Thr+Orn; 0.764,252.308, 1+Gly+Trp+AST+ALB+TP; 0.76
4,251.774, 1+Lys+TG+ALB+BUN+TP; 0.764,250.016, 1+ALB+ALT+His+A
rg+Thr; 0.764,251.943, 1+ALB+NEFA+His+Orn+Lys; 0.764,251.592, 1
+Ala+Lys+ALB+BUN+Ca; 0.764,251.465, 1+ALB+BUN+Glc+Arg+Lys; 0.7
35 64,251.453, 1+Ala+Lys+ALB+BUN+BHBA; 0.764,252.173, 1+Gly+Trp+g
GT+ALB+BUN; 0.764,250.993, 1+ALB+AST+Arg+Lys+Trp; 0.764,250.38
7, 1+ALB+BUN+AST+Val+Trp; 0.764,250.097, 1+ALB+ALT+Lys+Val+Tr p ;
0.764,251.902, 1+Trp+TCHO+ALB+BUN+BHBA; 0.764,252.332, 1 + Trp
+Glc+ALB+BUN+Ca; 0.764,252.401, 1+Ala+Trp+Glc+ALT+ALB; 0.764,2
40 52.623, 1+Trp+TG+ALB+BUN+NEFA; 0.764,252.386, 1+Trp+Thr+ALB+BU N+TP; 0.764,250.817,
1+ALB+BUN+NEFA+Arg+Lys; 0.764,251.697, 1+A
LB+BUN+gGT+BHBA+Lys; 0.764,251.423, 1+ALB+BUN+NEFA+Orn+Trp; 0.
764,250.492, 1+ALB+ALT+Orn+Lys+Phe; 0.764,249.969, 1+Ala+Lys+A
ST+ALB+BUN; 0.764,249.967, 1+ALB+BUN+AST+BHBA+Lys; 0.764,250.4
45 20, 1+ALB+BUN+AST+Tyr+Trp; 0.764,250.066, 1+Trp+TCHO+AST+ALB+B
UN; 0.764,249.631, 1+Lys+TCHO+AST+ALB+BUN; 0.764,252.971, 1+ALB
+BUN+Orn+Val+Phe; 0.764,251.533, 1+Ala+Lys+Glc+ALB+BUN; 0.764,
252.093, 1+Gly+Trp+ALB+BUN+Ca; 0.764,250.445, 1+BCAA+Trp+AST+A
LB+BUN; 0.764,250.139, 1+ALB+ALT+Lys+Tyr+Trp; 0.764,250.991, 1+
50 ALB+AST+NEFA+Lys+Trp; 0.764,251.930, 1+Trp+TCHO+gGT+ALB+BUN; 0.
764,251.501, 1+ALB+BUN+BHBA+Arg+Lys; 0.764,250.808, 1+ALB+AST+
ALT+Arg+Ile; 0.764,250.232, 1+Ala+Trp+Lys+ALT+ALB; 0.764,250.2
42, 1+Trp+Lys+ALT+gGT+ALB; 0.764,252.139, 1+Gly+Trp+Glc+AST+AL
B; 0.764,252.331, 1+Trp+ALB+BUN+TP+Ca; 0.764,251.780, 1+ALB+BUN
55 +Thr+Orn+Lys; 0.764,250.173, 1+Lys+TG+AST+ALB+BUN; 0.764,250.1
69, 1+ALB+BUN+AST+Lys+Val; 0.764,251.864, 1+ALB+AST+T-BIL+Lys+
Ile; 0.764,252.589, 1+Trp+TG+ALB+BUN+BHBA; 0.764,251.861, 1+ALB
+BUN+gGT+Thr+Lys; 0.764,248.230, 1+ALB+BUN+ALT+Asp+Orn; 0.764,
250.171, 1+ALB+BUN+AST+Thr+Lys; 0.764,250.018, 1+BCAA+Lys+AST+
60 ALB+BUN; 0.764,254.421, 1+Ala+Gly+Lys+ALB+TP; 0.764,252.597, 1+
Trp+ALB+BUN+NEFA+BHBA; 0.764,251.070, 1+ALB+AST+Orn+Lys+Trp; 0.
764,251.264, 1+ALB+AST+NEFA+Arg+Lys; 0.763,251.691, 1+ALB+BUN+
Glc+Thr+Lys; 0.763,251.582, 1+ALB+BUN+Glc+Orn+Lys; 0.763,252.6
27, 1+BCAA+Trp+TG+ALB+BUN; 0.763,251.398, 1+ALB+BUN+BHBA+Glc+L
65 ys; 0.763,250.256, 1+ALB+AST+ALT+Arg+Phe; 0.763,249.921, 1+ALB+
ALT+Arg+Lys+Tyr; 0.763,250.171, 1+ALB+BUN+AST+Lys+Tyr; 0.763,2

51.558, 1+ALB+AST+Lys+Val+Trp; 0.763,251.598, 1+ALB+BUN+Asp+Orn+Phe; 0.763,254.389, 1+Ala+Gly+Lys+Phe+ALB; 0.763,251.744, 1+ALB+BUN+gGT+Orn+Lys; 0.763,251.556, 1+ALB+BUN+Ca+Arg+Lys; 0.763,251.721, 1+ALB+BUN+BHBA+Thr+Lys; 0.763,251.886, 1+Lys+Thr+TG+ALB+BUN; 0.763,250.490, 1+Gly+Arg+Glc+ALT+ALB; 0.763,251.748, 1+ALB+ALT+T-BIL+Arg+Ile; 0.763,252.581, 1+Gly+Trp+AST+ALB+NEFA; 0.763,252.350, 1+Gly+Trp+AST+gGT+ALB; 0.763,252.547, 1+Trp+TG+ALB+BUN+Ca; 0.763,251.828, 1+ALB+BUN+Ca+Thr+Lys; 0.763,251.722, 1+ALB+BUN+Ca+Orn+Lys; 0.763,251.601, 1+Ala+Lys+gGT+ALB+BUN; 0.763,252.578, 1+BCAA+Trp+ALB+BUN+BHBA; 0.763,252.577, 1+Trp+gGT+ALB+BUN+BHBA; 0.763,251.310, 1+ALB+AST+Orn+Tyr+Trp; 0.763,250.238, 1+Trp+Lys+TG+ALT+ALB; 0.763,250.104, 1+ALB+BUN+AST+gGT+Lys; 0.763,250.528, 1+ALB+AST+ALT+His+Arg; 0.763,251.116, 1+ALB+AST+His+Orn+Lys; 0.763,251.336, 1+Gly+Trp+TCHO+ALB+BUN; 0.763,252.438, 1+ALB+BUN+NEFA+3MeHis+Trp; 0.763,252.284, 1+Ala+Gly+Arg+ALB+BUN; 0.763,250.542, 1+ALB+ALT+3MeHis+Arg+Orn; 0.763,252.614, 1+Trp+TG+gGT+ALB+BUN; 0.763,252.546, 1+ALB+BUN+Tyr+Val+Trp; 0.763,250.227, 1+ALB+ALT+NEFA+Lys+Trp; 0.763,251.914, 1+Lys+AST+ALB+TP+NEFA; 0.763,250.151, 1+ALB+ALT+NEFA+His+Lys; 0.763,252.878, 1+Trp+Glc+ALT+ALB+BHBA; 0.763,252.605, 1+Gly+Trp+AST+ALB+BHBA; 0.763,252.526, 1+Gly+Trp+TG+AST+ALB; 0.763,250.131, 1+ALB+ALT+NEFA+Lys+Ile; 0.763,252.378, 1+ALB+BUN+3MeHis+Val+Trp; 0.763,252.359, 1+ALB+BUN+3MeHis+Tyr+Trp; 0.763,251.798, 1+Lys+Thr+ALB+BUN+TP; 0.763,251.531, 1+ALB+BUN+gGT+Arg+Lys; 0.763,251.497, 1+ALB+BUN+AST+NEFA+Phe; 0.763,249.897, 1+ALB+BUN+AST+Glc+Lys; 0.763,249.968, 1+ALB+BUN+AST+Orn+Lys; 0.763,251.760, 1+ALB+BUN+AST+Arg+Phe; 0.763,251.607, 1+ALB+BUN+gGT+Glc+Lys; 0.763,250.271, 1+ALB+3MeHis+Asp+Lys+Trp; 0.763,248.133, 1+ALB+ALT+Asp+Lys+Trp; 0.763,250.522, 1+ALB+AST+3MeHis+Arg+Trp; 0.763,249.287, 1+ALB+AST+ALT+Arg+Lys; 0.763,251.556, 1+Lys+ALB+BUN+TP+BHBA; 0.763,254.857, 1+Ala+Gly+Trp+TG+ALB; 0.763,250.591, 1+ALB+ALT+3MeHis+Lys+Tyr; 0.763,250.630, 1+Arg+Thr+ALT+AST+ALB; 0.763,251.647, 1+ALB+AST+His+Arg+Orn; 0.763,250.439, 1+ALB+ALT+T-BIL+Lys+Ile; 0.763,252.820, 1+Trp+Glc+ALT+ALB+TP; 0.763,254.389, 1+Ala+Gly+Lys+Thr+ALB; 0.763,252.893, 1+Trp+Glc+ALT+gGT+ALB; 0.763,254.692, 1+Ala+Gly+Trp+ALB+NEFA; 0.763,252.610, 1+BCAA+Trp+gGT+ALB+BUN; 0.763,252.242, 1+Gly+Trp+Glc+ALT+ALB; 0.763,250.051, 1+ALB+ALT+NEFA+Arg+Lys; 0.763,254.865, 1+Ala+Gly+Trp+ALB+TP; 0.763,251.590, 1+ALB+ALT+gGT+Arg+Ile; 0.763,251.622, 1+Ala+Trp+Arg+AST+ALB; 0.763,250.471, 1+ALB+AST+Arg+Asp+Trp; 0.763,251.364, 1+ALB+AST+NEFA+3MeHis+Lys; 0.763,250.379, 1+Trp+AST+ALB+BUN+Ca; 0.763,252.589, 1+ALB+BUN+NEFA+Arg+Phe; 0.763,252.615, 1+Trp+gGT+ALB+BUN+NEFA; 0.763,252.545, 1+ALB+BUN+NEFA+Val+Trp; 0.763,252.624, 1+BCAA+Trp+ALB+BUN+NEFA; 0.763,251.695, 1+ALB+BUN+AST+3MeHis+Phe; 0.763,250.274, 1+ALB+ALT+3MeHis+Orn+Lys; 0.763,251.691, 1+Ala+Trp+Lys+AST+ALB; 0.762,251.803, 1+ALB+BUN+3MeHis+Arg+Phe; 0.762,254.459, 1+Ala+Gly+Lys+TG+ALB; 0.762,252.362, 1+Trp+gGT+ALB+BUN+TP; 0.762,250.504, 1+ALB+ALT+3MeHis+Lys+Val; 0.762,251.675, 1+ALB+AST+NEFA+Orn+Lys; 0.762,252.590, 1+Gly+BCAA+Trp+AST+ALB; 0.762,250.164, 1+ALB+AST+Asp+Orn+Trp; 0.762,250.272, 1+ALB+ALT+Glc+His+Lys; 0.762,250.642, 1+ALB+ALT+Glc+Orn+Lys; 0.762,248.746, 1+ALB+ALT+Arg+Asp+Lys; 0.762,254.887, 1+Ala+Gly+Trp+ALB+BHBA; 0.762,251.592, 1+Trp+Glc+ALT+AST+ALB; 0.762,250.680, 1+ALB+AST+3MeHis+Lys+Trp; 0.762,250.759, 1+ALB+3MeHis+Arg+Asp+Lys; 0.762,249.982, 1+ALB+ALT+Glc+Arg+Lys; 0.762,250.748, 1+ALB+AST+3MeHis+Arg+Lys; 0.762,252.901, 1+ALB+BUN+Arg+Orn+Phe; 0.762,252.874, 1+Trp+Glc+TG+ALT+ALB; 0.762,250.668, 1+ALB+AST+ALT+NEFA+Arg; 0.762,248.548, 1+ALB+AST+3MeHis+Asp+Lys; 0.762,251.443, 1+ALB+AST+His+Arg+Lys; 0.762,251.071, 1+ALB+AST+NEFA+His+Lys; 0.762,251.616, 1+ALB+BUN+Ca+BHBA+Lys; 0.762,252.195, 1+Trp+Glc+TCHO+ALT+ALB; 0.762,251.693, 1+ALB+ALT+Glc+Arg+Ile; 0.762,250.599, 1+ALB+BUN+ALT+3MeHis+Orn; 0.762,251.707, 1+ALB+ALT+BHBA+Arg+Ile; 0.762,251.598, 1+ALB+ALT+NEFA+Arg+Ile; 0.762,250.184, 1+ALB+ALT+BHBA+Arg+Lys; 0.762,250.146, 1+ALB+ALT+gGT+Arg+Lys; 0.762,251.666, 1+ALB+AST+Arg+Val+Trp; 0.762,251.376, 1+ALB+AST+NEFA+Orn+Trp; 0.762,252.890, 1+Trp+Glc+

ALT+ALB+NEFA;0.762,250.734,1+ALB+BUN+ALT+Glc+Orn;0.762,254.
 888,1+Ala+Gly+Trp+Thr+ALB;0.762,254.880,1+Ala+Gly+BCAA+Trp+ ALB;0.762,250.183,1+ALB+ALT+T-
 BIL+Arg+Lys;0.762,250.144,1+A LB+ALT+Arg+Orn+Lys;0.762,250.544,1+ALB+ALT+NEFA+3MeHis+Lys;
 0.762,250.158,1+ALB+ALT+Arg+Lys+Val;0.762,250.046,1+ALB+BUN
 5 +AST+ALT+Orn;0.762,253.142,1+ALB+NEFA+Orn+Lys+Ile;0.762,254.
 841,1+Ala+Gly+Trp+Tyr+ALB;0.762,253.086,1+Ala+Gly+Arg+Lys+A
 LB;0.762,250.176,1+Ala+Arg+Lys+ALT+ALB;0.762,250.187,1+ALB+
 AST+ALT+Arg+Orn;0.762,251.043,1+ALB+AST+ALT+Arg+Tyr;0.762,2
 51.674,1+ALB+AST+Lys+Phe+Trp;0.762,250.435,1+ALB+ALT+Thr+Ly
 10 s+Ile;0.762,251.987,1+Gly+Trp+TCHO+AST+ALB;0.762,252.358,1+
 ALB+BUN+Arg+Asp+Phe;0.762,251.234,1+ALB+ALT+Arg+Orn+Tyr;0.7
 62,252.441,1+ALB+3MeHis+Arg+Lys+Trp;0.762,252.049,1+ALB+AST
 +NEFA+Lys+Tyr;0.762,251.004,1+Ala+Arg+ALT+AST+ALB;0.762,250.
 977,1+Ala+Lys+Phe+ALT+ALB;0.762,252.926,1+ALB+NEFA+His+Lys+
 15 Ile;0.762,251.592,1+ALB+Ca+ALT+Arg+Ile;0.762,254.312,1+Ala+
 Gly+Lys+ALB+Ca;0.762,251.186,1+ALB+ALT+Arg+Thr+Orn;0.762,25
 0.717,1+ALB+AST+ALT+Arg+Val;0.762,250.646,1+ALB+ALT+NEFA+Ly s+Phe;0.762,252.566,1+ALB+AST+T-
 BIL+His+Orn;0.762,252.427,1 +ALB+AST+NEFA+Arg+Orn;0.762,251.776,1+ALB+BUN+Ca+gGT+Lys;0.
 762,251.618,1+ALB+BUN+Ca+Glc+Lys;0.762,250.983,1+ALB+ALT+NE
 20 FA+His+Arg;0.762,252.621,1+BCAA+Trp+Glc+ALT+ALB;0.762,250.9
 31,1+ALB+ALT+Lys+Val+Phe;0.762,251.048,1+ALB+AST+ALT+gGT+Ar
 g;0.762,249.921,1+BCAA+Arg+Lys+ALT+ALB;0.762,251.150,1+ALB+
 ALT+Glc+Arg+Orn;0.762,250.982,1+Lys+Phe+ALT+gGT+ALB;0.762,2
 50.537,1+ALB+ALT+BHBA+His+Lys;0.762,252.102,1+ALB+AST+NEFA+
 25 Lys+Phe;0.762,252.500,1+Ala+Gly+Lys+TCHO+ALB;0.762,254.419,
 1+Ala+Gly+Lys+ALB+BHBA;0.762,253.469,1+ALB+BUN+3MeHis+Val+P
 he;0.762,250.458,1+ALB+BUN+ALT+Orn+Tyr;0.762,251.669,1+ALB+
 AST+Arg+Phe+Trp;0.762,251.024,1+ALB+AST+3MeHis+Orn+Trp;0.76 2,250.414,1+ALB+ALT+T-
 BIL+His+Lys;0.762,248.961,1+ALB+AST+A LT+Asp+Trp;0.762,252.540,1+BCAA+Trp+ALB+BUN+Ca;0.762,253.46
 30 8,1+ALB+BUN+3MeHis+Tyr+Phe;0.762,252.198,1+ALB+AST+NEFA+T-B
 IL+Lys;0.762,250.344,1+Lys+Phe+TCHO+ALT+ALB;0.761,251.048,1
 +ALB+AST+ALT+BHBA+Arg;0.761,250.946,1+ALB+ALT+NEFA+3MeHis+A
 rg;0.761,250.917,1+ALB+ALT+3MeHis+Arg+Tyr;0.761,251.219,1+A LB+ALT+T-
 BIL+His+Arg;0.761,250.836,1+ALB+BUN+ALT+Orn+Ile;0.
 35 761,251.224,1+ALB+ALT+His+Arg+Ile;0.761,250.271,1+ALB+ALT+H
 is+Lys+Ile;0.761,250.677,1+ALB+ALT+gGT+His+Lys;0.761,249.73
 3,1+ALB+AST+ALT+3MeHis+Lys;0.761,252.154,1+Ala+Lys+AST+ALB+
 NEFA;0.761,252.544,1+Trp+ALB+BUN+Ca+NEFA;0.761,251.105,1+AL
 B+ALT+gGT+His+Arg;0.761,252.234,1+ALB+BUN+His+Thr+Orn;0.761,
 40 250.573,1+ALB+ALT+His+Thr+Lys;0.761,250.527,1+Arg+TCHO+ALT+
 AST+ALB;0.761,251.015,1+Gly+Trp+ALT+AST+ALB;0.761,250.169,1
 +ALB+ALT+Arg+Thr+Lys;0.761,249.947,1+ALB+AST+ALT+3MeHis+Ar
 g;0.761,252.195,1+ALB+AST+NEFA+BHBA+Lys;0.761,254.022,1+ALB
 +Orn+Tyr+Phe+Trp;0.761,252.528,1+Gly+Trp+TG+ALT+ALB;0.761,2 53.228,1+ALB+T-
 45 BIL+Glc+His+Lys;0.761,251.097,1+ALB+ALT+NEFA +T-
 BIL+Lys;0.761,252.530,1+Trp+gGT+ALB+BUN+Ca;0.761,253.691,
 1+ALB+BUN+NEFA+Val+Phe;0.761,252.129,1+ALB+AST+NEFA+Lys+Va 1,-0.761,250.966, 1+ALB+AST+ALT+T-
 BIL+Arg; 0.761,251.256, 1+ALB +ALT+Arg+Orn+Val,-0.761,252.820, 1+ALB+3MeHis+Arg+Lys + Tyr; 0.7
 61,250.957,1+ALB+ALT+Orn+Lys+Tyr;0.761,250.837,1+ALB+BUN+AL
 50 T+gGT+Orn;0.761,251.744,1+ALB+BUN+AST+Arg+Orn;0.761,251.152,
 1+Ala+Lys+ALT+ALB+NEFA;0.761,250.588,1+ALB+ALT+BHBA+Lys+Il
 e;0.761,250.210,1+ALB+ALT+Glc+Lys+Ile;0.761,251.256,1+ALB+A
 LT+BHBA+Arg+Orn;0.761,250.837,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Orn;0.761,
 252.094,1+Gly+Trp+ALT+ALB+NEFA;0.761,250.957,1+ALB+ALT+T-BI
 55 L+Orn+Lys;0.761,253.495,1+ALB+AST+NEFA+Orn+Ile;0.761,250.10
 1,1+ALB+BUN+Ca+AST+Lys;0.761,251.272,1+ALB+ALT+T-BIL+Arg+Or
 n;0.761,250.942,1+ALB+ALT+Thr+Orn+Lys;0.761,250.848,1+ALB+A
 LT+NEFA+Orn+Lys;0.761,250.818,1+ALB+BUN+ALT+BHBA+Orn;0.761,
 253.068,1+Ala+Lys+His+ALB+NEFA;0.761,250.979,1+ALB+ALT+T-BI
 60 L+Glc+Lys;0.761,251.533,1+ALB+AST+Orn+Phe+Trp;0.761,250.219,
 1+ALB+AST+NEFA+Asp+Lys;0.761,254.753,1+Ala+Gly+Trp+ALB+Ca;0.
 761,254.274,1+Ala+Gly+Lys+ALB+NEFA;0.761,250.801,1+ALB+ALT+
 NEFA+Glc+Lys;0.761,251.270,1+ALB+ALT+NEFA+Arg+Orn;0.761,251.
 201,1+ALB+ALT+Glc+His+Arg;0.761,255.560,1+Gly+BCAA+Trp+Glc+
 65 ALB;0.761,251.165,1+ALB+ALT+NEFA+BHBA+Lys;0.761,251.006,1+A LB+AST+ALT+Glc+Arg; 0.761,250.604,
 1+ALB+ALT+gGT+Lys + Ile; 0.76 1,253.870,1+ALB+AST+Thr+Orn+Ile;0.761,249.805,1+ALB+AST+ALT

+Lys+Ile;0.761,253.478,1+ALB+Orn+Lys+Tyr+Trp;0.761,253.055,
 1+ALB+3MeHis+Lys+Tyr+Trp;0.761,252.933,1+BCAA+Trp+TG+ALT+AL
 B;0.761,252.284,1+ALB+BUN+AST+Arg+Thr;0.761,251.165,1+ALB+A
 LT+gGT+NEFA+Lys;0.761,251.686,1+ALB+BUN+AST+NEFA+Arg;0.761,
 5 250.158,1+ALB+Ca+ALT+Arg+Lys;0.761,250.967,1+ALB+Ca+AST+ALT
 +Arg;0.761,250.870,1+ALB+ALT+3MeHis+Arg+Val;0.761,250.814,1 +ALB+BUN+ALT+T-
 BIL+Orn;0.761,252.618,1+Gly+Trp+ALT+ALB+BHB A;0.761,252.470,1+ALB+T-
 BIL+His+Orn+Lys;0.761,250.960,1+ALB +ALT+BHBA+Orn+Lys;0.761,251.565,1+ALB+AST+ALT+Val+Trp;0.761,
 253.929,1+ALB+AST+Arg+Thr+Ile;0.761,253.504,1+ALB+NEFA+Lys+
 10 Tyr+Trp;0.761,254.369,1+Ala+Gly+Lys+gGT+ALB;0.761,252.438,1
 +Gly+BCAA+Trp+ALT+ALB;0.761,251.462,1+ALB+ALT+gGT+Arg+Thr;0.
 761,250.254,1+ALB+AST+ALT+Lys+Phe;0.761,249.966,1+ALB+AST+A LT+Orn+Lys;0.760,253.907,1+ALB+T-
 BIL+Orn+Lys+Ile;0.760,252. 576,1+ALB+Glc+His+Orn+Lys;0.760,250.826,1+ALB+BUN+AST+Asp+O
 rn;0.760,250.048,1+ALB+AST+ALT+NEFA+Lys;0.760,253.352,1+Ala
 15 +Gly+Trp+TCHO+ALB;0.760,252.682,1+ALB+BUN+Asp+Tyr+Phe;0.760,
 251.212,1+ALB+ALT+gGT+Arg+Orn;0.760,251.000,1+ALB+3MeHis+As
 p+Lys+Phe;0.760,253.247,1+Lys+His+AST+ALB+TP;0.760,251.272,
 1+Ala+Arg+TCHO+ALT+ALB;0.760,250.836,1+ALB+NEFA+3MeHis+Asp+
 Lys;0.760,253.244,1+Trp+TG+ALT+ALB+BHBA;0.760,251.830,1+ALB
 20 +ALT+NEFA+Arg+Tyr;0.760,250.900,1+ALB+ALT+Orn+Lys+Val;0.760,
 252.010,1+Gly+Trp+TCHO+ALT+ALB;0.760,251.162,1+ALB+ALT+NEFA
 +Lys+Tyr;0.760,250.959,1+ALB+ALT+gGT+Orn+Lys;0.760,252.560,
 1+ALB+AST+Arg+Orn+Lys;0.760,252.141,1+ALB+AST+NEFA+Thr+Lys;
 0.760,251.658,1+ALB+BUN+AST+His+Orn;0.760,250.056,1+ALB+AST
 25 +ALT+His+Lys;0.760,253.336,1+ALB+AST+Thr+Lys+Ile;0.760,251. 783,1+ALB+AST+T-
 BIL+His+Lys;0.760,253.681,1+ALB+3MeHis+Orn+
 Lys+Val;0.760,252.993,1+ALB+3MeHis+Orn+Lys+Trp;0.760,250.54
 5,1+ALB+3MeHis+Asp+Lys+Tyr;0.760,252.734,1+ALB+ALT+NEFA+Val +
 Trp;0.760,252.634,1+Gly+Trp+ALT+gGT+ALB;0.760,248.944,1+AL
 30 B+ALT+NEFA+Asp+Lys;0.760,251.466,1+ALB+BUN+NEFA+Asp+Phe;0.7
 60,250.702,1+ALB+BUN+ALT+Orn+Val;0.760,251.833,1+ALB+ALT+gG T+T-
 BIL+Arg;0.760,251.712,1+ALB+Asp+Lys+Tyr+Trp;0.760,251.1
 53,1+ALB+ALT+NEFA+Thr+Lys;0.760,251.150,1+ALB+ALT+NEFA+Lys+ Val;0.760,252.262,1+ALB+AST+T-
 BIL+Orn+Lys;0.760,252.102,1+A LB+AST+T-BIL+Arg+Lys;0.760,253.145,1+ALB+BHBA+His+Orn+Lys;0.
 35 760,254.094,1+ALB+Lys+Tyr+Phe+Trp;0.760,253.307,1+ALB+3MeHi
 s+Lys+Phe+Trp;0.760,252.947,1+BCAA+Trp+ALT+ALB+NEFA;0.760,2
 53.813,1+Ala+BCAA+Trp+Lys+ALB;0.760,251.787,1+Ala+Arg+ALT+g
 GT+ALB;0.760,251.734,1+ALB+ALT+Glc+His+Orn;0.760,251.223,1+
 ALB+Ca+ALT+Arg+Orn;0.760,250.743,1+ALB+BUN+Ca+ALT+Orn;0.760,
 40 252.337,1+BCAA+Trp+TCHO+ALT+ALB;0.760,252.677,1+ALB+BUN+3Me
 His+Arg+Orn;0.760,252.967,1+BCAA+Trp+ALT+ALB+BHBA;0.760,251.
 137,1+Ala+Lys+Glc+ALT+ALB;0.760,252.305,1+ALB+AST+NEFA+His+
 Orn;0.760,250.998,1+ALB+AST+ALT+His+Orn;0.760,252.967,1+BCA
 A+Trp+ALT+gGT+ALB;0.760,251.380,1+ALB+ALT+Glc+Arg+Thr;0.760,
 45 251.821,1+ALB+ALT+gGT+BHBA+Arg;0.760,253.446,1+ALB+AST+Arg+
 Orn+Tyr;0.760,251.931,1+Trp+ALT+AST+ALB+BHBA;0.760,255.496,
 1+ALB+NEFA+Orn+Tyr+Phe;0.760,253.259,1+Trp+ALT+gGT+ALB+BHB
 A;0.760,253.195,1+ALB+NEFA+3MeHis+Lys+Trp;0.760,251.769,1+A
 LB+ALT+NEFA+BHBA+Arg;0.760,250.094,1+ALB+ALT+Arg+Asp+Orn;0.
 50 760,250.782,1+Ala+Lys+TCHO+ALT+ALB;0.760,250.936,1+ALB+Ca+A
 LT+Orn+Lys;0.760,251.256,1+ALB+ALT+BHBA+His+Arg;0.760,253.2
 41,1+Trp+TG+ALT+ALB+NEFA;0.760,249.044,1+ALB+ALT+Asp+Orn+Ly
 s;0.760,251.106,1+ALB+Ca+ALT+His+Arg;0.760,251.134,1+ALB+AS
 T+NEFA+Asp+Trp;0.760,250.644,1+ALB+3MeHis+Asp+Lys+Val;0.760,
 55 250.953,1+ALB+ALT+BHBA+Glc+Lys;0.760,252.010,1+ALB+ALT+T-BI
 L+His+Orn;0.760,251.923,1+ALB+AST+ALT+NEFA+Trp;0.760,253.24
 6,1+Trp+TG+ALT+gGT+ALB;0.760,251.958,1+ALB+ALT+T-BIL+BHBA+A
 rg;0.760,253.002,1+ALB+3MeHis+Arg+Lys+Val;0.760,250.981,1+A
 LB+3MeHis+Asp+Orn+Lys;0.760,254.829,1+Ala+Gly+Trp+gGT+ALB;0.
 60 760,253.352,1+ALB+NEFA+His+Thr+Lys;0.759,252.721,1+ALB+ALT+
 3MeHis+Val+Trp;0.759,251.747,1+ALB+ALT+gGT+Glc+Arg;0.759,25
 1.566,1+ALB+ALT+NEFA+Arg+Val;0.759,251.625,1+ALB+ALT+NEFA+T -
 BIL+Arg;0.759,252.915,1+ALB+AST+Orn+Lys+Tyr;0.759,250.639,
 1+ALB+Ca+ALT+His+Lys;0.759,249.820,1+ALB+AST+3MeHis+Asp+Tr
 65 p;0.759,251.751,1+ALB+ALT+NEFA+Glc+Arg;0.759,255.617,1+Gly+
 Trp+Glc+TG+ALB;0.759,252.743,1+ALB+ALT+Tyr+Val+Trp;0.759,25

2.020, 1+ALB+ALT+BHBA+His+Orn; 0.759, 250.349, 1+ALB+AST+ALT+T-BIL+Lys; 0.759, 254.725, 1+Ala+Gly+Arg+TG+ALB; 0.759, 253.247, 1+ALB+3MeHis+Arg+Orn+Lys; 0.759, 249.164, 1+ALB+ALT+Asp+Lys+Val; 0.759, 253.019, 1+ALB+AST+T-BIL+Arg+Orn; 0.759, 253.884, 1+ALB+A ST+T-BIL+Orn+Ile; 0.759, 252.642, 1+ALB+AST+Arg+Lys + Tyr; 0.759, 253.006, 1+Trp+Glc+TCHO+AST+ALB; 0.759, 251.410, 1+Trp+TCHO+ALT+AST+ALB; 0.759, 251.738, 1+ALB+ALT+gGT+NEFA+Arg; 0.759, 252.553, 1+ALB+AST+His+Thr+Orn; 0.759, 252.155, 1+ALB+AST+3MeHis+Lys+Va 1; 0.759, 252.850, 1+ALB+3MeHis+Lys+Val+Trp; 0.759, 251.849, 1+Al a+BCAA+Arg+ALT+ALB; 0.759, 251.843, 1+Ala+Arg+TG+ALT+ALB; 0.759, 251.129, 1+ALB+ALT+Glc+Thr+Lys; 0.759, 248.334, 1+ALB+AST+ALT+A sp+Lys; 0.759, 253.311, 1+ALB+AST+His+Orn+Ile; 0.759, 251.454, 1+ALB+AST+3MeHis+Orn+Lys; 0.759, 250.512, 1+Lys+ALT+AST+ALB+TP; 0.759, 251.907, 1+ALB+ALT+BHBA+Glc+Arg; 0.759, 251.900, 1+ALB+ALT+ T-BIL+Glc+Arg; 0.759, 251.407, 1+ALB+ALT+Arg+Tyr+Val; 0.759, 252.616, 1+ALB+AST+Glc+Orn+Lys; 0.759, 254.466, 1+ALB+AST+BHBA+Orn+ Ile; 0.759, 251.374, 1+ALB+ALT+T-BIL+BHBA+Lys; 0.759, 251.737, 1+ ALB+AST+NEFA+Glc+Lys; 0.759, 253.249, 1+Trp+ALT+ALB+NEFA+BHBA; 0.759, 253.249, 1+Trp+ALT+gGT+ALB+NEFA; 0.759, 250.609, 1+ALB+AL T+Arg+Asp+Tyr; 0.759, 251.398, 1+ALB+ALT+gGT+BHBA+Lys; 0.759, 25 1.371, 1+ALB+ALT+T-BIL+Thr+Lys; 0.759, 252.947, 1+ALB+AST+Orn+L ys+Va1; 0.759, 249.741, 1+ALB+AST+ALT+Arg+Asp; 0.759, 252.686, 1+ Trp+TCHO+TG+ALT+ALB; 0.759, 250.162, 1+ALB+ALT+NEFA+Asp+Trp; 0.759, 251.973, 1+ALB+ALT+NEFA+His+Orn; 0.759, 251.126, 1+ALB+ALT+ gGT+Glc+Lys; 0.759, 251.625, 1+ALB+AST+ALT+NEFA+Orn; 0.759, 251.447, 1+Ala+Lys+TG+ALT+ALB; 0.759, 251.904, 1+Trp+TG+ALT+AST+AL B; 0.759, 251.745, 1+BCAA+Trp+ALT+AST+ALB; 0.759, 253.548, 1+Ala+ Trp+AST+ALB+TP; 0.759, 250.514, 1+ALB+AST+ALT+BHBA+Lys; 0.759, 2 50.486, 1+ALB+AST+3MeHis+Arg+Asp; 0.759, 252.687, 1+Trp+TCHO+AL T+ALB+BHBA; 0.759, 250.571, 1+ALB+Ca+ALT+Lys+Ile; 0.759, 250.017, 1+Lys+TCHO+ALT+AST+ALB; 0.759, 252.940, 1+ALB+AST+Thr+Orn+Lys; 0.759, 252.018, 1+ALB+ALT+His+Orn+Ile; 0.759, 253.290, 1+ALB+AST +gGT+His+Orn; 0.759, 253.283, 1+ALB+AST+BHBA+His+Orn; 0.759, 250.167, 1+ALB+ALT+Asp+Tyr+Trp; 0.759, 249.068, 1+ALB+ALT+Asp+Lys+T yr; 0.759, 252.980, 1+ALB+AST+Orn+Lys+Phe; 0.759, 251.335, 1+ALB+ AST+ALT+3MeHis+Orn; 0.759, 250.298, 1+ALB+AST+ALT+Glc+Lys; 0.75 9, 253.381, 1+ALB+gGT+NEFA+His+Lys; 0.759, 251.743, 1+ALB+Ca+ALT +gGT+Arg; 0.759, 251.820, 1+ALB+AST+3MeHis+Arg+Orn; 0.759, 251.4 47, 1+Ala+Lys+ALT+gGT+ALB; 0.759, 252.957, 1+ALB+AST+BHBA+Arg+L ys; 0.759, 252.965, 1+ALB+AST+BHBA+Orn+Lys; 0.759, 250.579, 1+BCA A+Lys+ALT+AST+ALB; 0.759, 251.747, 1+ALB+Ca+ALT+Glc+Arg; 0.759, 254.461, 1+ALB+3MeHis+Lys+Tyr+Phe; 0.759, 251.451, 1+Ala+Lys+Th r+ALT+ALB; 0.759, 251.446, 1+ALB+ALT+Lys+Tyr+Val; 0.759, 251.375, 1+ALB+ALT+gGT+T-BIL+Lys; 0.759, 252.687, 1+Trp+TCHO+ALT+ALB+NE FA; 0.759, 253.989, 1+ALB+3MeHis+Orn+Lys+Tyr; 0.759, 254.310, 1+A LB+3MeHis+Lys+Val+Phe; 0.759, 251.114, 1+ALB+ALT+His+Thr+Orn; 0.759, 251.397, 1+ALB+ALT+BHBA+Thr+Lys; 0.759, 251.341, 1+BCAA+Lys +ALT+ALB+TP; 0.759, 253.260, 1+Ala+Trp+Glc+AST+ALB; 0.758, 251.1 19, 1+ALB+Ca+ALT+NEFA+Lys; 0.758, 252.597, 1+Gly+Trp+ALT+ALB+C a; 0.758, 251.763, 1+ALB+Ca+ALT+NEFA+Arg; 0.758, 253.004, 1+ALB+A ST+Arg+Lys+Phe; 0.758, 251.955, 1+ALB+BUN+AST+T-BIL+Orn; 0.758, 254.029, 1+ALB+AST+gGT+T-BIL+Orn; 0.758, 251.988, 1+ALB+AST+gGT +NEFA+Lys; 0.758, 252.057, 1+ALB+Ca+AST+NEFA+Lys; 0.758, 252.693, 1+Trp+TCHO+ALT+gGT+ALB; 0.758, 252.258, 1+ALB+AST+NEFA+Arg+As p; 0.758, 251.799, 1+Trp+ALT+AST+gGT+ALB; 0.758, 251.671, 1+ALB+A ST+ALT+Orn+Ile; 0.758, 250.620, 1+Ala+Lys+ALT+AST+ALB; 0.758, 25 1.107, 1+ALB+Ca+ALT+Glc+Lys; 0.758, 251.876, 1+Ala+Arg+Glc+ALT+ ALB; 0.758, 253.7 62, 1+ALB+AST+Orn+Tyr+Phe; 0.758, 253.548, 1 + Trp +AST+ALB+TP+NEFA; 0.758, 252.128, 1+ALB+AST+3MeHis+Lys+Phe; 0.7 58, 252.595, 1+ALB+ALT+NEFA+3MeHis+Orn; 0.758, 254.403, 1+ALB+BU N+Thr+Orn+Ile; 0.758, 252.006, 1+ALB+ALT+gGT+His+Orn; 0.758, 251.452, 1+ALB+ALT+gGT+Thr+Lys; 0.758, 251.755, 1+ALB+AST+Arg+Asp+L ys; 0.758, 254.431, 1+ALB+Ca+AST+Orn+Ile; 0.758, 252.928, 1+BCAA+ Trp+ALT+ALB+Ca; 0.758, 254.442, 1+ALB+AST+gGT+Orn+Ile; 0.758, 25 1.410, 1+Ala+BCAA+Lys+ALT+ALB; 0.758, 253.137, 1+Ala+Trp+AST+AL B+NEFA; 0.758, 251.736, 1+ALB+AST+ALT + Tyr+Trp; 0.758, 251.526, 1 + ALB+AST+ALT+Thr+Orn; 0.758, 253.654, 1+Ala+Trp+TG+AST+ALB; 0.75 8, 250.624, 1+ALB+AST+ALT+Lys+Va1; 0.758, 250.623, 1+Lys+TG+ALT+ AST+ALB; 0.758, 255.557, 1+Gly+Trp+Glc+gGT+ALB; 0.758, 252.989, 1 +ALB+AST+Arg+Thr+Lys; 0.758, 250.568, 1+ALB+AST+ALT+gGT+Lys; 0.758, 253.661, 1+ALB+AST+NEFA+Orn+Tyr; 0.758, 251.458, 1+ALB+AST+

Asp+Val+Trp;0.758,252.667,1+ALB+AST+NEFA+Orn+Phe;0.758,252.
 044,1+ALB+BUN+AST+NEFA+Orn;0.758,250.626,1+ALB+AST+ALT+Thr+
 Lys;0.758,253.103,1+ALB+AST+His+Lys+Ile;0.758,254.220,1+ALB
 +AST+Glc+Orn+Ile;0.758,252.999,1+ALB+AST+Glc+His+Orn;0.758,
 5 253.652,1+Ala+BCAA+Trp+AST+ALB;0.758,250.619,1+ALB+AST+ALT+
 Lys+Tyr;0.758,251.867,1+ALB+Ca+ALT+T-BIL+Arg;0.758,253.270,
 1+ALB+Ca+AST+His+Orn;0.758,251.492,1+ALB+AST+Asp+Phe+Trp;0.
 758,253.962,1+ALB+NEFA+3MeHis+Lys+Phe;0.758,253.511,1+ALB+A ST+Arg+Thr+Orn; 0.758,252.973,
 1+ALB+AST+gGT+Orn+Lys; 0.758,25 3.612,1+Ala+Trp+AST+ALB+BHBA;0.758,251.904,1+ALB+BUN+AST+3M
 10 eHis+Orn; 0.758,252.254,1+ALB+AST + T-BIL+Glc+Lys ; 0.758,253.74
 3,1+Trp+Glc+TG+AST+ALB;0.758,252.234,1+ALB+AST+3MeHis+Lys+T
 yr;0.758,254.850,1+ALB+3MeHis+Orn+Val+Phe;0.758,253.973,1+A LB+AST+T-
 BIL+Thr+Orn;0.758,252.341,1+ALB+ALT+Thr+Orn+Ile;0.
 758,253.600,1+ALB+AST+NEFA+BHBA+Orn;0.758,253.513,1+ALB+AST
 15 +NEFA+Thr+Orn;0.758,253.376,1+ALB+AST+gGT+Lys+Ile;0.757,253. 915,1+ALB+AST+T-
 BIL+BHBA+Orn;0.757,253.553,1+ALB+AST+gGT+NE FA+Orn; 0.757,251.905, 1+Trp+ALT+AST+ALB+Ca;
 0.757,253.095,1+A la+Trp+TCHO+AST+ALB;0.757,251.846,1+ALB+Ca+ALT+BHBA+Arg;0.7
 57,252.568,1+ALB+ALT+3MeHis+Orn+Va1;0.757,253.563,1+ALB+AST
 +BHBA+Arg+Orn;0.757,252.787,1+ALB+AST+Glc+His+Lys;0.757,253.
 20 235,1+ALB+AST+BHBA+His+Lys;0.757,253.092,1+ALB+AST+NEFA+3Me
 His+Orn;0.757,252.076,1+ALB+AST+NEFA+Asp+Orn;0.757,249.920,
 1+ALB+AST+ALT+Asp+Orn;0.757,253.985,1+Trp+TG+AST+ALB+TP;0.7 57,252.867,1+ALB+AST+T-
 BIL+Thr+Lys;0.757,253.663,1+ALB+AST+ NEFA+T-BIL+Orn;0.757,251.571,1+ALB+AST+Asp+Orn+Lys;0.757,25
 3.652,1+ALB+AST+NEFA+Orn+Val;0.757,252.931,1+ALB+AST+T-BIL+
 25 BHBA+Lys;0.757,251.340,1+ALB+Ca+ALT+T-BIL+Lys;0.757,253.634, 1+ALB+AST+T-
 BIL+Glc+Orn;0.757,254.468,1+ALB+AST+gGT+Thr+Or
 n;0.757,253.588,1+Ala+Trp+AST+gGT+ALB;0.757,252.654,1+Trp+T
 CHO+ALT+ALB+Ca;0.757,252.338,1+ALB+ALT+Glc+Thr+Orn;0.757,25
 2.742,1+ALB+ALT+NEFA+Thr+Orn;0.757,251.725,1+ALB+AST+ALT+T-BIL+Orn; 0.757,253.464, 1 +
 30 Trp+TCHO+AST+ALB+TP; 0.757,251.944,1 +ALB+Ca+ALT+His+Orn;0.757,254.991,1+Ala+Trp+Glc+TCHO+ALB;0.
 757,253.383,1+ALB+AST+Arg+Orn+Phe;0.757,252.342,1+ALB+BUN+A
 ST+Thr+Orn;0.757,253.359,1+ALB+AST+BHBA+Lys+Ile;0.757,253.8
 91,1+Trp+AST+ALB+TP+BHBA;0.757,250.770,1+ALB+AST+3MeHis+Asp
 +Orn;0.757,252.673,1+ALB+BUN+AST+BHBA+Orn;0.757,254.476,1+A
 35 LB+AST+BHBA+Thr+Orn;0.757,251.353,1+ALB+Ca+ALT+BHBA+Lys;0.7
 57,252.723,1+ALB+ALT+BHBA+Thr+Orn;0.757,252.446,1+ALB+AST+3
 MeHis+Orn+Phe;0.757,253.588,1+Trp+Glc+AST+ALB+TP;0.757,253.
 373,1+ALB+AST+NEFA+Glc+Orn;0.757,253.904,1+BCAA+Trp+AST+ALB
 +TP;0.757,253.533,1+ALB+Ca+AST+Arg+Orn;0.757,253.162,1+ALB+
 40 AST+NEFA+Arg+Thr;0.757,254.044,1+ALB+Ca+AST+T-BIL+Orn;0.757,
 253.938,1+ALB+AST+Orn+Val+Phe;0.757,251.778,1+ALB+AST+ALT+B
 HBA+Orn;0.757,253.829,1+Gly+Trp+Glc+TCHO+ALB;0.757,251.567,
 1+ALB+AST+ALT+Glc+Orn;0.757,251.718,1+ALB+AST+ALT+Orn+Val;0.
 756,253.539,1+Ala+Trp+AST+ALB+Ca;0.756,252.861,1+ALB+AST+G1
 45 c+Lys+Ile;0.756,256.041,1+ALB+NEFA+Orn+Val+Phe;0.756,251.73
 4,1+ALB+AST+ALT+gGT+Orn;0.756,256.218,1+Ala+Trp+Glc+ALB+NEF
 A;0.756,253.640,1+ALB+Ca+AST+NEFA+Orn;0.756,252.460,1+ALB+B
 UN+ALT+NEFA+Va1;0.756,250.986,1+ALB+ALT+NEFA+Asp+Orn;0.756,
 252.607,1+ALB+BUN+AST+Glc+Orn;0.756,254.610,1+ALB+AST+gGT+B
 50 HBA+Orn;0.756,253.410,1+ALB+AST+Glc+Arg+Orn;0.756,253.667,1
 +Trp+Glc+AST+gGT+ALB;0.756,253.922,1+Trp+AST+gGT+ALB+TP;0.7
 56,252.734,1+ALB+AST+Glc+Arg+Lys;0.756,251.415,1+ALB+Ca+ALT
 +gGT+Lys;0.756,251.420,1+ALB+Ca+ALT+Thr+Lys;0.756,251.986,1
 +ALB+BUN+AST+ALT+Val;0.756,256.074,1+Gly+BCAA+Trp+TG+ALB;0.
 756,254.383,1+ALB+AST+gGT+Glc+Orn;0.756,251.646,1+ALB+AST+A
 55 LT+Orn+Tyr;0.756,253.451,1+ALB+AST+3MeHis+Orn+Val;0.756,250.
 587,1+ALB+Ca+AST+ALT+Lys;0.756,252.946,1+ALB+Ca+AST+Orn+Ly s ;
 0.756,253.652,1+BCAA+Trp+Glc+AST+ALB; 0.756,253.644, 1 + Trp+ TCHO+TG+AST+ALB; 0.756,
 253.362,1+ALB+Ca+AST+His+Lys; 0.756, 25
 60 2.045,1+BCAA+TCHO+ALT+ALB+BUN;0.756,250.993,1+ALB+ALT+Asp+O
 rn+Tyr;0.755,253.504,1+BCAA+Trp+TCHO+AST+ALB;0.755,251.742,
 1+ALB+Ca+AST+ALT+Orn;0.755,252.567,1+BCAA+TG+ALT+ALB+BUN;0.
 755,254.328,1+ALB+AST+BHBA+Glc+Orn;0.755,254.043,1+ALB+AST+
 BHBA+Thr+Lys;0.755,253.924,1+Trp+AST+ALB+TP+Ca;0.755,252.72 7,1+ALB+ALT+T-
 65 BIL+Thr+Orn;0.755,252.723,1+ALB+ALT+gGT+Thr+O
 rn;0.755,250.837,1+ALB+ALT+Asp+Orn+Val;0.755,252.621,1+BCAA

- +ALT+ALB+BUN+NEFA;0.755,252.564,1+BCAA+Glc+ALT+ALB+BUN;0.75 5,253.572,1+ALB+BUN+ALT+T-BIL+Ile;0.755,252.514,1+Gly+BCAA+ ALT+ALB+BUN;0.755,256.043,1+Gly+BCAA+Trp+gGT+ALB;0.755,251.948,1+ALB+AST+Asp+Lys+Tyr;0.755,252.718,1+ALB+Ca+ALT+Thr+Orn;0.755,256.480,1+Ala+BCAA+Trp+Glc+ALB;0.755,254.106,1+BCAA+Trp+TG+AST+ALB;0.755,254.602,1+ALB+Ca+AST+BHBA+Orn;0.755,252.631,1+BCAA+ALT+gGT+ALB+BUN;0.755,256.109,1+Gly+Trp+TG+gGT+ALB;0.755,252.334,1+BCAA+ALT+ALB+BUN+BHBA;0.755,254.085,1+Trp+TG+AST+gGT+ALB;0.755,254.450,1+ALB+Ca+AST+Thr+Orn;0.755,254.109,1+ALB+AST+Glc+Thr+Orn;0.755,256.483,1+Ala+Trp+Glc + TG+ALB;0.755,254.334,1+ALB+Ca+AST+Glc+Orn; 0.754,252.123, 1 + ALB+AST+Asp+Lys+Val;0.754,255.204,1+BCAA+Trp+Glc+TCHO+ALB;0.754,253.524,1+Trp+TCHO+AST+gGT+ALB;0.754,254.594,1+ALB+Ca+AST+gGT+Orn;0.754,255.411,1+Ala+Trp+TCHO+ALB+NEFA;0.754,255.536,1+Ala+Gly+BCAA+ALB+BUN;0.754,253.988,1+BCAA+Trp+AST+gGT+ALB;0.754,256.295,1+Ala+Trp+Glc+gGT+ALB;0.753,255.778,1+Ala+Trp+TCHO+TG+ALB;0.753,252.181,1+BCAA+ALT+AST+ALB+BUN;0.753,254.617,1+Gly+BCAA+Trp+TCHO+ALB;0.753,256.731,1+Ala+Trp+TG+ALB+NEFA;0.753,254.746,1+Gly+Trp+TCHO+TG+ALB;0.753,254.779,1+Gly+Trp+TCHO+gGT+ALB;0.753,255.708,1+Ala+BCAA+Trp+TCHO+ ALB; 0.753,256.706,1+Ala+BCAA+Trp+ALB+NEFA; 0.752,255.725, 1+Ala+Trp+TCHO+gGT+ALB;0.751,256.912,1+Ala+BCAA+Trp+TG+ALB;0.751,254.297,1+Gly+BCAA+ALT+AST+ALB;0.750,256.799,1+Ala+Trp+TG+gGT+ALB;0.750,254.642,1+Ala+Gly+AST+ALB+BUN;0.750,256.784,1+Ala+BCAA+Trp+gGT+ALB;0.750,256.660,1+BCAA+Trp+Glc+gGT+ALB;0.749,257.065,1+Ala+Gly+TG+ALB+BUN;0.749,256.040,1+BCAA+Trp+TCHO+TG+ALB;0.749,254.857,1+Ala+BCAA+AST+ALB+BUN;0.749,254.655,1+BCAA+Glc+TCHO+ALT+ALB;0.748,255.212,1+Gly+BCAA+TG+ALT+ALB;0.748,255.092,1+Gly+BCAA+Glc+ALT+ALB;0.748,259.526,1+Ala+Gly+BCAA+Glc+ALB;0.748,255.433,1+Ala+Gly+TCHO+ALB+BUN, - 0.748,254.368,1+Gly+BCAA+TCHO+ALT+ALB; 0.748,256.783, 1+Ala+Gly+gGT+ALB+BUN;0.748,255.616,1+BCAA+Glc+TG+ALT+ALB;0.748,257.176,1+Gly+BCAA+Glc+AST+ALB;0.748,255.265,1+Gly+BCAA+ALT+gGT+ALB;0.747,257.484,1+Gly+BCAA+TG+AST+ALB;0.747,254.308,1+BCAA+TCHO+ALT+AST+ALB;0.747,257.414,1+Gly+BCAA+AST+gGT+ALB;0.746,256.171,1+Gly+Glc+ALT+ALB+BUN;0.746,254.952,1+BCAA+TCHO+TG+ALT+ALB;0.746,255.764,1+BCAA+TG+ALT+gGT+ALB;0.746,256.284,1+Gly+BCAA+TCHO+AST+ALB;0.746,255.609,1+BCAA+Glc+ALT+gGT+ALB;0.746,255.009,1+BCAA+ALT+AST+gGT+ALB;0.746,259.731,1+Ala+Gly+BCAA+TG+ALB;0.746,255.033,1+BCAA+TG+ALT+AST+ALB;0.746,254.944,1+BCAA+TCHO+ALT+gGT+ALB;0.746,256.864,1+Ala+BCAA+Glc+ALB+BUN; 0.746, 256.177, 1+Gly+ALT+gGT+ALB+BUN; 0.746, 254.995,1+Gly+BCAA+AST+ALB+BUN;0.745,256.882,1+Ala+BCAA+TG+ALB+BUN;0.745,258.532,1+Ala+Gly+TG+AST+ALB;0.745,254.880,1+BCAA+Glc+ALT+AST+ALB;0.745,259.507,1+Ala+Gly+BCAA+gGT+ALB;0.745,258.539,1+Ala+Gly+AST+gGT+ALB;0.745,255.582,1+Ala+BCAA+TCHO+ALB+BUN;0.744,255.771,1+BCAA+AST+gGT+ALB+BUN;0.744,255.804,1+BCAA+TG+AST+ALB+BUN;0.744,258.470,1+Ala+Gly+Glc+AST+ALB;0.743,257.325,1+Ala+Gly+BCAA+TCHO+ALB;0.743,255.656,1+Gly+TCHO+ALT+ALB+BUN;0.743,255.636,1+BCAA+Glc+AST+ALB+BUN;0.743,256.662,1+Ala+BCAA+gGT+ALB+BUN;0.742,257.330,1+Ala+Gly+TCHO+AST+ALB;0.741,256.790,1+Ala+TCHO+AST+ALB+BUN;0.740,257.447,1+Ala+AST+gGT+ALB+BUN;0.739,258.925,1+Ala+BCAA+AST+gGT+ALB;0.738,257.394,1+Ala+TG+AST+ALB+BUN;0.738,258.898,1+Ala+BCAA+TG+AST+ALB;0.738,258.252,1+Ala+Glc+TCHO+ALB+BUN;0.737,258.693,1+Ala+BCAA+Glc+AST+ALB
- [415. Fórmula (con seis variables de aminoácido+bioquímica) con precisión diagnóstica mejorada mediante la adición de un término de paridad] 0.786,247.898,1+BCAA+Trp+Phe+ALT+ALB+BUN;0.786,248.158,1+ALB+BUN+ALT+Tyr+Phe+Trp;0.783,247.116,1+Trp+Phe+His+ALT+ALB+BUN;0.783,249.774,1+BCAA+Trp+Lys+Phe+ALB+BUN;0.783,249.719,1+Ala+Trp+Phe+His+ALB+BUN;0.783,248.348,1+ALB+BUN+ALT+Val+Phe+Trp;0.782,248.330,1+Ala+Trp+Lys+His+ALB+BUN;0.782,246.647,1+Lys+Phe+His+ALT+ALB+BUN;0.782,247.427,1+BCAA+Lys+Phe+ALT+ALB+BUN;0.782,248.542,1+Trp+Lys+His+ALB+BUN+TP;0.781,249.098,1+ALB+BUN+ALT+Orn+Tyr+Phe;0.781,248.138,1+Lys+Phe+Tyr+ALT+ALB+BUN;0.781,247.887,1+ALB+BUN+ALT+Lys+Phe+Trp;0.781,248.679,1+Trp+Thr+Phe+ALT+ALB+BUN;0.781,248.901,1+ALB+BUN+ALT+A

rg+Tyr+Phe;0.781,247.859,1+Arg+Phe+His+ALT+ALB+BUN;0.780,24
 8.772,1+Trp+Phe+ALT+gGT+ALB+BUN;0.780,246.798,1+Trp+Phe+ALT
 +ALB+BUN;0.780,248.715,1+Trp+Phe+Glc+ALT+ALB+BUN;0.780,248.
 606,1+Trp+Phe+TG+ALT+ALB+BUN;0.780,248.788,1+ALB+BUN+ALT+NE
 5 FA+Phe+Trp;0.780,249.831,1+Ala+BCAA+Trp+Lys+ALB+BUN;0.780,2
 49.482,1+Gly+BCAA+Trp+Lys+ALB+BUN;0.780,248.515,1+Gly+Trp+P
 he+ALT+ALB+BUN;0.779,248.731,1+Trp+Phe+ALT+ALB+BUN+Ca;0.779,
 249.720,1+Gly+BCAA+Phe+ALT+ALB+BUN;0.779,247.579,1+BCAA+Trp
 +Lys+ALT+ALB+BUN;0.779,248.460,1+Trp+Phe+TCHO+ALT+ALB+BUN;0.
 10 779,248.701,1+Trp+Phe+ALT+ALB+BUN+BHBA;0.779,248.020,1+ALB+
 BUN+ALT+Lys+Val+Phe;0.779,250.509,1+BCAA+Trp+Lys+TG+ALB+BU N ;
 0.779,246.967,1+Trp+Lys+His+ALT+ALB+BUN; 0.779,250.212,1+B
 CAA+Trp+Lys+Glc+ALB+BUN;0.779,250.273,1+BCAA+Trp+Lys+ALB+BU
 N+NEFA;0.779,250.815,1+ALB+BUN+Lys+Val+Phe+Trp;0.779,250.24
 15 2,1+BCAA+Trp+Arg+Lys+ALB+BUN;0.779,251.505,1+ALB+BUN+Arg+Ty
 r+Phe+Trp;0.779,251.625,1+Ala+Trp+Phe+Tyr+ALB+BUN;0.778,251.
 598,1+Ala+BCAA+Trp+Phe+ALB+BUN;0.778,248.871,1+Gly+Phe+His+
 ALT+ALB+BUN;0.778,250.695,1+Ala+Trp+Lys+Tyr+ALB+BUN;0.778,2
 48.374,1+ALB+BUN+ALT+Arg+Phe+Trp;0.778,248.556,1+ALB+BUN+AL
 20 T+Orn+Phe+Trp;0.778,247.930,1+ALB+BUN+ALT+Lys+Val+Trp;0.778,
 249.770,1+Gly+Phe+Tyr+ALT+ALB+BUN;0.778,248.164,1+Ala+Trp+L
 ys+ALT+ALB+BUN;0.778,249.080,1+ALB+BUN+ALT+Orn+Val+Phe;0.77
 8,249.178,1+ALB+BUN+ALT+Arg+Tyr+Trp;0.778,248.111,1+ALB+BUN
 +ALT+3MeHis+Lys+Phe;0.778,250.705,1+Lys+Phe+His+ALB+BUN+TP; 0.778,249.947,
 25 1+Gly+Phe+ALT+gGT+ALB+BUN; 0.778,248.514,1+BCA
 A+Trp+Lys+ALB+BUN;0.778,249.992,1+BCAA+Trp+Lys+ALB+BUN+TP;0.
 778,248.347,1+Trp+Lys+Tyr+ALT+ALB+BUN;0.778,248.347,1+ALB+B
 UN+ALT+Lys+Tyr+Trp;0.778,250.752,1+ALB+BUN+Lys+Tyr+Phe+Trp;
 0.778,249.790,1+Ala+Trp+Arg+His+ALB+BUN;0.778,250.512,1+BCA
 30 A+Trp+Lys+gGT+ALB+BUN;0.778,246.442,1+ALB+BUN+ALT+Asp+Lys+P he , -0.778,250.503,
 1+ALB+ALT+Arg+Tyr+Phe + Trp; 0.777,249.852,1 +
 ALB+BUN+Asp+Tyr+Phe+Trp;0.777,250.176,1+ALB+BUN+3MeHis+Lys+
 Val+Trp;0.777,248.223,1+Gly+Lys+Phe+ALT+ALB+BUN;0.777,248.2
 95,1+Trp+Lys+Glc+ALT+ALB+BUN;0.777,250.108,1+Ala+Gly+Lys+Hi
 35 s+ALB+BUN;0.777,249.244,1+BCAA+Trp+Arg+ALT+ALB+BUN;0.777,24
 7.960,1+Gly+Phe+ALT+ALB+BUN;0.777,248.785,1+BCAA+Trp+Lys+AS
 T+ALB+BUN;0.777,251.159,1+ALB+BUN+3MeHis+Lys+Val+Phe;0.777,
 246.045,1+ALB+BUN+ALT+Asp+Lys+Trp;0.777,250.189,1+Ala+Gly+T
 rp+His+ALB+BUN;0.777,248.265,1+Gly+Trp+Lys+ALT+ALB+BUN;0.77
 40 7,248.280,1+Trp+Lys+Thr+ALT+ALB+BUN;0.776,250.393,1+Ala+Gly
 +Trp+Lys+ALB+BUN;0.776,251.023,1+ALB+BUN+Lys+Tyr+Val+Trp;0.
 776,251.082,1+ALB+BUN+Orn+Lys+Val+Trp;0.776,248.481,1+Trp+L
 ys+ALT+gGT+ALB+BUN;0.776,249.550,1+Gly+Phe+TCHO+ALT+ALB+BU
 N;0.776,251.771,1+Ala+Trp+Arg+Tyr+ALB+BUN;0.776,248.377,1+A
 45 LB+BUN+AST+ALT+Phe+Trp;0.776,249.027,1+ALB+BUN+Asp+Lys+Val+
 Trp;0.776,250.804,1+ALB+BUN+His+Arg+Lys+Ile;0.776,249.395,1
 +ALB+BUN+ALT+Arg+Val+Trp;0.776,248.095,1+Ala+Lys+His+ALT+AL
 B+BUN;0.776,250.433,1+BCAA+Trp+Lys+Thr+ALB+BUN;0.776,249.28
 4,1+ALB+BUN+ALT+3MeHis+Arg+Trp;0.776,248.253,1+ALB+BUN+ALT+
 50 Arg+Lys+Trp;0.776,248.492,1+ALB+BUN+ALT+Arg+Lys+Phe;0.776,2
 48.546,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Lys+Phe;0.776,249.168,1+Trp+Arg+T
 G+ALT+ALB+BUN;0.776,247.435,1+ALB+BUN+ALT+Arg+Asp+Trp;0.776,
 251.380,1+Ala+Gly+Trp+Phe+ALB+BUN;0.776,249.485,1+ALB+BUN+A
 LT+Arg+Val+Phe;0.776,251.019,1+ALB+BUN+Arg+Lys+Val+Trp;0.77
 55 6,248.442,1+Trp+Lys+ALT+ALB+BUN+BHBA;0.776,251.743,1+ALB+BU
 N+His+Thr+Lys+Ile;0.776,249.352,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Arg+Trp;
 0.776,248.420,1+Trp+Lys+TG+ALT+ALB+BUN;0.775,249.403,1+ALB+
 BUN+ALT+Arg+Orn+Trp;0.775,250.879,1+ALB+BUN+NEFA+Lys+Val+Tr p ; 0.775,249.076,
 1+Gly+Trp+Arg+ALT+ALB+BUN; 0.775,250.874,1+A
 60 LB+BUN+Arg+Lys+Tyr+Trp;0.775,252.372,1+ALB+BUN+NEFA+Tyr+Phe +
 Trp;0.775,248.607,1+Lys+Phe+ALT+gGT+ALB+BUN;0.775,248.040,
 1+ALB+BUN+3MeHis+Asp+Lys+Trp;0.775,247.451,1+Trp+Arg+ALT+AL
 B+BUN;0.775,249.451,1+Trp+Arg+ALT+ALB+BUN+BHBA;0.775,248.34
 2,1+ALB+BUN+ALT+3MeHis+Lys+Trp;0.775,248.355,1+ALB+BUN+ALT+ T-
 65 BIL+His+Lys;0.775,249.467,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Arg+Phe;0.77
 5,249.451,1+Trp+Arg+ALT+gGT+ALB+BUN;0.775,249.560,1+ALB+BUN

+ALT+NEFA+Orn+Phe;0.775,250.678,1+Ala+Trp+Lys+Thr+ALB+BUN;0.775,248.503,1+ALB+BUN+ALT+Orn+Lys+Trp;0.775,249.393,1+ALB+BUN+AST+Lys+Val+Trp;0.775,249.355,1+Trp+Arg+Glc+ALT+ALB+BUN;0.775,250.723,1+ALB+BUN+NEFA+His+Lys+Ile;0.775,247.723,1+ALB+BUN+ALT+Asp+Orn+Trp;0.775,247.581,1+ALB+BUN+ALT+Arg+Lys+Ile;0.775,251.758,1+ALB+BUN+NEFA+Lys+Tyr+Phe;0.775,248.616,1+ALB+BUN+ALT+Orn+Lys+Phe;0.775,246.510,1+Trp+Lys+ALT+ALB+BUN;0.775,247.731,1+ALB+BUN+ALT+His+Arg+Lys;0.775,248.089,1+Trp+Lys+TCHO+ALT+ALB+BUN;0.775,249.353,1+ALB+BUN+ALT+Arg+Orn+Phe;0.775,250.082,1+ALB+BUN+AST+ALT+Tyr+Phe;0.775,248.528,1+ALB+BUN+Asp+Lys+Tyr+Trp;0.775,251.747,1+ALB+BUN+Orn+Tyr+Phe+Trp;0.775,252.246,1+Ala+Trp+Thr+Phe+ALB+BUN;0.775,248.488,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Lys+Trp;0.775,251.213,1+Ala+Gly+Trp+Arg+ALB+BUN;0.775,251.210,1+Ala+Trp+Lys+Glc+ALB+BUN;0.775,250.853,1+ALB+BUN+3MeHis+Lys+Tyr+Trp;0.775,251.963,1+ALB+BUN+Orn+Val+Phe+Trp;0.774,251.911,1+Ala+Gly+Trp+ALB+BUN+NEFA;0.774,250.539,1+ALB+BUN+T-BIL+His+Lys+Ile;0.774,251.201,1+Ala+Trp+Lys+ALB+BUN+TP;0.774,247.908,1+ALB+BUN+ALT+Asp+Tyr+Trp;0.774,248.332,1+ALB+BUN+ALT+His+Lys+Ile;0.774,248.624,1+ALB+BUN+ALT+Thr+Lys+Ile;0.774,248.804,1+ALB+BUN+ALT+gGT+Lys+Ile;0.774,249.054,1+Trp+Arg+TCHO+ALT+ALB+BUN;0.774,251.407,1+Ala+Trp+Lys+TG+ALB+BUN;0.774,251.733,1+ALB+BUN+3MeHis+Lys+Tyr+Phe;0.774,249.550,1+ALB+BUN+Asp+Orn+Lys+Trp;0.774,251.934,1+ALB+BUN+Arg+Thr+Lys+Ile;0.774,251.185,1+ALB+BUN+T-BIL+Arg+Lys+Ile;0.774,252.690,1+ALB+BUN+Tyr+Val+Phe+Trp;0.774,251.883,1+ALB+BUN+NEFA+Lys+Val+Phe;0.774,247.826,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Asp+Trp;0.774,253.101,1+Ala+Gly+BCAA+Trp+Lys+ALB;0.774,248.477,1+ALB+BUN+ALT+Glc+His+Lys;0.774,250.779,1+ALB+BUN+Asp+Lys+Tyr+Phe;0.774,249.236,1+ALB+BUN+AST+ALT+Arg+Phe;0.774,250.684,1+Ala+Trp+Lys+TCHO+ALB+BUN;0.774,251.627,1+Ala+Gly+BCAA+Lys+ALB+BUN;0.774,248.540,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+His+Lys;0.774,251.371,1+Ala+Trp+Lys+Phe+ALB+BUN;0.774,248.699,1+ALB+BUN+3MeHis+Asp+Lys+Phe;0.774,250.400,1+ALB+BUN+T-BIL+Glc+His+Lys;0.774,250.948,1+ALB+BUN+NEFA+Arg+Lys+Ile;0.774,248.412,1+ALB+BUN+ALT+BHBA+His+Lys;0.774,248.837,1+Ala+Gly+Lys+ALT+ALB+BUN;0.774,248.701,1+ALB+BUN+ALT+gGT+His+Lys;0.773,250.801,1+ALB+BUN+AST+Tyr+Phe+Trp;0.773,251.312,1+ALB+BUN+Orn+Lys+Tyr+Trp;0.773,248.573,1+ALB+BUN+ALT+His+Thr+Lys;0.773,250.219,1+ALB+BUN+ALT+Orn+Val+Trp;0.773,251.134,1+ALB+BUN+NEFA+Lys+Tyr+Trp;0.773,248.639,1+ALB+BUN+ALT+Orn+Lys+Ile;0.773,251.973,1+Ala+Gly+Trp+TG+ALB+BUN;0.773,250.177,1+ALB+BUN+ALT+Arg+Thr+Ile;0.773,249.411,1+Ala+Trp+Lys+ALB+BUN;0.773,252.302,1+ALB+BUN+3MeHis+Val+Phe+Trp;0.773,251.445,1+ALB+BUN+ALT+Orn+Tyr+Phe+Trp;0.773,252.447,1+Ala+Trp+Arg+Glc+ALB+BUN;0.773,247.942,1+ALB+BUN+ALT+Asp+Val+Trp;0.773,250.581,1+ALB+BUN+ALT+Arg+Lys+Tyr+Trp;0.773,248.453,1+Trp+Lys+ALT+ALB+BUN+Ca;0.773,252.854,1+ALB+BUN+NEFA+Val+Phe+Trp;0.773,248.285,1+ALB+BUN+AST+ALT+Lys+Phe;0.773,248.548,1+ALB+BUN+ALT+T-BIL+Lys+Ile;0.773,249.211,1+ALB+BUN+AST+ALT+Orn+Phe;0.773,251.319,1+Ala+Trp+Lys+ALB+BUN+BHBA;0.773,252.215,1+ALB+BUN+3MeHis+Tyr+Phe+Trp;0.773,251.078,1+Trp+Glc+TG+ALT+ALB+BUN;0.773,247.916,1+ALB+BUN+AST+ALT+Lys+Trp;0.773,250.442,1+ALB+BUN+AST+Arg+Tyr+Trp;0.773,248.652,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Lys+Ile;0.773,249.585,1+ALB+BUN+NEFA+Asp+Lys+Trp;0.773,252.566,1+Ala+Trp+Phe+TG+ALB+BUN;0.773,250.325,1+ALB+BUN+ALT+Orn+Tyr+Trp;0.773,248.618,1+ALB+BUN+ALT+Glc+Lys+Ile;0.773,249.550,1+ALB+BUN+ALT+Lys+Tyr+Trp;0.773,251.053,1+ALB+BUN+NEFA+His+Thr+Lys;0.773,249.705,1+ALB+BUN+Asp+Lys+Phe+Trp;0.773,250.980,1+ALB+BUN+Asp+Val+Phe+Trp;0.773,252.479,1+Ala+Trp+Phe+Glc+ALB+BUN;0.773,252.508,1+Ala+Trp+Arg+TG+ALB+BUN;0.773,250.577,1+Ala+Trp+Phe+ALB+BUN;0.773,251.152,1+ALB+BUN+gGT+NEFA+His+Lys;0.773,250.130,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Orn+Trp;0.773,250.887,1+ALB+BUN+T-BIL+His+Thr+Lys;0.773,250.297,1+ALB+BUN+ALT+3MeHis+Orn+Trp;0.773,248.072,1+ALB+BUN+3MeHis+Asp+Lys+Val;0.773,251.151,1+ALB+BUN+NEFA+3MeHis+Lys+Trp;0.773,251.982,1+Ala+Gly+Trp+Glc+ALB+BUN;0.773,252.069,1+Ala+Gly+Trp+Thr+ALB+BUN;0.773,249.645,1+ALB+BUN+Arg+Asp+Lys+Trp;0.773,250.707,1+ALB+BUN+Arg+Asp+Tyr+Trp;0.773,252.504,1+ALB+BUN+Arg+Val+Phe+Trp;0.77

3,248.684, 1+ALB+BUN+AST+ALT+Arg+Trp; 0.773,251.112, 1+ALB+BUN
 +His+Orn+Lys+Ile; 0.773,251.267, 1+Gly+Trp+Lys+AST+ALB+TP; 0.7
 73,251.385, 1+Ala+Trp+Lys+gGT+ALB+BUN; 0.773,248.416, 1+ALB+BU
 N+ALT+His+Orn+Lys; 0.773,249.630, 1+Ala+Trp+Lys+AST+ALB+BUN; 0.773,250.883, 1+ALB+BUN+NEFA+T-
 5 BIL+His+Lys; 0.773,250.412, 1+Ala+Trp+Arg+AST+ALB+BUN; 0.772,252.031, 1+Ala+BCAA+Trp+Arg+ALB+
 BUN; 0.772,251.241, 1+Ala+Trp+Lys+ALB+BUN+NEFA; 0.772,252.261,
 1+Ala+Gly+Lys+TG+ALB+BUN; 0.772,252.986, 1+Ala+BCAA+Trp+Glc+A
 LB+BUN; 0.772,251.374, 1+Ala+Trp+Arg+Lys+ALB+BUN; 0.772,252.29
 2, 1+Ala+Trp+Arg+Phe+ALB+BUN; 0.772,250.958, 1+ALB+BUN+3MeHis+ Arg+Lys + Trp; 0.772,246.891,
 10 1+ALB+BUN+ALT+Asp+Lys+Val; 0.772,251.682, 1+ALB+BUN+Glc+His+Thr+Lys; 0.772,251.600, 1+ALB+BUN+Ar
 g+Lys+Phe+Trp; 0.772,252.510, 1+Ala+Trp+Phe+gGT+ALB+BUN; 0.772,
 251.649, 1+ALB+BUN+Orn+Lys+Phe+Trp; 0.772,250.324, 1+ALB+AST+A
 LT+Arg+Tyr+Trp; 0.772,251.360, 1+Ala+Gly+Trp+Lys+AST+ALB; 0.77
 2,251.778, 1+ALB+ALT+NEFA+Arg+Tyr+Phe; 0.772,251.390, 1+ALB+AL
 15 T+Arg+Orn+Tyr+Trp; 0.772,249.446, 1+ALB+BUN+AST+3MeHis+Lys+Tr
 p; 0.772,252.541, 1+ALB+AST+Arg+Tyr+Phe+Trp; 0.772,252.496, 1+A
 la+Trp+Arg+ALB+BUN+TP; 0.772,250.260, 1+ALB+BUN+T-BIL+His+Arg
 +Lys; 0.772,252.058, 1+ALB+BUN+Arg+Orn+Lys+Ile; 0.772,250.283,
 1+ALB+BUN+NEFA+His+Arg+Lys; 0.772,250.804, 1+ALB+BUN+NEFA+Glc
 20 +His+Lys; 0.772,251.168, 1+ALB+BUN+3MeHis+Orn+Lys+Trp; 0.772,2
 48.744, 1+ALB+BUN+ALT+BHBA+Lys+Ile; 0.772,250.800, 1+Ala+Gly+T
 rp+Arg+AST+ALB; 0.772,251.178, 1+BCAA+Trp+TG+ALT+ALB+BUN; 0.772,250.930, 1+ALB+BUN+T-BIL+BHBA+His+Lys; 0.
 772,250.546, 1+Ala+Trp+Arg+ALB+BUN; 0.772,248.663, 1+ALB+BUN+A
 LT+3MeHis+Arg+Lys; 0.772,251.339, 1+ALB+BUN+His+Arg+Thr+Lys; 0.772,251.712, 1+ALB+BUN+T-
 25 BIL+Orn+Lys+Ile; 0.772,250.509, 1+ALB +BUN+T-BIL+His+Orn+Lys; 0.772,252.908, 1+ALB+BUN+Arg+Lys+Tyr+
 Phe; 0.772,250.979, 1+ALB+BUN+3MeHis+Lys+Phe+Trp; 0.772,253.09
 8, 1+Ala+BCAA+Trp+TG+ALB+BUN; 0.772,251.216, 1+ALB+BUN+Glc+His +Arg+Lys; 0.772,251.749, 1+ALB+BUN+T-
 BIL+BHBA+Lys+Ile; 0.772,251.888, 1+Ala+Gly+Arg+Lys+ALB+BUN; 0.772,249.255, 1+Trp+TG+ALT
 +ALB+BUN; 0.772,251.178, 1+BCAA+Trp+TG+ALT+ALB+BUN; 0.772,251.
 30 759, 1+Ala+Gly+BCAA+Trp+ALB+BUN; 0.772,248.970, 1+ALB+BUN+ALT+
 3MeHis+Lys+Val; 0.772,249.243, 1+ALB+BUN+ALT+3MeHis+Orn+Lys; 0.772,251.730, 1+ALB+BUN+NEFA+Thr+Lys
 + Ile; 0.772,252.410, 1+Ala+ Trp+Arg+Thr+ALB+BUN; 0.772,251.247, 1+Trp+TG+ALT+gGT+ALB+BUN;
 0.772,251.477, 1+ALB+BUN+NEFA+Lys+Phe+Trp; 0.772,252.545, 1+AL
 B+BUN+Thr+Orn+Lys+Ile; 0.772,249.250, 1+ALB+BUN+ALT+3MeHis+Ly
 35 s+Tyr; 0.772,247.886, 1+ALB+BUN+AST+Asp+Lys+Trp; 0.772,249.525,
 1+Trp+Lys+AST+ALB+BUN+TP; 0.772,248.788, 1+ALB+BUN+Ca+ALT+Lys +
 Ile; 0.772,253.177, 1+ALB+BUN+Lys+Tyr+Val+Phe; 0.772,251.227,
 1+Trp+Glc+ALT+gGT+ALB+BUN; 0.772,250.139, 1+Ala+Gly+Trp+ALB+B
 UN; 0.772,251.179, 1+ALB+BUN+ALT+NEFA+3MeHis+Trp; 0.772,246.84
 40 0, 1+ALB+BUN+ALT+Asp+Lys+Tyr; 0.772,250.701, 1+ALB+BUN+NEFA+Hi
 s+Orn+Lys; 0.772,251.047, 1+Ala+Gly+Lys+TCHO+ALB+BUN; 0.772,24
 8.412, 1+ALB+BUN+AST+ALT+Lys+Ile; 0.772,252.527, 1+ALB+BUN+Glc
 +Thr+Lys+Ile; 0.772,246.905, 1+ALB+BUN+ALT+Asp+Orn+Lys; 0.772,
 249.631, 1+ALB+BUN+ALT+His+Arg+Thr; 0.772,251.820, 1+ALB+BUN+T -
 45 BIL+Thr+Lys+Ile; 0.772,251.670, 1+ALB+BUN+Glc+His+Lys+Ile; 0.
 772,251.056, 1+ALB+BUN+NEFA+BHBA+His+Lys; 0.772,250.287, 1+Ala
 +Gly+Lys+ALB+BUN; 0.772,249.580, 1+ALB+BUN+3MeHis+Asp+Phe+Tr
 p; 0.772,250.000, 1+ALB+ALT+Arg+Asp+Tyr+Trp; 0.772,250.092, 1+A
 LB+BUN+ALT+His+Arg+Orn; 0.772,251.366, 1+ALB+BUN+T-BIL+Glc+Ly
 50 s+Ile; 0.772,247.276, 1+ALB+BUN+AST+ALT+Asp+Trp; 0.771,253.106,
 1+Ala+BCAA+Trp+Thr+ALB+BUN; 0.771,249.248, 1+ALB+BUN+ALT+NEFA
 +3MeHis+Lys; 0.771,249.829, 1+ALB+BUN+AST+T-BIL+Lys+Ile; 0.771,
 251.281, 1+Ala+Trp+Lys+ALB+BUN+Ca; 0.771,249.393, 1+Ala+Lys+TG
 +ALT+ALB+BUN; 0.771,251.586, 1+ALB+ALT+Arg+Tyr+Val+Trp; 0.771,
 55 251.648, 1+ALB+ALT+NEFA+Arg+Tyr+Trp; 0.771,251.852, 1+ALB+BUN+ gGT+T-
 BIL+Lys+Ile; 0.771,250.919, 1+ALB+BUN+gGT+T-BIL+His+Ly
 s; 0.771,249.061, 1+Ala+Arg+Lys+ALT+ALB+BUN; 0.771,253.100, 1+A
 la+Trp+Glc+TG+ALB+BUN; 0.771,249.313, 1+Ala+Lys+ALT+ALB+BUN+N
 EFA; 0.771,250.907, 1+Ala+Gly+Trp+Arg+ALT+ALB; 0.771,249.733, 1
 60 +Ala+Gly+Trp+AST+ALB+BUN; 0.771,249.955, 1+ALB+BUN+AST+NEFA+L
 ys+Ile; 0.771,252.466, 1+Ala+Trp+Arg+ALB+BUN+NEFA; 0.771,249.0
 69, 1+ALB+BUN+ALT+Arg+Lys+Val; 0.771,249.097, 1+ALB+BUN+ALT+Ar g+Lys + Tyr; 0.771,251.467,
 1+ALB+BUN+His + Thr+Orn+Lys; 0.771,252.169, 1+ALB+AST+NEFA+Arg+Tyr+Trp; 0.771,251.702, 1+Ala+Trp+Arg+
 TCHO+ALB+BUN; 0.771,253.060, 1+Ala+BCAA+Trp+ALB+BUN+BHBA; 0.77
 65 1,250.777, 1+Trp+Glc+TCHO+ALT+ALB+BUN; 0.771,248.669, 1+ALB+BU
 N+Ca+ALT+His+Lys; 0.771,248.351, 1+ALB+BUN+3MeHis+Asp+Lys+Ty

r;0.771,248.619,1+ALB+BUN+3MeHis+Asp+Orn+Lys;0.771,251.011,
 1+ALB+BUN+NEFA+Asp+Phe+Trp;0.771,247.016,1+ALB+BUN+ALT+Arg+
 Asp+Lys;0.771,249.347,1+ALB+BUN+ALT+T-BIL+Glc+Lys;0.771,248.
 817,1+BCAA+Arg+Lys+ALT+ALB+BUN;0.771,249.429,1+BCAA+Lys+Thr
 5 +ALT+ALB+BUN;0.771,251.194,1+ALB+BUN+Glc+His+Orn+Lys;0.771,
 252.155,1+ALB+BUN+BHBA+Arg+Lys+Ile;0.771,251.107,1+Ala+BCAA
 +Trp+ALB+BUN;0.771,251.733,1+ALB+BUN+NEFA+T-BIL+Lys+Ile;0.7
 71,252.997,1+ALB+BUN+3MeHis+Orn+Val+Phe;0.771,252.725,1+ALB
 +BUN+Arg+Tyr+Val+Trp;0.771,251.532,1+ALB+BUN+NEFA+Glc+Lys+I
 10 le;0.771,251.671,1+ALB+BUN+NEFA+Orn+Lys+Ile;0.771,252.039,1
 +ALB+AST+Arg+Orn+Tyr+Trp;0.771,252.127,1+ALB+BUN+3MeHis+Orn
 +Phe+Trp;0.771,252.112,1+Ala+Gly+Trp+ALB+BUN+BHBA;0.771,250.
 521,1+ALB+BUN+AST+3MeHis+Lys+Phe;0.771,250.832,1+ALB+BUN+Ca +T-
 BIL+His+Lys;0.771,251.978,1+ALB+BUN+3MeHis+Arg+Phe+Trp;0.
 15 771,249.235,1+Trp+Glc+ALT+ALB+BUN;0.771,249.324,1+Ala+Lys+G
 lc+ALT+ALB+BUN;0.771,250.222,1+Ala+Gly+Lys+AST+ALB+BUN;0.77
 1,251.656,1+ALB+BUN+3MeHis+Arg+Lys+Val;0.771,251.902,1+ALB+
 BUN+BHBA+His+Thr+Lys;0.771,252.226,1+Ala+Trp+Glc+TCHO+ALB+B
 UN;0.771,251.117,1+Ala+Trp+Glc+ALB+BUN;0.771,251.636,1+ALB+
 20 BUN+Arg+Orn+Lys+Trp;0.771,251.223,1+Gly+Trp+ALT+gGT+ALB+BU
 N;0.771,251.987,1+ALB+BUN+Glc+Arg+Lys+Ile;0.771,249.895,1+A
 LB+BUN+AST+Lys+Phe+Trp;0.771,249.940,1+ALB+ALT+NEFA+Arg+Lys
 +Ile;0.771,251.060,1+Ala+Trp+TG+AST+ALB+BUN;0.771,251.174,1
 +BCAA+Trp+Glc+ALT+ALB+BUN;0.771,246.991,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+
 25 Asp+Lys;0.771,251.841,1+ALB+BUN+NEFA+BHBA+Lys+Ile;0.771,250.
 713,1+ALB+BUN+AST+Arg+Phe+Trp;0.771,252.085,1+ALB+BUN+gGT+A rg+Lys+Ile;
 0.771,248.421,1+ALB+BUN+AST+ALT+His+Lys ; 0.771,25
 1.054,1+ALB+BUN+Ca+NEFA+His+Lys;0.771,251.601,1+ALB+ALT+Orn
 +Val+Phe+Trp;0.771,251.767,1+ALB+BUN+NEFA+3MeHis+Lys+Phe;0.
 30 771,250.882,1+Trp+TCHO+TG+ALT+ALB+BUN;0.771,252.430,1+Ala+T
 rp+Thr+TCHO+ALB+BUN;0.771,252.010,1+Ala+Gly+Trp+ALB+BUN+Ca;
 0.771,252.153,1+ALB+BUN+3MeHis+Arg+Tyr+Trp;0.771,249.197,1+
 ALB+BUN+ALT+Arg+Orn+Lys;0.771,251.128,1+ALB+BUN+His+Arg+Orn
 +Lys;0.771,249.935,1+ALB+BUN+AST+Orn+Lys+Trp;0.771,251.464,
 35 1+ALB+BUN+BHBA+Glc+His+Lys;0.771,253.472,1+ALB+NEFA+BHBA+Ar
 g+Lys+Ile;0.771,252.515,1+ALB+ALT+NEFA+Orn+Tyr+Phe;0.771,25
 2.672,1+ALB+BUN+NEFA+3MeHis+Phe+Trp;0.771,247.257,1+ALB+BUN
 +AST+3MeHis+Asp+Lys;0.771,252.059,1+ALB+BUN+gGT+His+Lys+Ile; 0.770,249.119,
 1+ALB+BUN+ALT+Glc+Arg+Lys; 0.770,249.373,1 + T
 40 rp+ALT+gGT+ALB+BUN;0.770,250.703,1+ALB+BUN+NEFA+Asp+Lys+Ph e ; 0.770,250.969,
 1+ALB+BUN+Asp+Orn+Phe + Trp; 0.770,251.517,1+A
 LB+BUN+NEFA+Arg+Lys+Trp;0.770,253.026,1+Ala+BCAA+Trp+gGT+AL
 B+BUN;0.770,251.610,1+ALB+BUN+NEFA+Orn+Lys+Trp;0.770,251.84
 5,1+ALB+BUN+gGT+NEFA+Lys+Ile;0.770,249.810,1+ALB+BUN+AST+Ar
 45 g+Lys+Trp;0.770,249.903,1+ALB+ALT+Arg+Thr+Lys+Ile;0.770,250.
 307,1+ALB+BUN+AST+Arg+Lys+Ile;0.770,250.169,1+ALB+BUN+AST+H
 is+Arg+Lys;0.770,252.459,1+Ala+Trp+Arg+ALB+BUN+Ca;0.770,252.
 605,1+ALB+BUN+NEFA+Arg+Phe+Trp;0.770,249.153,1+ALB+BUN+ALT+ T-
 BIL+Arg+Lys;0.770,249.542,1+ALB+BUN+ALT+gGT+T-BIL+Lys;0.7
 50 70,251.860,1+ALB+BUN+BHBA+His+Lys+Ile;0.770,252.220,1+Ala+G
 ly+Lys+Thr+ALB+BUN;0.770,251.031,1+Gly+Trp+TG+ALT+ALB+BUN;0.
 770,251.245,1+ALB+BUN+BHBA+His+Arg+Lys;0.770,251.723,1+ALB+
 AST+Arg+Lys+Tyr+Trp;0.770,250.974,1+Trp+TCHO+ALT+gGT+ALB+BU
 N;0.770,252.963,1+Ala+Trp+Glc+ALB+BUN+BHBA;0.770,252.160,1+
 55 ALB+BUN+3MeHis+Orn+Lys+Val;0.770,249.490,1+ALB+BUN+ALT+NEFA
 +Lys+Val;0.770,251.075,1+Gly+Trp+Glc+ALT+ALB+BUN;0.770,252.
 101,1+Ala+Gly+Trp+gGT+ALB+BUN;0.770,251.949,1+ALB+AST+NEFA+
 Orn+Lys+Ile;0.770,251.666,1+ALB+ALT+Arg+Orn+Tyr+Phe;0.770,2
 52.116,1+Ala+Gly+Lys+Glc+ALB+BUN;0.770,248.801,1+ALB+BUN+NE
 60 FA+3MeHis+Asp+Lys;0.770,249.179,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Arg+Lys;
 0.770,251.235,1+ALB+ALT+3MeHis+Arg+Tyr+Trp;0.770,250.048,1+
 ALB+ALT+Arg+Orn+Lys+Ile;0.770,252.434,1+Ala+BCAA+Trp+TCHO+A
 LB+BUN;0.770,250.226,1+Ala+Gly+Arg+ALT+ALB+BUN;0.770,249.42
 0,1+Ala+Lys+ALT+gGT+ALB+BUN;0.770,248.778,1+ALB+BUN+AST+ALT
 65 +3MeHis+Lys;0.770,251.180,1+ALB+AST+Arg+Asp+Tyr+Trp;0.770,2
 52.168,1+ALB+BUN+gGT+His+Thr+Lys;0.770,251.774,1+ALB+BUN+Ca +T-

BIL+Lys+Ile;0.770,251.187,1+Ala+Gly+Trp+TCHO+ALB+BUN;0.7
 70,252.098,1+ALB+BUN+Ca+Arg+Lys+Ile;0.770,249.127,1+ALB+BUN
 +ALT+BHBA+Arg+Lys;0.770,251.313,1+BCAA+Trp+ALT+gGT+ALB+BUN;
 0.770,252.238,1+Ala+Gly+Lys+gGT+ALB+BUN;0.770,253.034,1+Ala
 5 +BCAA+Trp+ALB+BUN+NEFA;0.770,247.390,1+Trp+ALT+ALB+BUN;0.77
 0,251.173,1+ALB+BUN+AST+Val+Phe+Trp;0.770,249.789,1+ALB+BUN
 +AST+NEFA+His+Lys;0.770,252.109,1+Ala+Gly+Lys+ALB+BUN+BHBA;
 0.770,249.506,1+ALB+BUN+ALT+gGT+BHBA+Lys;0.770,251.104,1+AL
 B+BUN+ALT+NEFA+Val+Trp;0.770,249.518,1+ALB+BUN+ALT+BHBA+Orn
 10 +Lys;0.770,249.613,1+ALB+BUN+ALT+gGT+NEFA+Lys;0.770,250.899,
 1+ALB+BUN+AST+Arg+Val+Trp;0.770,253.047,1+Ala+Trp+Glc+ALB+B
 UN+NEFA;0.770,249.220,1+ALB+BUN+ALT+gGT+Arg+Lys;0.770,249.543,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+T-
 BIL+Lys;0.770,250.221,1+ALB+ALT+NEFA+His+Arg+Lys;0.770,250.899,1+ALB+AST+NEFA+Arg+Lys+Ile;0.77
 0,252.093,1+ALB+BUN+Ca+His+Thr+Lys;0.770,253.037,1+ALB+BUN+
 15 Orn+Lys+Tyr+Phe;0.770,253.126,1+ALB+BUN+Orn+Lys+Val+Phe;0.7
 70,251.072,1+ALB+BUN+Arg+Asp+Phe+Trp;0.770,252.549,1+ALB+BU
 N+Arg+Orn+Phe+Trp;0.770,249.218,1+ALB+BUN+ALT+Arg+Thr+Lys;0.
 770,251.486,1+ALB+BUN+Arg+Asp+Lys+Phe;0.770,252.476,1+ALB+B
 UN+Arg+Orn+Tyr+Trp;0.770,251.902,1+ALB+BUN+NEFA+3MeHis+Lys+
 20 Val;0.770,252.888,1+ALB+BUN+BHBA+Thr+Lys+Ile;0.770,251.074,
 1+Ala+Trp+Thr+AST+ALB+BUN;0.770,252.475,1+ALB+NEFA+His+Arg+
 Lys+Ile;0.770,253.550,1+ALB+BUN+NEFA+Orn+Tyr+Phe;0.770,249.
 463,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Glc+Lys;0.770,251.624,1+ALB+ALT+Lys+
 Tyr+Phe+Trp;0.770,249.415,1+Ala+Lys+Thr+ALT+ALB+BUN;0.770,2
 25 51.035,1+Ala+Trp+AST+gGT+ALB+BUN;0.770,252.915,1+ALB+BUN+gG
 T+Thr+Lys+Ile;0.770,251.263,1+ALB+BUN+AST+Thr+Lys+Ile;0.770,
 250.011,1+ALB+BUN+3MeHis+Arg+Asp+Trp;0.770,252.636,1+ALB+BU
 N+BHBA+Orn+Lys+Ile;0.770,249.254,1+ALB+BUN+ALT+BHBA+Glc+Ly
 s;0.770,249.518,1+ALB+BUN+ALT+BHBA+Thr+Lys;0.770,252.653,1+
 30 ALB+BUN+NEFA+Arg+Tyr+Trp;0.770,249.487,1+ALB+BUN+ALT+T-BIL+
 BHBA+Lys;0.770,249.546,1+ALB+BUN+ALT+T-BIL+Orn+Lys;0.770,25
 0.961,1+Ala+BCAA+Trp+AST+ALB+BUN;0.770,249.380,1+ALB+ALT+Hi
 s+Arg+Lys+Ile;0.770,250.150,1+ALB+ALT+gGT+Arg+Lys+Ile;0.770,
 252.374,1+ALB+BUN+Glc+Orn+Lys+Ile;0.770,249.506,1+ALB+BUN+A
 35 LT+NEFA+BHBA+Lys;0.770,246.604,1+ALB+BUN+AST+ALT+Asp+Lys;0.
 770,249.734,1+ALB+BUN+AST+NEFA+Lys+Trp;0.770,251.705,1+ALB+
 AST+3MeHis+Arg+Tyr+Trp;0.769,248.857,1+ALB+BUN+3MeHis+Arg+A
 sp+Lys;0.769,253.020,1+Ala+Trp+Glc+gGT+ALB+BUN;0.769,251.19
 6,1+Ala+Trp+Thr+ALB+BUN;0.769,250.987,1+Ala+Trp+Glc+AST+ALB+BUN;0.769,249.542,1+ALB+BUN+ALT+T-
 40 BIL+Thr+Lys;0.769,250.362,1+ALB+BUN+AST+3MeHis+Arg+Trp;0.769,251.397,1+ALB+BUN+gGT+His+Arg+Lys;
 0.769,251.170,1+Ala+Trp+gGT+ALB+BUN;0.769,251.0
 54,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Arg+Thr;0.769,251.195,1+ALB+BUN+ALT+T
 yr+Val+Trp;0.769,249.247,1+Gly+Trp+ALT+ALB+BUN;0.769,249.14
 3,1+ALB+BUN+AST+Asp+Phe+Trp;0.769,249.684,1+ALB+BUN+ALT+gGT
 45 +Thr+Lys;0.769,251.540,1+ALB+BUN+gGT+His+Orn+Lys;0.769,250.
 270,1+ALB+BUN+AST+His+Orn+Lys;0.769,253.517,1+ALB+BUN+NEFA+
 Arg+Tyr+Phe;0.769,250.328,1+ALB+BUN+NEFA+Asp+Lys+Tyr;0.769,
 252.347,1+ALB+BUN+3MeHis+Lys+Tyr+Val;0.769,251.848,1+ALB+BU
 N+Ca+Glc+His+Lys;0.769,252.598,1+ALB+BUN+NEFA+Orn+Phe+Trp;0.
 50 769,250.614,1+ALB+BUN+NEFA+Asp+Lys+Val;0.769,252.632,1+ALB+
 BUN+gGT+Orn+Lys+Ile;0.769,249.396,1+ALB+BUN+AST+ALT+Orn+Trp;
 0.769,251.753,1+ALB+BUN+Ca+NEFA+Lys+Ile;0.769,252.494,1+A
 la+Trp+TCHO+TG+ALB+BUN;0.769,253.121,1+Ala+Trp+TG+ALB+BUN+N
 EFA;0.769,251.206,1+Gly+BCAA+Trp+ALT+ALB+BUN;0.769,250.355,
 55 1+Trp+ALT+AST+gGT+ALB+BUN;0.769,250.158,1+ALB+ALT+T-BIL+Arg
 +Lys+Ile;0.769,250.773,1+ALB+BUN+AST+His+Lys+Ile;0.769,251.951,1+ALB+AST+T-
 BIL+Arg+Lys+Ile;0.769,250.976,1+ALB+BUN+Asp
 +Orn+Tyr+Trp;0.769,251.675,1+ALB+ALT+Arg+Val+Phe+Trp;0.769,
 251.346,1+ALB+ALT+Arg+Lys+Tyr+Phe;0.769,249.546,1+ALB+BUN+A
 60 LT+Orn+Lys+Val;0.769,252.693,1+ALB+AST+Arg+Tyr+Val+Trp;0.76
 9,252.335,1+ALB+AST+His+Arg+Lys+Ile;0.769,248.988,1+Trp+TCH
 O+ALT+ALB+BUN;0.769,251.060,1+ALB+BUN+ALT+BHBA+Arg+Thr;0.76
 9,251.185,1+ALB+BUN+ALT+3MeHis+Tyr+Trp;0.769,251.282,1+ALB+
 BUN+ALT+3MeHis+Val+Trp;0.769,250.826,1+ALB+BUN+AST+3MeHis+P
 65 he+Trp;0.769,251.881,1+ALB+BUN+gGT+Glc+His+Lys;0.769,249.480,1+ALB+BUN+AST+T-
 BIL+His+Lys;0.769,250.763,1+Ala+Trp+TCHO+

AST+ALB+BUN;0.769,251.594, 1+ALB+ALT+Arg+Orn+Phe+Trp;0.769,2
 50.926, 1+ALB+BUN+ALT+Arg+Thr+Orn;0.769,251.026, 1+ALB+BUN+AL
 T+NEFA+Tyr+Trp;0.769,248.724, 1+ALB+BUN+AST+ALT+Arg+Lys;0.76
 9,249.231, 1+ALB+BUN+AST+Arg+Asp+Trp;0.769,251.787, 1+ALB+ALT
 5 +NEFA+Arg+Phe+Trp;0.769,249.623, 1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Lys+Tyr;
 0.769,250.640, 1+ALB+BUN+AST+Orn+Phe+Trp;0.769,249.256, 1+ALB
 +AST+ALT+Arg+Lys+Ile;0.769,249.503, 1+ALB+BUN+Ca+ALT+T-BIL+L
 ys;0.769,252.699, 1+ALB+ALT+Orn+Tyr+Val+Phe;0.769,251.063, 1+
 ALB+BUN+ALT+T-BIL+Arg+Thr;0.769,249.530, 1+ALB+BUN+ALT+gGT+G
 10 lc+Lys;0.769,249.589, 1+ALB+BUN+ALT+Lys+Tyr+Val;0.769,249.62
 4, 1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Thr+Lys;0.769,251.365, 1+ALB+BUN+BHBA+H
 is+Orn+Lys;0.769,252.436, 1+ALB+ALT+NEFA+Arg+Thr+Ile;0.769,2
 52.995, 1+Ala+BCAA+Trp+ALB+BUN+Ca;0.769,251.986, 1+ALB+BUN+Ca
 +His+Lys+Ile;0.769,250.909, 1+BCAA+Trp+TCHO+ALT+ALB+BUN;0.76
 15 9,250.983, 1+ALB+BUN+3MeHis+Asp+Orn+Phe;0.769,252.053, 1+ALB+
 BUN+3MeHis+Orn+Lys+Phe;0.769,253.153, 1+Ala+Trp+TG+ALB+BUN+B
 HBA;0.769,250.665, 1+ALB+BUN+AST+NEFA+Lys+Phe;0.769,251.879,
 1+ALB+ALT+Arg+Thr+Orn+Ile;0.769,253.633, 1+ALB+AST+NEFA+Arg+
 Orn+Ile; 0.769, 251.439,
 1+ALB+AST+ALT+Arg+Thr+Ile; 0.769, 250.5
 20 12, 1+Ala+Trp+TCHO+ALB+BUN;0.769,253.025, 1+Ala+Trp+Glc+ALB+B
 UN+Ca;0.769,250.485, 1+ALB+ALT+Asp+Tyr+Phe+Trp;0.769,249.244,
 1+Ala+Trp+ALB+BUN;0.769,251.501, 1+ALB+BUN+Asp+Orn+Lys+Phe;0.
 769,251.083, 1+ALB+BUN+3MeHis+Asp+Tyr+Phe;0.769,251.230, 1+Al
 a+Trp+TG+ALB+BUN;0.769,253.145, 1+Ala+Trp+TG+gGT+ALB+BUN;0.7
 25 69,249.512, 1+ALB+BUN+ALT+Glc+Orn+Lys;0.769,251.075, 1+ALB+BU
 N+ALT+T-BIL+His+Arg;0.769,250.461, 1+ALB+ALT+His+Arg+Thr+Ly
 s;0.769,252.163, 1+ALB+ALT+BHBA+Arg+Thr+Ile;0.769,250.235, 1+
 ALB+ALT+His+Arg+Orn+Lys;0.769,251.208, 1+ALB+BUN+ALT+Glc+His
 +Arg;0.769,252.097, 1+ALB+ALT+Glc+Arg+Thr+Ile;0.769,250.284,
 30 1+Gly+Trp+ALT+AST+ALB+BUN;0.769,250.806, 1+ALB+BUN+AST+Orn+L
 ys+Ile;0.769,251.274, 1+ALB+BUN+AST+gGT+Lys+Ile;0.769,251.40
 5, 1+ALB+BUN+Ca+His+Arg+Lys;0.769,253.379, 1+ALB+BUN+3MeHis+O
 rn+Tyr+Phe;0.769,251.175, 1+Ala+Trp+ALB+BUN+BHBA;0.769,252.4
 29, 1+Ala+Trp+Arg+gGT+ALB+BUN;0.769,249.331, 1+BCAA+Trp+ALT+A
 LB+BUN;0.769,251.061, 1+ALB+BUN+ALT+NEFA+His+Arg;0.769,250.8
 35 31, 1+Gly+Trp+TCHO+ALT+ALB+BUN;0.769,252.437, 1+Ala+Trp+TCHO+
 ALB+BUN+TP;0.768,250.760, 1+ALB+BUN+ALT+3MeHis+Arg+Orn;0.768,
 253.117, 1+Ala+Trp+gGT+ALB+BUN+NEFA;0.768,250.770, 1+ALB+BUN+
 NEFA+Asp+Orn+Lys;0.768,252.628, 1+ALB+BUN+AST+Orn+Tyr+Phe;0.
 40 768,252.730, 1+ALB+BUN+gGT+Glc+Lys+Ile;0.768,249.525, 1+ALB+B
 UN+ALT+Glc+Thr+Lys;0.768,249.131, 1+Ala+Trp+AST+ALB+BUN;0.76
 8,250.979, 1+Ala+Trp+AST+ALB+BUN+BHBA;0.768,250.344, 1+ALB+AL
 T+Glc+His+Arg+Lys;0.768,250.989, 1+ALB+BUN+Ca+ALT+His+Arg;0.
 768,253.150, 1+Ala+Trp+ALB+BUN+NEFA+BHBA;0.768,251.716, 1+ALB
 45 +AST+ALT+Arg+Tyr+Phe;0.768,252.615, 1+ALB+BUN+BHBA+Glc+Lys+I
 le;0.768,251.212, 1+ALB+BUN+ALT+His+Arg+Ile;0.768,250.501, 1+
 ALB+BUN+AST+ALT+Arg+Thr;0.768,252.589, 1+ALB+BUN+Ca+Orn+Lys+
 Ile;0.768,251.492, 1+ALB+BUN+Ca+His+Orn+Lys;0.768,249.182, 1+
 ALB+BUN+Ca+ALT+Arg+Lys;0.768,249.617, 1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Orn
 50 +Lys;0.768,250.553, 1+ALB+ALT+gGT+His+Arg+Lys;0.768,251.074,
 1+ALB+BUN+AST+NEFA+Phe+Trp;0.768,250.698, 1+ALB+BUN+AST+Arg+
 Orn+Trp;0.768,250.646, 1+ALB+BUN+AST+Glc+His+Lys;0.768,252.8
 44, 1+ALB+BUN+Ca+Thr+Lys+Ile;0.768,251.180, 1+Ala+Trp+ALB+BUN
 +NEFA;0.768,250.403, 1+ALB+BUN+AST+3MeHis+Arg+Lys;0.768,250.
 55 956, 1+Ala+Trp+AST+ALB+BUN+NEFA;0.768,251.484, 1+ALB+ALT+His+
 Arg+Orn+Ile;0.768,253.387, 1+ALB+His+Arg+Orn+Lys+Ile;0.768,2
 51.379, 1+ALB+BUN+Asp+Lys+Val+Phe;0.768,250.224, 1+ALB+BUN+3M
 eHis+Asp+Orn+Trp;0.768,251.836, 1+ALB+BUN+3MeHis+Arg+Lys+Ph
 e;0.768,252.585, 1+ALB+BUN+NEFA+Orn+Lys+Phe;0.768,251.033, 1+
 60 ALB+BUN+ALT+gGT+Arg+Thr;0.768,249.671, 1+ALB+BUN+ALT+Orn+Lys
 +Tyr;0.768,250.951, 1+ALB+BUN+ALT+Arg+Orn+Ile;0.768,251.081,
 1+ALB+ALT+Arg+Lys+Val+Trp;0.768,250.102, 1+ALB+ALT+BHBA+Arg+
 Lys+Ile;0.768,251.892, 1+ALB+BUN+3MeHis+Arg+Lys+Tyr;0.768,25
 1.381, 1+ALB+BUN+Arg+Asp+Val+Trp;0.768,250.781, 1+ALB+ALT+3Me
 65 His+Arg+Lys+Trp;0.768,248.400, 1+ALB+BUN+AST+3MeHis+Asp+Trp;
 0.768,250.805, 1+ALB+BUN+AST+NEFA+Arg+Trp;0.768,253.245, 1+AL

B+BUN+Arg+Lys+Val+Phe;0.768,249.537,1+ALB+BUN+ALT+Arg+Asp+O
 rn;0.768,249.783,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Arg+Asp;0.768,251.560,1
 +ALB+BUN+NEFA+Asp+Tyr+Trp;0.768,252.965,1+ALB+BUN+gGT+BHBA+
 Lys+Ile;0.768,249.037,1+ALB+BUN+AST+ALT+BHBA+Lys;0.768,249.
 5 175,1+ALB+BUN+AST+ALT+Lys+Val;0.768,253.063,1+Ala+Gly+Trp+A
 ST+ALB+TP;0.768,251.057,1+ALB+BUN+ALT+3MeHis+Arg+Tyr;0.768,
 249.844,1+ALB+BUN+ALT+Arg+Asp+Tyr;0.768,251.286,1+ALB+ALT+A
 rg+Lys+Phe+Trp;0.768,251.724,1+ALB+ALT+Lys+Val+Phe+Trp;0.76
 8,250.761,1+ALB+BUN+AST+ALT+His+Arg;0.768,253.393,1+ALB+AST
 10 +His+Arg+Orn+Ile;0.768,252.852,1+ALB+AST+Arg+Thr+Lys+Ile;0.
 768,252.287,1+ALB+ALT+Arg+Tyr+Val+Phe;0.768,251.051,1+ALB+B
 UN+ALT+NEFA+3MeHis+Arg;0.768,252.779,1+ALB+BUN+Arg+Orn+Val+ Trp;0.768,250.478,1+ALB+ALT+T-
 BIL+His+Arg+Lys;0.768,251.477, 1+ALB+BUN+AST+Lys+Tyr+Phe;0.768,249.059,1+ALB+BUN+AST+ALT+G
 lc+Lys;0.768,249.981,1+ALB+AST+ALT+His+Arg+Lys;0.768,252.57 2,1+ALB+AST+T-
 15 BIL+Orn+Lys+Ile;0.768,252.960,1+ALB+BUN+Ca+gG
 T+Lys+Ile;0.768,249.462,1+ALB+BUN+Ca+ALT+BHBA+Lys;0.768,249.
 580,1+ALB+BUN+Ca+ALT+NEFA+Lys;0.768,252.143,1+ALB+ALT+Orn+L
 ys+Tyr+Phe;0.768,253.018,1+ALB+BUN+Asp+Orn+Tyr+Phe;0.768,25
 3.108,1+Ala+Trp+gGT+ALB+BUN+BHBA;0.768,251.494,1+ALB+BUN+As
 20 p+Tyr+Val+Trp;0.768,249.928,1+ALB+ALT+Glc+Arg+Lys+Ile;0.768,
 252.402,1+ALB+AST+His+Orn+Lys+Ile;0.768,250.412,1+Trp+TG+AL
 T+AST+ALB+BUN;0.768,252.354,1+ALB+ALT+gGT+Arg+Thr+Ile;0.768,
 253.885,1+ALB+BUN+NEFA+Orn+Val+Phe;0.768,250.970,1+ALB+BUN+
 ALT+Glc+Arg+Thr;0.768,251.277,1+ALB+BUN+Asp+Orn+Val+Trp;0.7
 68,251.289,1+ALB+BUN+Arg+Asp+Orn+Trp;0.768,251.854,1+ALB+AL
 25 T+Arg+Orn+Val+Trp;0.768,250.786,1+ALB+BUN+AST+3MeHis+Lys+Va
 1;0.768,249.130,1+ALB+BUN+AST+ALT+gGT+Lys;0.768,251.444,1+A
 LB+ALT+3MeHis+Lys+Val+Trp;0.768,250.898,1+ALB+AST+ALT+Arg+V
 al+Trp;0.768,252.465,1+Ala+Trp+TCHO+ALB+BUN+BHBA;0.768,249.
 30 664,1+ALB+BUN+ALT+gGT+Orn+Lys;0.768,249.642,1+ALB+BUN+Ca+AL
 T+gGT+Lys;0.768,251.032,1+ALB+ALT+Asp+Orn+Tyr+Phe;0.768,251.
 353,1+ALB+BUN+NEFA+Arg+Asp+Trp;0.768,252.510,1+ALB+BUN+NEFA
 +Arg+Lys+Phe;0.768,250.404,1+ALB+BUN+3MeHis+Asp+Tyr+Trp;0.7
 68,249.671,1+ALB+BUN+ALT+Thr+Orn+Lys;0.768,250.582,1+ALB+BU
 35 N+AST+ALT+Arg+Orn;0.768,251.768,1+ALB+ALT+Orn+Lys+Phe+Trp;0.
 768,250.429,1+ALB+BUN+AST+ALT+3MeHis+Arg;0.768,252.546,1+AL
 B+BUN+NEFA+3MeHis+Arg+Trp;0.768,251.248,1+ALB+ALT+His+Arg+T
 hr+Ile;0.768,251.637,1+ALB+BUN+AST+Lys+Val+Phe;0.768,250.55
 3,1+ALB+BUN+AST+ALT+3MeHis+Trp;0.768,251.022,1+Ala+Trp+AST+
 40 ALB+BUN+Ca;0.768,253.114,1+Ala+Trp+TG+ALB+BUN+Ca;0.768,248. 942,1+ALB+BUN+AST+ALT+T-
 BIL+Lys;0.768,251.340,1+ALB+ALT+Arg +Orn+Lys+Trp;0.768,250.405,1+Trp+Glc+ALT+AST+ALB+BUN;0.768,
 254.069,1+ALB+His+Arg+Thr+Lys+Ile;0.768,252.380,1+ALB+AST+A
 rg+Orn+Lys+Ile;0.768,251.233,1+ALB+AST+NEFA+His+Arg+Lys;0.7
 67,251.998,1+ALB+BUN+gGT+BHBA+His+Lys;0.767,254.546,1+ALB+T -
 45 BIL+BHBA+Arg+Lys+Ile;0.767,252.880,1+ALB+BUN+Ca+BHBA+Lys+I
 le;0.767,250.135,1+ALB+Ca+ALT+Arg+Lys+Ile;0.767,250.979,1+A
 LB+BUN+ALT+3MeHis+Arg+Val;0.767,252.426,1+ALB+BUN+3MeHis+Ar
 g+Val+Trp;0.767,252.867,1+ALB+BUN+NEFA+Lys+Tyr+Val;0.767,25
 0.865,1+ALB+BUN+NEFA+Arg+Asp+Lys;0.767,251.910,1+ALB+BUN+NE
 50 FA+3MeHis+Arg+Lys;0.767,249.412,1+ALB+BUN+AST+Asp+Tyr+Trp;0.
 767,252.563,1+ALB+BUN+3MeHis+Orn+Lys+Tyr;0.767,249.581,1+AL
 B+ALT+Asp+Lys+Tyr+Trp;0.767,250.544,1+ALB+ALT+BHBA+His+Arg+
 Lys;0.767,248.857,1+ALB+BUN+AST+NEFA+Asp+Lys;0.767,249.067,
 1+ALB+BUN+AST+ALT+NEFA+Lys;0.767.250.897,1+ALB+BUN+AST+3MeH
 55 is+Orn+Lys;0.767,251.049,1+ALB+BUN+AST+Glc+Lys+Ile;0.767,25
 3.520,1+ALB+NEFA+BHBA+His+Arg+Lys;0.767,250.981,1+ALB+BUN+A ST+His + Thr+Lys; 0.767,252.486,
 1+ALB+AST+NEFA+His+Lys + Ile; 0.7 67,252.378,1+Ala+Trp+TCHO+ALB+BUN+Ca;0.767,252.486,1+Ala+Tr
 p+TCHO+gGT+ALB+BUN;0.767,252.383,1+Ala+Trp+TCHO+ALB+BUN+NEF
 A;0.767,251.266,1+ALB+BUN+ALT+T-BIL+Arg+Orn;0.767,251.629,1
 60 +ALB+ALT+NEFA+His+Arg+Orn;0.767,251.151,1+ALB+BUN+ALT+gGT+H
 is+Arg;0.767,252.279,1+ALB+ALT+NEFA+Lys+Tyr+Phe;0.767,251.0
 17,1+ALB+ALT+Glc+His+Orn+Lys;0.767,250.762,1+ALB+ALT+His+Or
 n+Lys+Ile;0.767,250.786,1+ALB+AST+Asp+Lys+Tyr+Trp;0.767,253. 624,1+ALB+T-
 BIL+His+Arg+Lys+Ile;0.767,250.761,1+ALB+BUN+AST
 65 +BHBA+His+Lys;0.767,250.991,1+ALB+BUN+AST+gGT+His+Lys;0.767,
 253.386,1+ALB+AST+Thr+Orn+Lys+Ile;0.767,251.111,1+ALB+BUN+3

MeHis+Arg+Asp+Phe;0.767,251.925,1+ALB+AST+ALT+Orn+Tyr+Phe;0.767,250.747,1+ALB+AST+ALT+Arg+Phe+Trp;0.767,249.556,1+ALB+AST+ALT+Arg+Asp+Trp;0.767,249.240,1+ALB+BUN+AST+ALT+Thr+Lys;0.767,253.368,1+ALB+BUN+Arg+Orn+Lys+Phe;0.767,251.897,1+ALB+ALT+NEFA+Arg+Orn+Trp;0.767,252.440,1+ALB+BUN+NEFA+Arg+Lys+Tyr;0.767,251.644,1+ALB+ALT+Orn+Lys+Val+Trp;0.767,251.847,1+ALB+BUN+AST+3MeHis+Orn+Phe;0.767,254.101,1+ALB+NEFA+Arg+Thr+Lys+Ile;0.767,249.240,1+ALB+BUN+AST+ALT+Lys+Tyr;0.767,252.771,1+ALB+AST+Arg+Orn+Val+Trp;0.767,251.192,1+Ala+Gly+Trp+A

5

10 ST+ALB;0.767,252.343,1+ALB+ALT+Arg+Orn+Val+Phe;0.767,251.269,1+ALB+BUN+ALT+BHBA+Arg+Orn;0.767,251.605,1+ALB+BUN+Arg+Asp+Lys+Val;0.767,250.915,1+ALB+ALT+Asp+Orn+Tyr+Trp;0.767,251.064,1+ALB+ALT+His+Arg+Thr+Orn;0.767,251.345,1+ALB+ALT+NEFA+Arg+Lys+Trp;0.767,249.179,1+ALB+BUN+AST+Asp+Orn+Trp;0.767,249.490,1+ALB+BUN+AST+NEFA+Asp+Trp;0.767,250.861,1+ALB+BUN+ALT+His+Thr+Orn;0.767,250.898,1+ALB+AST+ALT+NEFA+Arg+Trp;0.767,252.520,1+ALB+AST+Orn+Lys+Val+Trp;0.767,253.182,1+Ala+Gly+Trp+AST+ALB+BHBA;0.767,251.030,1+ALB+ALT+Arg+Asp+Tyr+Phe;0.767,251.267,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Arg+Orn;0.767,251.274,1+ALB+BUN+ALT+Arg+Orn+Tyr;0.767,251.629,1+ALB+BUN+Arg+Asp+Orn+Lys;0.767,251.711,1+ALB+ALT+BHBA+His+Arg+Orn;0.767,250.541,1+ALB+BUN+AST+ALT+NEFA+Trp;0.767,250.598,1+ALB+AST+ALT+Orn+Lys+Ile;0.767,250.876,1+ALB+BUN+AST+Orn+Val+Trp;0.767,252.482,1+ALB+AST+Orn+Lys+Tyr+Trp;0.767,252.725,1+ALB+AST+NEFA+Arg+Orn+Trp;0.767,254.053,1+ALB+AST+NEFA+Arg+Thr+Ile;0.767,252.705,1+ALB+BUN+Ca+Glc+Lys+Ile;0.767,251.614,1+ALB+Ca+ALT+His+Arg+Orn;0.767,253.051,1+Ala+Trp+gGT+ALB+BUN+Ca;0.767,251.129,1+Ala+Trp+ALB+BUN+Ca;0.767,249.649,1+ALB+BUN+Ca+ALT+Thr+Lys;0.767,249.096,1+ALB+AST+ALT+Asp+Lys+Trp;0.767,249.630,1+ALB+BUN+Ca+ALT+Orn+Lys;0.767,251.711,1+ALB+BUN+NEFA+Asp+Val+Trp;0.767,252.187,1+ALB+ALT+NEFA+Orn+Phe+Trp;0.767,252.697,1+ALB+BUN+NEFA+Asp+Tyr+Phe;0.767,250.460,1+ALB+BUN+NEFA+3MeHis+Asp+Trp;0.767,251.711,1+ALB+ALT+T-BIL+His+Arg+Orn;0.767,251.840,1+ALB+ALT+3MeHis+Lys+Tyr+Phe;0.767,252.564,1+ALB+BUN+NEFA+Arg+Lys+Val;0.767,251.650,1+ALB+ALT+gGT+His+Arg+Orn;0.767,249.776,1+ALB+BUN+AST+3MeHis+Asp+Phe;0.767,250.255,1+ALB+AST+ALT+Arg+Lys+Trp;0.767,250.997,1+ALB+BUN+Ca+ALT+Arg+Thr;0.767,251.363,1+ALB+BUN+Arg+Asp+Lys+Tyr;0.767,252.911,1+ALB+BUN+3MeHis+Orn+Val+Trp;0.767,253.016,1+ALB+BUN+T-BIL+BHBA+Orn+Lys;0.767,250.446,1+ALB+BUN+AST+ALT+Tyr+Trp;0.767,251.328,1+ALB+ALT+T-BIL+His+Orn+Lys;0.767,252.388,1+ALB+AST+NEFA+His+Arg+Orn;0.767,252.424,1+ALB+ALT+T-BIL+Arg+Thr+Ile;0.767,253.031,1+ALB+NEFA+Glc+His+Arg+Lys;0.767,253.094,1+ALB+AST+BHBA+Arg+Lys+Ile;0.767,254.063,1+ALB+AST+Arg+Thr+Orn+Ile;0.767,253.062,1+Ala+Trp+ALB+BUN+Ca+NEFA;0.767,253.043,1+Ala+Trp+ALB+BUN+Ca+BHBA;0.767,251.230,1+ALB+BUN+ALT+Arg+Orn+Val;0.767,251.524,1+ALB+ALT+Thr+Orn+Lys+Ile;0.767,252.115,1+ALB+ALT+NEFA+Arg+Val+Trp;0.767,252.287,1+ALB+BUN+NEFA+3MeHis+Lys+Tyr;0.767,252.824,1+ALB+BUN+AST+Orn+Val+Phe;0.767,251.150,1+ALB+BUN+ALT+BHBA+His+Arg;0.767,249.601,1+ALB+BUN+AST+Asp+Val+Trp;0.767,251.281,1+ALB+BUN+AST+BHBA+Lys+Ile;0.767,254.744,1+ALB+BUN+Orn+Tyr+Val+Phe;0.767,251.696,1+ALB+BUN+ALT+T-BIL+BHBA+Arg;0.767,252.410,1+ALB+BUN+3MeHis+Arg+Orn+Trp;0.767,253.504,1+ALB+BUN+Arg+Lys+Tyr+Val;0.767,251.092,1+ALB+BUN+AST+ALT+Arg+Ile;0.767,249.183,1+ALB+BUN+AST+ALT+Orn+Lys;0.767,251.443,1+ALB+AST+ALT+Arg+Orn+Ile;0.767,251.089,1+ALB+AST+ALT+Lys+Phe+Trp;0.767,252.854,1+ALB+AST+NEFA+BHBA+Lys+Ile;0.767,252.202,1+ALB+BUN+Ca+gGT+His+Lys;0.767,256.360,1+Ala+Gly+Trp+Glc+TG+ALB;0.767,251.558,1+ALB+ALT+Glc+His+Arg+Orn;0.767,253.280,1+ALB+NEFA+His+Orn+Lys+Ile;0.767,250.500,1+ALB+BUN+AST+ALT+Val+Trp;0.767,254.122,1+ALB+BUN+His+Arg+Thr+Ile;0.767,252.886,1+ALB+AST+NEFA+Thr+Lys+Ile;0.767,252.433,1+ALB+Ca+ALT+Arg+Thr+Ile;0.767,253.075,1+ALB+BUN+NEFA+Arg+Val+Trp;0.767,254.726,1+ALB+BUN+NEFA+3MeHis+Tyr+Phe;0.767,251.995,1+ALB+ALT+NEFA+Lys+Phe+Trp;0.767,253.616,1+ALB+NEFA+Glc+Arg+Lys+Ile;0.767,250.441,1+ALB+AST+ALT+3MeHis+Arg+Trp;0.767,250.545,1+BCAA+Trp+ALT+AST+ALB+BUN;0.767,251.202,1+ALB+ALT+NEFA+His+Orn+Lys;0.767,251.561,1+ALB+ALT+N

55

60

65

EFA+3MeHis+Arg+Trp;0.766,251.604,1+ALB+BUN+Asp+Orn+Lys+Val;
 0.766,249.735,1+ALB+BUN+AST+Asp+Lys+Phe;0.766,250.830,1+ALB
 +ALT+3MeHis+Arg+Lys+Tyr;0.766,250.870,1+ALB+AST+ALT+His+Arg
 +Orn;0.766,251.462,1+ALB+ALT+NEFA+Orn+Lys+Ile;0.766,251.661,
 5 1+ALB+BUN+ALT+Glc+Arg+Ile;0.766,254.060,1+ALB+NEFA+Arg+Orn+
 Lys+Ile;0.766,251.018,1+ALB+BUN+AST+3MeHis+Lys+Tyr;0.766,25
 2.783,1+Ala+Gly+Trp+Glc+AST+ALB;0.766,252.997,1+Ala+Gly+Trp
 +TG+AST+ALB;0.766,251.871,1+ALB+BUN+Ca+BHBA+His+Lys;0.766,2
 50.174,1+Trp+TCHO+ALT+AST+ALB+BUN;0.766,253.867,1+ALB+T-BIL
 10 +His+Orn+Lys+Ile;0.766,251.390,1+ALB+BUN+Asp+Lys+Tyr+Val;0.
 766,251.570,1+ALB+ALT+3MeHis+Arg+Orn+Trp;0.766,251.661,1+AL
 B+ALT+3MeHis+Arg+Val+Trp;0.766,252.924,1+ALB+BUN+His+Arg+Th r+Orn; 0.766, 251.697,
 1+ALB+AST+NEFA+His+Orn+Lys; 0.766, 252.09 9,1+ALB+AST+T-
 BIL+His+Orn+Lys;0.766,254.405,1+ALB+BUN+Arg+O rn+Tyr+Phe;0.766,252.953,1+ALB+BUN+NEFA+T-
 15 BIL+Orn+Lys;0.766, 252.954,1+ALB+ALT+NEFA+Orn+Val+Trp;0.766,250.507,1+ALB+BUN+
 3MeHis+Asp+Val+Trp;0.766,251.215,1+ALB+ALT+Glc+Orn+Lys+Ile; 0.766,250.747,1+ALB+BUN+AST+T-
 BIL+Arg+Lys;0.766,250.893,1+ALB+BUN+AST+NEFA+Lys+Val;0.766,251.427,1+ALB+AST+Asp+Orn+Tyr
 +Trp;0.766,250.696,1+ALB+AST+ALT+His+Orn+Lys;0.766,251.312,
 1+ALB+BUN+Ca+AST+Lys+Ile;0.766,249.490,1+ALB+BUN+Ca+ALT+Glc
 20 +Lys;0.766,251.677,1+ALB+BUN+ALT+T-BIL+Glc+Arg;0.766,252.65 9,1+ALB+BUN+NEFA+T-
 BIL+Glc+Lys;0.766,252.825,1+ALB+BUN+NEFA
 +Glc+Orn+Lys;0.766,251.588,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Arg+Ile;0.766,
 252.323,1+ALB+BUN+NEFA+3MeHis+Orn+Lys;0.766,251.250,1+ALB+B
 UN+ALT+gGT+Arg+Orn;0.766,251.612,1+ALB+ALT+T-BIL+Orn+Lys+I
 25 e;0.766,251.631,1+ALB+BUN+AST+Orn+Lys+Phe;0.766,252.820,1+A
 LB+AST+Orn+Tyr+Phe+Trp;0.766,249.625,1+ALB+AST+3MeHis+Asp+L ys+Trp;0.766,252.088,1+ALB+AST+T-
 BIL+His+Arg+Lys;0.766,252. 675,1+ALB+BUN+T-BIL+BHBA+Glc+Lys;0.766,251.358,1+ALB+BUN+NE
 FA+Asp+Orn+Trp;0.766,251.396,1+ALB+BUN+Asp+Orn+Lys+Tyr;0.76
 6,252.787,1+ALB+BUN+NEFA+Asp+Orn+Phe;0.766,252.863,1+ALB+AL
 30 T+3MeHis+Orn+Val+Trp;0.766,254.994,1+ALB+Arg+Orn+Tyr+Phe+Tr p; 0.766,254.263,1+ALB+His + Thr+Orn+Lys
 + Ile; 0.766,251.069, 1+A LB+AST+ALT+Orn+Phe+Trp;0.766,250.596,1+ALB+BUN+AST+T-BIL+Gl
 c+Lys;0.766,250.632,1+ALB+AST+ALT+Arg+Orn+Trp;0.766,251.449,
 1+ALB+AST+ALT+Orn+Val+Trp;0.766,252.368,1+ALB+AST+NEFA+Arg+ Lys+Tyr; 0.766, 252.955,
 1+ALB+AST+NEFA+T-BIL+Lys+Ile; 0.766, 25 3.081,1+ALB+AST+gGT+Arg+Lys+Ile;0.766,253.129,1+Ala+Gly+Trp
 35 +AST+ALB+NEFA;0.766,253.267,1+ALB+BUN+3MeHis+Arg+Tyr+Phe;0.
 766,251.239,1+ALB+BUN+ALT+Glc+Arg+Orn;0.766,251.612,1+ALB+B UN+ALT+T-
 BIL+Arg+Ile;0.766,252.118,1+ALB+BUN+3MeHis+Arg+Orn
 +Lys;0.766,250.626,1+ALB+ALT+Arg+Asp+Orn+Trp;0.766,249.813,
 1+ALB+BUN+AST+Asp+Lys+Val;0.766,251.010,1+ALB+BUN+AST+Orn+T
 40 yr+Trp;0.766,252.475,1+ALB+AST+NEFA+Lys+Tyr+Trp;0.766,253.6
 04,1+ALB+AST+NEFA+Arg+Tyr+Phe;0.766,251.682,1+ALB+BUN+ALT+N
 EFA+BHBA+Arg;0.766,251.685,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+T-BIL+Arg;0.7 66,252.681,1+ALB+BUN+T-
 BIL+Glc+Orn+Lys;0.766,253.495,1+ALB+
 BUN+NEFA+3MeHis+Orn+Phe;0.766,252.924,1+ALB+BUN+NEFA+Arg+Or n+Trp; 0.766, 251.174,
 45 1+ALB+BUN+AST+ALT+Glc+Arg; 0.766, 251.726,
 1+ALB+ALT+3MeHis+Lys+Tyr+Trp;0.766,253.024,1+ALB+Arg+Asp+Ly
 s+Tyr+Trp;0.766,251.608,1+ALB+BUN+ALT+gGT+Arg+Ile;0.766,251.
 538,1+ALB+AST+ALT+Orn+Tyr+Trp;0.766,252.811,1+ALB+BUN+AST+H
 is+Arg+Thr;0.766,253.086,1+Ala+Gly+BCAA+Trp+AST+ALB;0.766,2
 50 53.008,1+Ala+Gly+Trp+AST+gGT+ALB;0.766,252.932,1+ALB+BUN+NE
 FA+Orn+Lys+Tyr;0.766,254.965,1+ALB+NEFA+Arg+Tyr+Phe+Trp;0.7
 66,249.488,1+ALB+BUN+ALT+Arg+Asp+Val;0.766,251.416,1+ALB+BU
 N+ALT+Arg+Tyr+Val;0.766,252.986,1+ALB+ALT+NEFA+Orn+Tyr+Trp;
 0.766,253.478,1+ALB+BUN+Arg+Orn+Lys+Tyr;0.766,251.656,1+ALB
 55 +BUN+ALT+BHBA+Arg+Ile;0.766,249.849,1+ALB+BUN+AST+Arg+Asp+L
 ys;0.766,250.434,1+ALB+BUN+AST+3MeHis+Arg+Asp;0.766,250.860,
 1+ALB+BUN+AST+3MeHis+Orn+Trp;0.766,253.404,1+ALB+AST+gGT+Or
 n+Lys+Ile;0.766,253.216,1+Ala+Gly+Trp+Glc+ALT+ALB;0.766,252.
 360,1+ALB+AST+ALT+Tyr+Phe+Trp;0.766,249.851,1+ALB+BUN+AST+A
 60 sp+Orn+Lys;0.766,250.999,1+ALB+BUN+AST+ALT+T-BIL+Arg;0.766,
 251.613,1+ALB+BUN+AST+Arg+Lys+Phe;0.766,252.322,1+ALB+AST+N
 EFA+Arg+Lys+Trp;0.766,251.046,1+ALB+BUN+Ca+AST+ALT+Arg;0.76
 6,251.700,1+ALB+BUN+ALT+BHBA+Glc+Arg;0.766,252.800,1+ALB+BU
 N+NEFA+Orn+Lys+Val;0.766,253.273,1+ALB+BUN+Orn+Tyr+Val+Trp;
 65 0.766,250.755,1+ALB+BUN+AST+NEFA+Arg+Lys;0.766,251.616,1+AL
 B+BUN+AST+Arg+Lys+Tyr;0.766,253.318,1+ALB+AST+Lys+Tyr+Val+T

rp;0.766,250.557,1+ALB+Ca+ALT+His+Arg+Lys;0.766,253.332,1+A
 LB+BUN+3MeHis+Arg+Orn+Phe;0.766,251.673,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+
 Glc+Arg;0.766,252.639,1+ALB+BUN+NEFA+Glc+Arg+Lys;0.766,252.863,1+ALB+BUN+T-
 BIL+Arg+Orn+Lys;0.766,251.122,1+ALB+BUN+AST
 5 +ALT+BHBA+Arg;0.766,252.788,1+ALB+BUN+AST+Arg+Orn+Phe;0.766,
 251.370,1+ALB+AST+ALT+His+Arg+Thr;0.766,250.909,1+ALB+BUN+A ST+T-
 BIL+Thr+Lys;0.766,253.062,1+ALB+Ca+AST+Arg+Lys+Ile;0.7
 66,251.094,1+ALB+ALT+NEFA+Asp+Orn+Trp;0.766,252.006,1+ALB+A
 ST+ALT+Orn+Val+Phe;0.766,252.127,1+ALB+ALT+Orn+Lys+Val+Phe;
 10 0.766,252.413,1+ALB+ALT+NEFA+Lys+Val+Phe;0.766,253.033,1+AL
 B+ALT+Orn+Tyr+Val+Trp;0.766,253.352,1+ALB+BUN+NEFA+Orn+Tyr+
 Trp;0.766,251.179,1+ALB+BUN+AST+ALT+gGT+Arg;0.766,251.213,1
 +ALB+ALT+NEFA+3MeHis+Arg+Lys;0.766,251.213,1+ALB+ALT+3MeHis
 +Arg+Orn+Lys;0.766,251.812,1+ALB+ALT+Orn+Lys+Tyr+Trp;0.766,
 15 250.557,1+ALB+BUN+AST+NEFA+3MeHis+Lys;0.766,250.743,1+ALB+A
 ST+ALT+3MeHis+Lys+Trp;0.766,249.199,1+ALB+BUN+Ca+AST+ALT+Ly s;
 0.766,251.677,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Arg+Tyr; 0.766,254.252,1 +
 ALB+3MeHis+Arg+Tyr+Phe+Trp;0.766,251.954,1+ALB+ALT+Arg+Orn+
 Lys+Phe;0.766,253.283,1+ALB+BUN+NEFA+Orn+Val+Trp;0.766,252.
 20 257,1+ALB+BUN+AST+NEFA+Arg+Phe;0.766,249.964,1+ALB+ALT+Asp+
 Lys+Val+Trp;0.766,250.979,1+ALB+BUN+AST+ALT+NEFA+Arg;0.766,
 251.396,1+ALB+ALT+BHBA+His+Orn+Lys;0.766,252.061,1+ALB+ALT+
 Lys+Tyr+Val+Trp;0.766,251.071,1+ALB+BUN+AST+NEFA+BHBA+Lys;0.
 766,253.529,1+ALB+NEFA+His+Arg+Thr+Lys;0.766,254.253,1+ALB+ AST+T-
 25 BIL+Arg+Orn+Ile;0.765,251.154,1+ALB+BUN+Ca+ALT+Arg+Or n; 0.765,251.569,
 1+ALB+BUN+Ca+ALT+BHBA+Arg; 0.765,252.962,1+A LB+BUN+NEFA+T-
 BIL+BHBA+Lys;0.765,253.006,1+ALB+BUN+NEFA+Thr
 +Orn+Lys;0.765,253.104,1+ALB+BUN+3MeHis+Orn+Tyr+Trp;0.765,2
 53.700,1+ALB+BUN+3MeHis+Arg+Val+Phe;0.765,251.929,1+ALB+BUN
 30 +AST+3MeHis+Arg+Phe;0.765,254.849,1+ALB+BUN+NEFA+3MeHis+Val
 +Phe;0.765,250.263,1+ALB+AST+ALT+3MeHis+Arg+Lys;0.765,250.8
 72,1+ALB+BUN+AST+NEFA+Glc+Lys;0.765,253.045,1+ALB+NEFA+His+ Arg+Orn+Lys; 0.765,254.115,
 1+ALB+gGT+NEFA+Arg+Lys + Ile; 0.7 65, 251.779,1+Ala+Gly+Trp+ALT+AST+ALB;0.765,253.320,1+ALB+AST+L
 ys+Tyr+Phe+Trp;0.765,251.540,1+ALB+BUN+Ca+ALT+gGT+Arg;0.765, 252.939,1+ALB+BUN+gGT+NEFA+T-
 35 BIL+Lys;0.765,250.738,1+ALB+AL T+NEFA+Arg+Asp+Trp;0.765,251.667,1+ALB+ALT+Glc+His+Arg+Thr;
 0.765,254.529,1+ALB+gGT+His+Orn+Lys+Ile;0.765,249.571,1+ALB
 +BUN+AST+Asp+Lys+Tyr;0.765,253.916,1+ALB+NEFA+T-BIL+Arg+Lys File; 0.765,250.894,
 1+ALB+BUN+AST+gGT+NEFA+Lys; 0.765, 253.378,
 1+ALB+AST+NEFA+Orn+Lys+Val;0.765,252.904,1+ALB+BUN+NEFA+T-B IL+Thr+Lys; 0.765,253.888,
 40 1+ALB+BUN+Arg+Asp+Tyr+Phe; 0.7 65,25 2.663,1+ALB+BUN+T-BIL+Glc+Thr+Lys;0.765,253.742,1+ALB+BUN+O
 rn+Lys+Tyr+Val;0.765,250.872,1+ALB+ALT+3MeHis+Arg+Lys+Val;0. 765,253.546,1+ALB+T-
 BIL+Glc+His+Orn+Lys;0.765,253.268,1+ALB
 +NEFA+Glc+His+Orn+Lys;0.765,253.104,1+ALB+AST+Orn+Val+Phe+T
 rp;0.765,251.052,1+ALB+BUN+AST+NEFA+Orn+Lys;0.765,251.659,1
 45 +ALB+ALT+NEFA+His+Lys+Ile;0.765,252.304,1+ALB+AST+His+Arg+O
 rn+Lys;0.765,252.414,1+ALB+AST+3MeHis+Lys+Tyr+Trp;0.765,252. 886,1+ALB+AST+T-
 BIL+His+Arg+Orn;0.765,251.646,1+ALB+BUN+ALT +gGT+T-BIL+Arg;0.765,252.575,1+ALB+BUN+T-
 BIL+Glc+Arg+Lys;O. 765,253.378,1+ALB+BUN+AST+Arg+Tyr+Phe;0.765,250.751,1+ALB+A
 LT+Arg+Asp+Val+Trp;0.765,251.436,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Arg+Va
 50 1;0.765,251.673,1+ALB+BUN+ALT+gGT+BHBA+Arg;0.765,252.960,1+ ALB+BUN+T-
 BIL+BHBA+Thr+Lys;0.765,253.344,1+ALB+3MeHis+Arg+L
 ys+Tyr+Trp;0.765,250.891,1+ALB+BUN+AST+ALT+Arg+Val;0.765,25
 4.691,1+ALB+NEFA+BHBA+Orn+Lys+Ile;0.765,253.901,1+ALB+NEFA+
 His+Thr+Orn+Lys;0.765,249.825,1+ALB+AST+ALT+Asp+Orn+Trp;0.7
 55 65,251.087,1+ALB+BUN+AST+NEFA+Orn+Trp;0.765,251.355,1+ALB+A
 LT+His+Thr+Orn+Lys;0.765,253.475,1+ALB+AST+BHBA+Orn+Lys+I
 e;0.765,252.161,1+ALB+AST+3MeHis+Lys+Val+Trp;0.765,253.025,
 1+ALB+BUN+gGT+NEFA+Thr+Lys;0.765,253.555,1+ALB+BUN+Arg+Orn+
 Lys+Val;0.765,251.610,1+ALB+AST+ALT+NEFA+Orn+Trp;0.765,253.
 60 222,1+ALB+AST+Orn+Tyr+Val+Trp;0.765,251.976,1+ALB+AST+ALT+N
 EFA+His+Arg;0.765,252.732,1+ALB+AST+Arg+Lys+Val+Trp;0.765,2
 54.147,1+ALB+NEFA+Glc+His+Lys+Ile;0.765,251.013,1+ALB+AST+A
 LT+Lys+Val+Trp;0.765,252.638,1+ALB+AST+gGT+NEFA+Lys+Ile;0.7
 65,251.534,1+ALB+BUN+Ca+ALT+NEFA+Arg;0.765,252.835,1+ALB+BU
 65 N+NEFA+Glc+Thr+Lys;0.765,252.858,1+ALB+BUN+T-BIL+BHBA+Arg+L ys;
 0.765,251.572,1+ALB+AST+ALT+Arg+Orn+Phe; 0.765,251.613, 1 +

ALB+ALT+BHBA+Orn+Lys+Ile;0.765,252.340,1+ALB+ALT+NEFA+Orn+Lys+Phe;0.765,252.023,1+ALB+BUN+AST+NEFA+Orn+Phe;0.765,251.695,1+ALB+ALT+NEFA+Glc+His+Lys;0.765,251.071,1+ALB+AST+ALT+NEFA+Lys+Trp;0.765,251.991,1+ALB+BUN+ALT+Glc+His+Orn;0.765,251.681,1+ALB+BUN+ALT+gGT+Glc+Arg;0.765,252.988,1+ALB+BUN+gGT+T-BIL+BHBA+Lys;0.765,249.894,1+ALB+ALT+Arg+Asp+Lys+Trp;0.765,254.605,1+ALB+BHBA+His+Orn+Lys+Ile;0.765,252.367,1+ALB+AST+ALT+NEFA+Arg+Ile;0.765,252.978,1+ALB+BUN+gGT+T-BIL+Orn+Lys;0.765,253.024,1+ALB+BUN+NEFA+BHBA+Orn+Lys;0.765,251.919,1+ALB+ALT+Arg+Lys+Val+Phe;0.765,253.205,1+ALB+BUN+AST+NEFA+Tyr+Phe;0.765,252.154,1+ALB+BUN+AST+His+Arg+Orn;0.765,251.978,1+ALB+AST+Arg+Asp+Orn+Trp;0.765,252.123,1+ALB+BUN+ALT+gGT+His+Orn;0.765,253.118,1+ALB+BUN+NEFA+3MeHis+Orn+Trp;0.765,254.416,1+Ala+Gly+Trp+Glc+ALB;0.765,254.097,1+ALB+NEFA+Arg+Lys+Tyr+Trp;0.765,249.343,1+ALB+BUN+AST+ALT+Arg+Asp;0.765,251.661,1+ALB+ALT+NEFA+Arg+Lys+Tyr;0.765,251.431,1+ALB+ALT+gGT+His+Orn+Lys;0.765,250.939,1+ALB+BUN+AST+T-BIL+Orn+Lys;0.765,251.152,1+ALB+AST+NEFA+Asp+Lys+Trp;0.765,252.469,1+ALB+AST+ALT+His+Arg+Ile;0.765,253.152,1+ALB+AST+NEFA+Arg+Val+Trp;0.765,253.851,1+ALB+AST+T-BIL+Thr+Lys+Ile;0.765,251.546,1+ALB+BUN+Ca+ALT+Glc+Arg;0.765,252.081,1+ALB+BUN+ALT+His+Orn+Ile;0.765,253.026,1+ALB+BUN+gGT+NEFA+BHBA+Lys;0.765,251.128,1+ALB+ALT+Asp+Orn+Val+Trp;0.765,251.850,1+ALB+ALT+NEFA+Arg+Lys+Phe;0.765,250.510,1+ALB+ALT+Asp+Lys+Tyr+Phe;0.765,251.639,1+ALB+ALT+gGT+Orn+Lys+Ile;0.765,254.770,1+ALB+AST+BHBA+Arg+Orn+Ile;0.765,250.923,1+ALB+BUN+AST+NEFA+T-BIL+Lys;0.765,251.542,1+ALB+BUN+Ca+ALT+T-BIL+Arg;0.765,250.652,1+ALB+ALT+Arg+Asp+Lys+Phe;0.765,251.644,1+ALB+BUN+ALT+gGT+NEFA+Arg;0.765,251.976,1+ALB+AST+ALT+NEFA+Orn+Phe;0.765,251.605,1+ALB+BUN+AST+Glc+Arg+Lys;0.765,250.824,1+ALB+AST+ALT+Orn+Lys+Trp;0.765,251.197,1+ALB+AST+ALT+Arg+Lys+Phe;0.765,252.051,1+ALB+ALT+NEFA+Lys+Val+Trp;0.765,251.686,1+ALB+AST+Asp+Lys+Val+Trp;0.765,252.819,1+ALB+BUN+gGT+NEFA+Glc+Lys;0.765,251.638,1+ALB+ALT+3MeHis+Orn+Lys+Trp;0.765,251.806,1+ALB+ALT+NEFA+3MeHis+Lys+Trp;0.765,252.015,1+ALB+ALT+BHBA+His+Arg+Thr;0.765,255.306,1+ALB+T-BIL+BHBA+Orn+Lys+Ile;0.765,251.759,1+ALB+BUN+AST+gGT+Arg+Lys;0.765,250.986,1+ALB+AST+ALT+Arg+Lys+Tyr;0.765,251.090,1+ALB+BUN+AST+NEFA+Thr+Lys;0.765,251.975,1+ALB+BUN+ALT+Thr+Orn+Ile;0.765,250.854,1+ALB+BUN+AST+gGT+T-BIL+Lys;0.765,251.055,1+ALB+AST+ALT+Lys+Tyr+Trp;0.765,252.925,1+ALB+BUN+Ca+T-BIL+Orn+Lys;0.765,252.771,1+ALB+BUN+NEFA+Arg+Thr+Lys;0.765,252.786,1+ALB+BUN+T-BIL+Arg+Thr+Lys;0.765,252.999,1+ALB+BUN+NEFA+BHBA+Thr+Lys;0.765,253.033,1+ALB+BUN+gGT+NEFA+Orn+Lys;0.765,252.043,1+ALB+BUN+ALT+T-BIL+His+Orn;0.765,252.759,1+ALB+ALT+NEFA+3MeHis+Orn+Trp;0.765,250.026,1+ALB+BUN+ALT+Asp+Orn+Val;0.765,251.166,1+ALB+BUN+AST+ALT+Arg+Tyr;0.765,253.369,1+ALB+BUN+AST+Arg+Orn+Ile;0.765,252.006,1+ALB+ALT+NEFA+Orn+Lys+Trp;0.765,252.101,1+ALB+ALT+NEFA+Lys+Tyr+Trp;0.765,253.044,1+ALB+AST+Arg+Orn+Phe+Trp;0.765,251.710,1+ALB+AST+3MeHis+Arg+Lys+Trp;0.765,252.387,1+ALB+AST+3MeHis+Arg+Val+Trp;0.765,250.993,1+ALB+BUN+Ca+AST+His+Lys;0.765,256.360,1+ALB+NEFA+Arg+Orn+Tyr+Phe;0.765,252.745,1+ALB+BUN+NEFA+BHBA+Glc+Lys;0.765,252.810,1+ALB+BUN+NEFA+BHBA+Arg+Lys;0.765,252.940,1+ALB+ALT+3MeHis+Orn+Tyr+Trp;0.765,252.200,1+ALB+AST+3MeHis+Arg+Lys+Tyr;0.765,252.523,1+ALB+AST+ALT+Val+Phe+Trp;0.765,254.505,1+ALB+NEFA+Glc+His+Thr+Lys;0.765,252.400,1+ALB+AST+NEFA+3MeHis+Lys+Trp;0.765,250.981,1+ALB+BUN+AST+T-BIL+BHBA+Lys;0.765,253.532,1+ALB+NEFA+T-BIL+His+Arg+Lys;0.765,250.993,1+ALB+AST+ALT+NEFA+Lys+Ile;0.765,253.571,1+ALB+AST+T-BIL+BHBA+Lys+Ile;0.764,252.623,1+ALB+BUN+gGT+T-BIL+Glc+Lys;0.764,252.941,1+ALB+BUN+T-BIL+Thr+Orn+Lys;0.764,250.075,1+ALB+ALT+Asp+Lys+Phe+Trp;0.764,253.548,1+ALB+AST+NEFA+Lys+Tyr+Phe;0.764,252.628,1+ALB+AST+NEFA+Lys+Val+Trp;0.764,252.933,1+ALB+BUN+Ca+T-BIL+BHBA+Lys;0.764,252.109,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+His+Orn;0.764,252.810,1+ALB+BUN+NEFA+Arg+Orn+Lys;0.764,252.635,1+ALB+ALT+NEFA+Arg+Orn+Ile;0.764,252.248,1+ALB+BUN+ALT+T-BIL+Thr+Orn;0.764,251.745,1+ALB+BUN+AST+Arg+Orn+Lys;0.764,251.950,1+ALB+AST+NEFA+Arg+Asp+Trp;0.764,252.632,1+ALB+AST+3MeHis+Orn+Val+Trp;0.764,252.621,1+ALB+ALT+T-BIL+Arg+Orn+Ile;0.764,253.969,1+ALB+Glc+His+Orn+Lys+Ile;0.764,251.757,1+ALB+BUN+AST+Arg+Lys+Val;0.764,251.873,1+ALB

LB+BUN+AST+Orn+Lys+Val;0.764,252.979,1+ALB+AST+3MeHis+Orn+Lys+Val;0.764,252.015,1+ALB+ALT+NEFA+Thr+Lys+Ile;0.764,253.168,1+ALB+AST+NEFA+Arg+Phe+Trp;0.764,252.002,1+ALB+BUN+Ca+ALT+His+Orn;0.764,252.767,1+ALB+BUN+NEFA+T-BIL+Arg+Lys;0.764,253.591,1+ALB+BUN+Arg+Thr+Orn+Lys;0.764,251.474,1+ALB+3MeHis+Asp+Lys+Val+Trp;0.764,252.797,1+ALB+BUN+gGT+T-BIL+Arg+Lys;0.764,252.013,1+ALB+ALT+T-BIL+His+Arg+Thr;0.764,251.895,1+ALB+ALT+gGT+His+Arg+Thr;0.764,253.661,1+ALB+BUN+Glc+His+Thr+Orn;0.764,250.911,1+ALB+AST+ALT+NEFA+Arg+Lys;0.764,252.892,1+ALB+BUN+AST+NEFA+3MeHis+Phe;0.764,252.252,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Thr+Orn;0.764,254.799,1+ALB+AST+gGT+Arg+Orn+Ile;0.764,250.458,1+ALB+AST+3MeHis+Arg+Asp+Trp;0.764,251.706,1+ALB+AST+Arg+Asp+Lys+Trp;0.764,252.389,1+ALB+AST+3MeHis+Arg+Lys+Val;0.764,252.794,1+ALB+AST+T-BIL+Glc+His+Lys;0.764,252.528,1+Ala+Gly+Trp+TCHO+AST+ALB;0.764,252.623,1+ALB+BUN+Ca+T-BIL+Glc+Lys;0.764,252.076,1+ALB+BUN+ALT+BHBA+His+Orn;0.764,253.131,1+ALB+BUN+NEFA+Arg+Asp+Phe;0.764,254.102,1+ALB+BUN+NEFA+Arg+Orn+Phe;0.764,255.412,1+ALB+BUN+NEFA+Tyr+Val+Phe;0.764,253.339,1+ALB+BUN+BHBA+Glc+Orn+Lys;0.764,253.443,1+ALB+BUN+Glc+Arg+Orn+Lys;0.764,253.574,1+ALB+BUN+Asp+Orn+Val+Phe;0.764,253.618,1+ALB+BUN+gGT+BHBA+Orn+Lys;0.764,252.461,1+ALB+ALT+BHBA+Arg+Orn+Ile;0.764,252.507,1+ALB+ALT+Glc+Arg+Orn+Ile;0.764,253.262,1+ALB+BUN+NEFA+His+Arg+Orn;0.764,253.718,1+ALB+T-BIL+His+Arg+Orn+Lys;0.764,252.084,1+ALB+ALT+NEFA+BHBA+Lys+Ile;0.764,252.180,1+ALB+BUN+AST+3MeHis+Tyr+Trp;0.764,252.202,1+ALB+BUN+AST+3MeHis+Val+Trp;0.764,252.864,1+ALB+BUN+AST+NEFA+His+Arg;0.764,253.508,1+ALB+gGT+NEFA+His+Arg+Lys;0.764,251.464,1+ALB+BUN+Ca+ALT+Arg+Ile;0.764,254.368,1+Ala+Trp+Glc+TG+ALT+ALB;0.764,250.139,1+ALB+BUN+ALT+Asp+Orn+Tyr;0.764,253.726,1+ALB+BUN+gGT+Thr+Orn+Lys;0.764,252.571,1+ALB+ALT+gGT+Arg+Orn+Ile;0.764,253.124,1+ALB+AST+NEFA+Orn+Val+Trp;0.764,253.295,1+ALB+AST+T-BIL+His+Lys+Ile;0.764,252.942,1+ALB+BUN+Ca+NEFA+Thr+Lys;0.764,252.401,1+Ala+Trp+Glc+ALT+ALB;0.764,253.466,1+ALB+BUN+NEFA+3MeHis+Arg+Phe;0.764,252.927,1+ALB+BUN+gGT+T-BIL+Thr+Lys;0.764,254.917,1+ALB+3MeHis+Lys+Tyr+Phe+Trp;0.764,251.770,1+ALB+AST+ALT+NEFA+Arg+Phe;0.764,251.864,1+ALB+ALT+Arg+Orn+Lys+Tyr;0.764,253.925,1+ALB+gGT+NEFA+His+Orn+Lys;0.764,252.251,1+ALB+BUN+ALT+gGT+Thr+Orn;0.764,252.423,1+ALB+BUN+AST+Arg+Asp+Orn;0.764,252.386,1+ALB+BUN+AST+Tyr+Val+Trp;0.764,253.029,1+ALB+AST+Glc+Orn+Lys+Ile;0.764,251.449,1+ALB+BUN+AST+ALT+His+Orn;0.764,252.228,1+ALB+BUN+AST+NEFA+3MeHis+Trp;0.764,252.829,1+ALB+AST+Arg+Lys+Phe+Trp;0.764,255.153,1+ALB+3MeHis+Orn+Tyr+Phe+Trp;0.764,251.202,1+ALB+3MeHis+Asp+Lys+Tyr+Trp;0.764,255.154,1+ALB+3MeHis+Orn+Lys+Val+Phe;0.764,251.583,1+ALB+BUN+AST+BHBA+Glc+Lys;0.764,252.142,1+ALB+3MeHis+Arg+Asp+Lys+Trp;0.764,251.006,1+ALB+BUN+AST+NEFA+Lys+Tyr;0.764,251.783,1+ALB+BUN+AST+Arg+Thr+Lys;0.764,252.336,1+ALB+BUN+AST+NEFA+Val+Trp;0.764,250.708,1+ALB+AST+3MeHis+Asp+Orn+Trp;0.764,253.553,1+ALB+AST+Lys+Val+Phe+Trp;0.764,252.785,1+ALB+BUN+Ca+T-BIL+Arg+Lys;0.764,252.266,1+ALB+3MeHis+Asp+Lys+Tyr+Phe;0.764,250.225,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Asp+Orn;0.764,251.799,1+ALB+ALT+NEFA+Glc+Arg+Lys;0.764,253.891,1+ALB+AST+NEFA+Orn+Tyr+Phe;0.764,251.287,1+ALB+AST+ALT+3MeHis+Lys+Phe;0.764,252.506,1+ALB+AST+3MeHis+Arg+Phe+Trp;0.764,253.081,1+ALB+AST+NEFA+3MeHis+Lys+Val;0.764,252.889,1+ALB+BUN+Ca+gGT+T-BIL+Lys;0.764,252.773,1+ALB+BUN+Ca+NEFA+Glc+Lys;0.764,256.041,1+ALB+NEFA+Orn+Lys+Tyr+Phe;0.764,252.445,1+ALB+ALT+3MeHis+Arg+Orn+Tyr;0.764,254.576,1+ALB+Arg+Orn+Lys+Tyr+Trp;0.764,250.828,1+ALB+ALT+Asp+Orn+Lys+Phe;0.764,251.972,1+ALB+ALT+NEFA+Arg+Lys+Val;0.764,252.009,1+ALB+BUN+ALT+Glc+Thr+Orn;0.764,252.241,1+ALB+BUN+ALT+BHBA+Thr+Orn;0.764,252.134,1+ALB+AST+3MeHis+Arg+Orn+Trp;0.764,252.613,1+ALB+AST+NEFA+Orn+Lys+Trp;0.764,252.710,1+ALB+AST+ALT+T-BIL+Arg+Ile;0.764,254.351,1+ALB+AST+NEFA+Orn+Val+Phe;0.764,252.991,1+ALB+AST+NEFA+Lys+Phe+Trp;0.764,253.080,1+ALB+AST+NEFA+Arg+Lys+Val;0.764,254.430,1+Ala+Gly+Trp+Glc+TCHO+ALB;0.764,252.862,1+ALB+BUN+Ca+NEFA+T-BIL+Lys;0.764,255.603,1+ALB+NEFA+Orn+Tyr+Phe+Trp;0.764,253.463,1+ALB+BUN+Glc+Arg+Thr+Lys;0.764,253.494,1+ALB+BUN+BHBA+Arg+Orn+Lys;0.764,250.603,1+ALB+ALT+NEFA+Arg+Asp+Lys;0.764,249.623,1+ALB+BUN+AST+ALT+Asp+Orn;0.764,254.142,1+ALB+AST+Arg+Orn+Lys+Tyr;0.764,25

- 1.928, 1+ALB+BUN+AST+Orn+Lys+Tyr; 0.764, 253.094, 1+ALB+AST+NEF
A+Orn+Tyr+Trp; 0.764, 253.163, 1+ALB+AST+NEFA+Arg+Orn+Lys; 0.764, 255.246, 1+ALB+T-
BIL+Arg+Thr+Lys+Ile; 0.764, 252.080, 1+ALB+A
LT+NEFA+His+Thr+Lys; 0.764, 252.955, 1+Ala+Gly+Trp+TCHO+ALT+AL B;
5 0.764, 252.952, 1+ALB+BUN+Ca+gGT+NEFA+Lys; 0.764, 254.143, 1+A
LB+Ca+NEFA+Arg+Lys+Ile; 0.764, 253.239, 1+ALB+BUN+BHBA+Glc+Arg
+Lys; 0.764, 249.022, 1+ALB+ALT+3MeHis+Asp+Lys+Tyr; 0.764, 250.1
08, 1+ALB+ALT+Asp+Orn+Lys+Trp; 0.764, 253.938, 1+ALB+NEFA+T-BIL
+His+Orn+Lys; 0.764, 251.648, 1+ALB+ALT+NEFA+Glc+Lys+Ile; 0.764,
10 252.360, 1+ALB+BUN+AST+NEFA+Tyr+Trp; 0.764, 252.803, 1+ALB+AST+
ALT+gGT+Arg+Ile; 0.764, 253.687, 1+ALB+BUN+NEFA+His+Thr+Orn; 0.
764, 253.588, 1+ALB+BUN+Arg+Asp+Orn+Phe; 0.764, 254.194, 1+ALB+A
sp+Orn+Tyr+Phe+Trp; 0.764, 254.379, 1+Ala+Trp+Glc+ALT+gGT+ALB;
0.764, 255.340, 1+ALB+Orn+Lys+Tyr+Phe+Trp; 0.764, 251.927, 1+ALB
15 +ALT+Glc+Arg+Orn+Lys; 0.764, 251.823, 1+ALB+ALT+NEFA+His+Arg+T
hr; 0.764, 251.959, 1+ALB+ALT+3MeHis+Orn+Lys+Val; 0.764, 252.887,
1+ALB+BUN+AST+NEFA+Arg+Orn; 0.764, 254.419, 1+ALB+NEFA+His+Arg
+Thr+Orn; 0.764, 251.863, 1+ALB+BUN+AST+gGT+BHBA+Lys; 0.764, 252.
812, 1+ALB+AST+Glc+Arg+Lys+Ile; 0.764, 254.111, 1+ALB+AST+NEFA+ Arg+Orn+Tyr;
20 0.764, 251.271, 1+ALB+AST+ALT+NEFA+His+Lys; 0.764,
252.373, 1+ALB+AST+NEFA+Glc+Lys+Ile; 0.764, 252.565, 1+ALB+AST+ Glc+His+Orn+Lys;
0.764, 251.402, 1+ALB+Ca+ALT+His+Orn+Lys; 0.76
4, 252.951, 1+ALB+BUN+Ca+NEFA+Orn+Lys; 0.764, 254.562, 1+ALB+BUN
+NEFA+Arg+Val+Phe; 0.764, 255.098, 1+ALB+gGT+T-BIL+Arg+Lys+Ile; 0.764, 252.606,
25 1+ALB+AST+ALT+NEFA+Arg+Tyr; 0.764, 251.187, 1 +
ALB+AST+ALT+Arg+Orn+Lys; 0.764, 251.272, 1+ALB+AST+ALT+3MeHis+
Orn+Lys; 0.764, 251.641, 1+ALB+AST+Asp+Orn+Lys+Trp; 0.764, 251.847, 1+ALB+ALT+T-
BIL+Glc+His+Lys; 0.764, 252.077, 1+ALB+ALT+NEFA +T-
BIL+Lys+Ile; 0.764, 254.710, 1+ALB+NEFA+His+Thr+Lys+Ile; 0.7
30 64, 253.569, 1+ALB+BUN+AST+Arg+Thr+Ile; 0.763, 252.875, 1+ALB+BU N+Ca+T-
BIL+Thr+Lys; 0.763, 252.923, 1+ALB+BUN+Ca+NEFA+BHBA+Ly
s; 0.763, 254.163, 1+ALB+3MeHis+Orn+Lys+Val+Trp; 0.763, 253.397,
1+ALB+BUN+BHBA+Glc+Thr+Lys; 0.763, 253.683, 1+ALB+BUN+gGT+BHBA + Thr+Lys; 0.763, 252.155,
1+ALB+AST+ALT+Lys + Tyr+Phe; 0.763, 251.
35 439, 1+ALB+AST+ALT+3MeHis+Orn+Trp; 0.763, 251.814, 1+ALB+BUN+AS
T+BHBA+Orn+Lys; 0.763, 252.125, 1+ALB+ALT+gGT+NEFA+Lys+Ile; 0.7
63, 252.167, 1+ALB+BUN+AST+Lys+Tyr+Val; 0.763, 252.450, 1+ALB+AS
T+Arg+Asp+Phe+Trp; 0.763, 253.220, 1+ALB+AST+NEFA+Orn+Phe+Trp;
0.763, 253.045, 1+ALB+AST+BHBA+His+Orn+Lys; 0.763, 251.877, 1+AL B+ALT+NEFA+T-
40 BIL+Arg+Lys; 0.763, 254.721, 1+ALB+3MeHis+Lys+Val +Phe+Trp; 0.763, 252.974, 1+ALB+BUN+AST+T-
BIL+Arg+Orn; 0.763, 253.908, 1+ALB+NEFA+BHBA+His+Orn+Lys; 0.763, 254.843, 1+ALB+AST+A
rg+Orn+Tyr+Phe; 0.763, 250.221, 1+ALB+AST+3MeHis+Arg+Asp+Lys; 0.
763, 251.954, 1+ALB+BUN+AST+BHBA+Thr+Lys; 0.763, 252.806, 1+ALB+
AST+ALT+BHBA+Arg+Ile; 0.763, 251.187, 1+ALB+AST+ALT+T-BIL+Arg+
45 Lys; 0.763, 251.894, 1+ALB+BUN+AST+gGT+Orn+Lys; 0.763, 252.426, 1
+ALB+AST+NEFA+3MeHis+Arg+Trp; 0.763, 252.519, 1+ALB+AST+ALT+gG
T+His+Arg; 0.763, 253.053, 1+ALB+AST+Orn+Lys+Phe+Trp; 0.763, 254.426, 1+ALB+AST+T-
BIL+BHBA+His+Orn; 0.763, 255.658, 1+ALB+BHBA+A rg+Thr+Lys+Ile; 0.763, 253.262, 1+ALB+AST+NEFA+Arg+Lys +
Phe; 0.763, 253.072, 1+ALB+AST+His+Thr+Orn+Lys; 0.763, 252.737, 1+ALB+BU
50 N+Ca+NEFA+Arg+Lys; 0.763, 252.527, 1+ALB+Ca+ALT+Arg+Orn+Ile; 0.
763, 254.741, 1+ALB+Ca+AST+Arg+Orn+Ile; 0.763, 252.487, 1+ALB+AL
T+NEFA+Glc+Orn+Lys; 0.763, 251.915, 1+ALB+ALT+Arg+Lys+Tyr+Val;
0.763, 251.952, 1+ALB+AST+NEFA+Arg+Asp+Lys; 0.763, 252.467, 1+AL
B+AST+NEFA+Glc+His+Lys; 0.763, 251.629, 1+ALB+AST+ALT+Thr+Lys+ He; 0.763, 253.539,
55 1+ALB+BUN+Ca+Arg+Orn+Lys; 0.763, 251.613, 1 +
ALB+Ca+ALT+Orn+Lys+Ile; 0.763, 254.831, 1+ALB+BUN+Arg+Orn+Val+
Phe; 0.763, 253.066, 1+ALB+ALT+gGT+His+Arg+Ile; 0.763, 251.252, 1
+ALB+AST+ALT+Arg+Lys+Val; 0.763, 251.986, 1+ALB+AST+Asp+Orn+Va
1+Trp; 0.763, 252.469, 1+ALB+AST+Arg+Asp+Val+Trp; 0.763, 251.711,
60 1+ALB+AST+Asp+Lys+Phe+Trp; 0.763, 252.148, 1+ALB+ALT+gGT+NEFA+ His+Lys; 0.763, 252.933, 1+ALB+AST+T-
BIL+Glc+Lys+Ile; 0.763, 253.543, 1+ALB+BUN+Ca+Arg+Thr+Lys; 0.763, 253.437, 1+ALB+Ca+AST+Orn
+Lys+Ile; 0.763, 251.014, 1+ALB+BUN+Ca+AST+NEFA+Lys; 0.763, 252.
871, 1+ALB+ALT+gGT+NEFA+His+Arg; 0.763, 254.670, 1+ALB+Arg+Lys+
Tyr+Phe+Trp; 0.763, 252.079, 1+ALB+ALT+Arg+Orn+Lys+Val; 0.763, 2
65 53.390, 1+ALB+AST+NEFA+Orn+Lys+Tyr; 0.763, 253.450, 1+ALB+AST+G
lc+His+Arg+Orn; 0.763, 254.682, 1+ALB+AST+Glc+Arg+Orn+Ile; 0.763, 254.972, 1+ALB+T-

BIL+Arg+Orn+Lys+Ile;0.763,252.330,1+ALB+A LT+T-
 BIL+Thr+Lys+Ile;0.763,253.215,1+ALB+AST+NEFA+BHBA+Arg+ Lys;0.763,253.750,1+ALB+AST+gGT+T-
 BIL+Lys+Ile;0.763,252.948, 1+ALB+ALT+NEFA+His+Arg+Ile;0.763,252.029,1+ALB+ALT+NEFA+BHB
 A+Arg+Lys;0.763,253.336,1+ALB+BUN+gGT+Glc+Arg+Lys;0.763,253.
 5 578,1+ALB+BUN+Glc+Thr+Orn+Lys;0.763,252.237,1+ALB+AST+ALT+A
 rg+Val+Phe;0.763,252.256,1+ALB+NEFA+3MeHis+Asp+Lys+Trp;0.76
 3,252.428,1+ALB+BUN+AST+3MeHis+Arg+Orn;0.763,254.945,1+ALB+
 BUN+Arg+Thr+Orn+Ile;0.763,251.642,1+ALB+BUN+AST+BHBA+Arg+Ly s ;
 0.763,251.897,1+ALB+BUN+AST+Glc+Thr+Lys; 0.763,251.276,1+A
 10 LB+AST+ALT+Arg+Thr+Lys;0.763,252.140,1+ALB+ALT+NEFA+BHBA+Hi
 s+Lys;0.763,253.847,1+ALB+BUN+Ca+His+Arg+Orn;0.763,252.927,
 1+ALB+ALT+NEFA+BHBA+His+Arg;0.763,253.476,1+ALB+BUN+BHBA+Ar
 g+Thr+Lys;0.763,253.731,1+ALB+3MeHis+Arg+Lys+Val+Trp;0.763,
 253.937,1+ALB+AST+3MeHis+Orn+Val+Phe;0.763,254.346,1+ALB+BU
 15 N+NEFA+3MeHis+Tyr+Trp;0.763,250.125,1+ALB+ALT+NEFA+Asp+Lys+
 Trp;0.763,252.858,1+ALB+ALT+Lys+Tyr+Val+Phe;0.763,253.496,1
 +ALB+BUN+AST+NEFA+Val+Phe;0.763,251.711,1+ALB+BUN+AST+Glc+O
 rn+Lys;0.763,251.639,1+ALB+AST+ALT+NEFA+Lys+Phe;0.763,252.8
 46,1+ALB+AST+3MeHis+Orn+Tyr+Trp;0.763,256.798,1+ALB+NEFA+BH
 20 BA+Arg+Thr+Ile;0.763,253.077,1+ALB+AST+gGT+His+Orn+Lys;0.76
 3,252.540,1+ALB+ALT+3MeHis+Arg+Orn+Val;0.763,252.783,1+ALB+
 BUN+gGT+NEFA+Arg+Lys;0.763,253.496,1+ALB+BUN+gGT+Glc+Orn+Ly
 s;0.763,253.680,1+ALB+BUN+AST+3MeHis+Tyr+Phe;0.763,254.369,
 1+ALB+BUN+NEFA+3MeHis+Val+Trp;0.763,253.539,1+ALB+ALT+gGT+B
 25 HBA+Arg+Ile;0.763,252.777,1+ALB+AST+ALT+Glc+Arg+Ile;0.763,2
 52.030,1+ALB+ALT+Glc+His+Thr+Lys;0.763,252.759,1+ALB+AST+Ar g+Orn+Lys + Trp;
 0.763,253.570,1+ALB+AST+NEFA+Thr+Orn+Lys;0.7 6
 3,254.666,1+ALB+gGT+NEFA+Glc+His+Lys;0.763,252.040,1+ALB+AL
 T+NEFA+Arg+Orn+Lys;0.763,252.268,1+ALB+ALT+NEFA+3MeHis+Orn+
 30 Lys;0.763,252.270,1+ALB+3MeHis+Asp+Orn+Lys+Trp;0.763,251.84
 3,1+ALB+BUN+AST+gGT+Glc+Lys;0.763,250.135,1+ALB+AST+NEFA+3M
 eHis+Asp+Lys;0.763,251.519,1+ALB+BUN+AST+ALT+Thr+Orn;0.763,
 252.094,1+ALB+BUN+AST+gGT+Thr+Lys;0.763,252.341,1+ALB+AST+A LT+T-
 BIL+His+Arg;0.763,253.647,1+ALB+AST+gGT+His+Arg+Orn;0.
 35 763,253.516,1+ALB+BUN+gGT+Arg+Orn+Lys;0.763,253.470,1+ALB+A
 LT+gGT+NEFA+Arg+Ile;0.763,252.630,1+ALB+AST+ALT+BHBA+Arg+Th
 r;0.763,251.103,1+ALB+AST+ALT+Glc+Arg+Lys;0.763,252.222,1+A
 LB+AST+3MeHis+Orn+Lys+Trp;0.763,254.714,1+ALB+AST+NEFA+Tyr+
 Phe+Trp;0.763,252.144,1+ALB+ALT+NEFA+T-BIL+His+Lys;0.763,25 2.439,1+ALB+ALT+gGT+T-
 40 BIL+Lys+Ile;0.763,253.685,1+ALB+BUN+T -BIL+His+Thr+Orn;0.763,251.887,1+ALB+ALT+T-BIL+Glc+Lys+Ile;
 0.763,254.851,1+ALB+NEFA+BHBA+His+Lys+Ile;0.763,251.938,1+A
 LB+ALT+His+Thr+Lys+Ile;0.763,251.371,1+ALB+AST+ALT+T-BIL+Ly
 s+Ile;0.763,253.099,1+ALB+ALT+Arg+Orn+Tyr+Val;0.763,253.633,
 1+ALB+BUN+BHBA+Thr+Orn+Lys;0.763,253.139,1+ALB+ALT+BHBA+Arg
 45 +Thr+Orn;0.763,253.589,1+ALB+ALT+gGT+T-BIL+Arg+Ile;0.763,25
 4.857,1+Ala+Gly+Trp+TG+ALB;0.763,251.262,1+ALB+AST+ALT+BHBA
 +Arg+Lys;0.763,252.163,1+ALB+AST+ALT+T-BIL+Arg+Orn;0.763,25
 2.345,1+ALB+AST+ALT+NEFA+Arg+Thr;0.763,252.176,1+ALB+AST+NE
 FA+3MeHis+Arg+Lys;0.763,253.393,1+ALB+BUN+Ca+Glc+Arg+Lys;0.
 50 763,255.906,1+ALB+Orn+Tyr+Val+Phe+Trp;0.763,253.607,1+ALB+B
 UN+gGT+Glc+Thr+Lys;0.763,252.630,1+ALB+AST+ALT+gGT+Arg+Thr;
 0.763,252.085,1+ALB+AST+NEFA+Asp+Orn+Lys;0.763,250.932,1+AL
 B+AST+ALT+NEFA+Asp+Trp;0.763,255.095,1+ALB+T-BIL+Glc+His+Th
 r+Lys;0.763,251.848,1+ALB+ALT+Glc+Thr+Lys+Ile;0.763,253.534,
 55 1+ALB+AST+NEFA+His+Thr+Orn;0.763,255.236,1+ALB+AST+T-BIL+Ar
 g+Thr+Ile;0.763,251.971,1+ALB+Ca+ALT+His+Arg+Thr;0.763,252.
 830,1+ALB+Ca+AST+NEFA+Lys+Ile;0.763,253.705,1+ALB+BUN+Ca+Th
 r+Orn+Lys;0.763,251.860,1+ALB+AST+ALT+Orn+Lys+Val;0.763,252.
 504,1+ALB+3MeHis+Asp+Lys+Val+Phe;0.763,253.330,1+ALB+BUN+gG
 60 T+BHBA+Glc+Lys;0.763,255.108,1+ALB+NEFA+Thr+Orn+Lys+Ile;0.7
 63,252.255,1+ALB+3MeHis+Asp+Lys+Phe+Trp;0.763,253.189,1+ALB +ALT+T-
 BIL+His+Arg+Ile;0.763,254.302,1+ALB+NEFA+3MeHis+Arg+
 Lys+Tyr;0.763,252.088,1+ALB+AST+ALT+Arg+Thr+Orn;0.763,254.1
 22,1+ALB+BUN+His+Thr+Orn+Ile;0.763,251.878,1+ALB+AST+NEFA+A sp+Orn+Trp;0.763,253.864,1+ALB+AST+T-
 65 BIL+Arg+Orn+Lys;0.763, 251.973,1+ALB+ALT+T-BIL+His+Lys+Ile;0.763,255.904,1+ALB+AST
 +gGT+Arg+Thr+Ile;0.763,255.548,1+ALB+NEFA+3MeHis+Lys+Tyr+Ph

e;0.763,252.564,1+ALB+ALT+BHBA+Glc+Orn+Lys;0.763,253.168,1+ALB+ALT+NEFA+Arg+Thr+Orn;0.763,252.578,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+3MeHis+Orn;0.763,252.016,1+ALB+ALT+NEFA+Arg+Thr+Lys;0.763,252.262,1+ALB+ALT+3MeHis+Orn+Lys+Tyr;0.763,252.603,1+ALB+AST+ALT+T-BIL+Arg+Thr;0.763,249.866,1+ALB+AST+ALT+Arg+Asp+Lys;0.763,250.547,1+ALB+AST+3MeHis+Asp+Lys+Phe;0.763,251.966,1+ALB+BUN+AST+ALT+gGT+Orn;0.763,253.586,1+ALB+AST+NEFA+Orn+Lys+Phe;0.763,253.893,1+ALB+AST+NEFA+Lys+Val+Phe;0.763,253.376,1+ALB+AST+His+Arg+Thr+Lys;0.762,252.642,1+ALB+ALT+Glc+Thr+Orn+Lys;0.762,253.519,1+ALB+BUN+gGT+Arg+Thr+Lys;0.762,254.346,1+ALB+BUN+3MeHis+Tyr+Val+Trp;0.762,251.930,1+ALB+ALT+gGT+Glc+Arg+Lys;0.762,251.046,1+ALB+AST+ALT+Arg+Asp+Orn;0.762,255.222,1+ALB+Arg+Thr+Orn+Lys+Ile;0.762,251.271,1+ALB+AST+ALT+gGT+Arg+Lys;0.762,253.648,1+ALB+AST+NEFA+BHBA+Orn+Lys;0.762,252.402,1+ALB+ALT+T-BIL+BHBA+Lys+Ile;0.762,252.453,1+ALB+ALT+BHBA+His+Thr+Lys;0.762,252.734,1+ALB+BUN+AST+T-BIL+His+Orn;0.762,255.432,1+ALB+AST+T-BIL+Thr+Orn+Ile;0.762,253.556,1+ALB+BUN+Ca+BHBA+Orn+Lys;0.762,251.741,1+ALB+BUN+Ca+AST+Arg+Lys;0.762,253.684,1+ALB+ALT+T-BIL+Glc+Arg+Ile;0.762,252.109,1+ALB+ALT+gGT+Arg+Orn+Lys;0.762,253.506,1+ALB+ALT+NEFA+Glc+Arg+Ile;0.762,250.730,1+ALB+ALT+Arg+Asp+Lys+Val;0.762,252.009,1+ALB+AST+ALT+NEFA+Arg+Orn;0.762,250.802,1+ALB+AST+ALT+Asp+Val+Trp;0.762,251.834,1+ALB+ALT+Glc+His+Lys+Ile;0.762,252.680,1+ALB+AST+3MeHis+Lys+Phe+Trp;0.762,253.631,1+ALB+AST+BHBA+His+Arg+Orn;0.762,252.276,1+ALB+3MeHis+Arg+Asp+Lys+Val;0.762,252.118,1+ALB+ALT+Arg+Thr+Orn+Lys;0.762,250.305,1+ALB+ALT+Arg+Asp+Lys+Tyr;0.762,251.981,1+ALB+ALT+Glc+Arg+Thr+Lys;0.762,251.648,1+ALB+AST+ALT+NEFA+Orn+Lys;0.762,252.509,1+ALB+AST+ALT+BHBA+His+Arg;0.762,253.667,1+ALB+AST+NEFA+T-BIL+Orn+Lys;0.762,253.225,1+ALB+AST+NEFA+T-BIL+Arg+Lys;0.762,253.264,1+ALB+AST+NEFA+3MeHis+Lys+Tyr;0.762,251.937,1+ALB+ALT+BHBA+Glc+His+Lys;0.762,253.149,1+ALB+ALT+T-BIL+Arg+Thr+Orn;0.762,254.435,1+ALB+NEFA+Glc+Orn+Lys+Ile;0.762,250.740,1+ALB+ALT+Arg+Asp+Orn+Lys;0.762,251.938,1+ALB+ALT+BHBA+Glc+Arg+Lys;0.762,251.951,1+ALB+ALT+T-BIL+Glc+Arg+Lys;0.762,253.387,1+ALB+ALT+NEFA+BHBA+Arg+Ile;0.762,253.678,1+ALB+ALT+BHBA+Glc+Arg+Ile;0.762,251.412,1+ALB+AST+ALT+Glc+Lys+Ile;0.762,251.513,1+ALB+BUN+AST+Asp+Orn+Phe;0.762,252.618,1+ALB+AST+ALT+NEFA+BHBA+Arg;0.762,252.162,1+ALB+AST+Asp+Orn+Phe+Trp;0.762,252.488,1+ALB+AST+ALT+Glc+His+Arg;0.762,252.748,1+ALB+AST+3MeHis+Arg+Lys+Phe;0.762,251.565,1+ALB+AST+ALT+T-BIL+His+Lys;0.762,253.071,1+ALB+AST+NEFA+BHBA+His+Lys;0.762,252.513,1+ALB+ALT+NEFA+3MeHis+Arg+Orn;0.762,255.253,1+ALB+NEFA+Lys+Tyr+Phe+Trp;0.762,254.357,1+ALB+T-BIL+BHBA+His+Orn+Lys;0.762,253.166,1+ALB+AST+NEFA+Arg+Thr+Lys;0.762,253.854,1+ALB+Ca+NEFA+His+Orn+Lys;0.762,253.407,1+ALB+BUN+Ca+BHBA+Arg+Lys;0.762,253.022,1+ALB+Ca+ALT+Glc+Arg+Orn;0.762,253.109,1+ALB+ALT+NEFA+Glc+Arg+Orn;0.762,252.592,1+ALB+ALT+T-BIL+Glc+Orn+Lys;0.762,252.723,1+ALB+ALT+3MeHis+Arg+Tyr+Val;0.762,255.403,1+ALB+NEFA+3MeHis+Lys+Val+Phe;0.762,252.144,1+ALB+ALT+BHBA+Arg+Orn+Lys;0.762,252.538,1+ALB+BUN+ALT+3MeHis+Orn+Val;0.762,252.731,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Glc+Orn;0.762,252.027,1+ALB+ALT+gGT+NEFA+Arg+Lys;0.762,253.067,1+ALB+ALT+gGT+T-BIL+His+Arg;0.762,255.012,1+ALB+NEFA+T-BIL+Orn+Lys+Ile;0.762,252.927,1+ALB+AST+NEFA+Glc+Arg+Lys;0.762,253.605,1+ALB+BUN+Ca+BHBA+Thr+Lys;0.762,253.184,1+ALB+ALT+NEFA+BHBA+Arg+Orn;0.762,252.144,1+ALB+ALT+T-BIL+Arg+Orn+Lys;0.762,252.183,1+ALB+ALT+T-BIL+BHBA+Arg+Lys;0.762,253.420,1+ALB+BUN+gGT+BHBA+Arg+Lys;0.762,252.146,1+ALB+ALT+gGT+BHBA+Arg+Lys;0.762,251.944,1+ALB+BUN+AST+Thr+Orn+Lys;0.762,252.910,1+ALB+AST+NEFA+3MeHis+Orn+Lys;0.762,253.034,1+ALB+AST+Glc+His+Arg+Lys;0.762,253.442,1+ALB+AST+gGT+His+Arg+Lys;0.762,253.068,1+ALB+Ca+AST+His+Orn+Lys;0.762,253.124,1+ALB+ALT+T-BIL+Glc+His+Arg;0.762,254.821,1+ALB+3MeHis+Arg+Orn+Lys+Val;0.762,252.754,1+ALB+3MeHis+Arg+Asp+Orn+Lys;0.762,252.846,1+ALB+ALT+NEFA+T-BIL+His+Arg;0.762,254.424,1+ALB+3MeHis+Arg+Lys+Phe+Trp;0.762,255.453,1+ALB+BUN+3MeHis+Tyr+Val+Phe;0.762,252.910,1+Ala+Gly+Trp+ALB;0.762,253.031,1+ALB+ALT+gGT+Glc+His+Arg;0.762,255.619,1+ALB+NEFA+BHBA+Thr+Lys+Ile;0.762,252.066,1+ALB+BUN+AST+

NEFA+Arg+Asp;0.762,253.349,1+ALB+BUN+AST+T-BIL+Arg+Thr;0.762,250.491,1+ALB+AST+3MeHis+Asp+Orn+Lys;0.762,252.034,1+ALB+BUN+AST+ALT+Orn+Ile;0.762,254.501,1+ALB+AST+Arg+Orn+Lys+Val;0.762,254.565,1+ALB+AST+T-BIL+His+Orn+Ile;0.762,255.900,1+ALB+AST+BHBA+Arg+Thr+Ile;0.762,253.058,1+ALB+AST+NEFA+T-BIL+His+Lys;0.762,252.205,1+ALB+BUN+Ca+ALT+Thr+Orn;0.762,253.066,1+ALB+ALT+NEFA+T-BIL+Arg+Orn;0.762,253.193,1+ALB+ALT+NEFA+Arg+Orn+Tyr;0.762,254.609,1+ALB+3MeHis+Arg+Lys+Tyr+Phe;0.762,252.219,1+ALB+BUN+ALT+3MeHis+Orn+Tyr;0.762,252.756,1+ALB+3MeHis+Arg+Asp+Lys+Phe;0.762,255.262,1+ALB+NEFA+Arg+Lys+Tyr+Phe;0.762,252.144,1+ALB+ALT+gGT+T-BIL+Arg+Lys;0.762,253.200,1+ALB+ALT+T-BIL+BHBA+His+Arg;0.762,253.658,1+ALB+ALT+T-BIL+BHBA+Arg+Ile;0.762,251.612,1+ALB+AST+ALT+Orn+Lys+Phe;0.762,251.943,1+ALB+BUN+AST+ALT+Glc+Orn;0.762,252.016,1+ALB+BUN+AST+NEFA+Asp+Orn;0.762,251.608,1+ALB+AST+ALT+His+Lys+Ile;0.762,253.927,1+ALB+AST+T-BIL+His+Thr+Orn;0.762,253.348,1+ALB+AST+NEFA+His+Arg+Thr;0.762,253.772,1+ALB+BUN+Ca+gGT+Thr+Lys;0.762,253.513,1+ALB+BUN+Ca+Glc+Orn+Lys;0.762,252.881,1+ALB+ALT+NEFA+Glc+His+Arg;0.762,251.916,1+ALB+ALT+NEFA+Asp+Val+Trp;0.762,252.687,1+ALB+BUN+ALT+T-BIL+Glc+Orn;0.762,252.730,1+ALB+BUN+ALT+Glc+Orn+Ile;0.762,252.185,1+ALB+AST+ALT+BHBA+Arg+Orn;0.762,252.543,1+ALB+ALT+NEFA+3MeHis+Lys+Tyr;0.762,252.637,1+ALB+AST+3MeHis+Arg+Orn+Lys;0.762,253.517,1+ALB+ALT+gGT+Glc+Arg+Ile;0.762,252.206,1+ALB+ALT+BHBA+His+Lys+Ile;0.762,252.413,1+ALB+ALT+NEFA+3MeHis+Lys+Val;0.762,252.537,1+ALB+ALT+gGT+BHBA+His+Lys;0.762,252.661,1+ALB+AST+ALT+gGT+NEFA+Arg;0.762,252.213,1+ALB+AST+NEFA+Asp+Lys+Phe;0.762,253.121,1+ALB+BUN+AST+NEFA+Arg+Thr;0.762,253.665,1+ALB+AST+Arg+Val+Phe+Trp;0.762,255.743,1+ALB+T-BIL+BHBA+His+Lys+Ile;0.762,253.138,1+ALB+Ca+ALT+Arg+Thr+Orn;0.762,252.680,1+ALB+Ca+AST+ALT+Arg+Ile;0.762,254.795,1+ALB+3MeHis+Lys+Tyr+Val+Trp;0.762,250.943,1+ALB+AST+ALT+Asp+Tyr+Trp;0.762,251.524,1+ALB+AST+ALT+NEFA+3MeHis+Lys;0.762,252.434,1+ALB+ALT+BHBA+Thr+Lys+Ile;0.762,252.556,1+ALB+BUN+AST+His+Thr+Orn;0.762,254.929,1+ALB+AST+NEFA+Thr+Orn+Ile;0.762,253.318,1+ALB+AST+BHBA+His+Arg+Lys;0.762,253.592,1+ALB+Ca+ALT+T-BIL+Arg+Ile;0.762,253.618,1+ALB+BUN+Ca+Glc+Thr+Lys;0.762,250.883,1+ALB+BUN+Ca+AST+T-BIL+Lys;0.762,252.636,1+ALB+NEFA+3MeHis+Arg+Asp+Lys;0.762,253.104,1+ALB+ALT+gGT+Arg+Thr+Orn;0.762,253.691,1+ALB+BUN+AST+3MeHis+Val+Phe;0.762,254.419,1+ALB+3MeHis+Arg+Orn+Lys+Trp;0.762,254.748,1+ALB+3MeHis+Arg+Orn+Lys+Tyr;0.762,256.303,1+Ala+Gly+Trp+Glc+gGT+ALB;0.762,251.907,1+ALB+BUN+AST+ALT+T-BIL+Orn;0.762,254.915,1+ALB+NEFA+T-BIL+His+Lys+Ile;0.762,254.922,1+ALB+gGT+NEFA+His+Lys+Ile;0.762,253.050,1+ALB+AST+NEFA+His+Thr+Lys;0.762,253.476,1+ALB+Ca+ALT+Glc+Arg+Ile;0.762,251.849,1+ALB+BUN+Ca+AST+Glc+Lys;0.762,255.092,1+ALB+3MeHis+Orn+Val+Phe+Trp;0.762,252.961,1+ALB+ALT+Glc+Arg+Thr+Orn;0.762,252.502,1+ALB+AST+ALT+Arg+Tyr+Val;0.762,252.762,1+ALB+ALT+NEFA+T-BIL+Orn+Lys;0.762,252.450,1+ALB+ALT+3MeHis+Lys+Tyr+Val;0.762,253.223,1+ALB+ALT+BHBA+His+Arg+Ile;0.762,252.754,1+ALB+AST+ALT+Glc+His+Orn;0.762,254.426,1+ALB+AST+NEFA+Arg+Orn+Val;0.762,252.356,1+ALB+ALT+T-BIL+His+Thr+Lys;0.762,252.407,1+ALB+ALT+T-BIL+BHBA+His+Lys;0.762,252.435,1+ALB+ALT+gGT+Thr+Lys+Ile;0.762,253.998,1+ALB+AST+T-BIL+BHBA+Arg+Lys;0.762,254.779,1+ALB+T-BIL+Glc+His+Lys+Ile;0.762,253.571,1+ALB+BUN+Ca+gGT+BHBA+Lys;0.762,253.456,1+ALB+Ca+ALT+gGT+Arg+Ile;0.762,253.053,1+ALB+Ca+ALT+His+Arg+Ile;0.762,252.89,1+ALB+Ca+ALT+Glc+His+Arg;0.762,253.146,1+ALB+ALT+BHBA+Glc+Arg+Orn;0.762,250.899,1+ALB+ALT+NEFA+Asp+Orn+Lys;0.762,251.776,1+ALB+3MeHis+Arg+Asp+Lys+Tyr;0.762,252.163,1+ALB+ALT+T-BIL+Arg+Thr+Lys;0.762,252.277,1+ALB+BUN+AST+Arg+Asp+Phe;0.762,252.460,1+ALB+ALT+Glc+His+Thr+Orn;0.762,252.835,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Orn+Ile;0.762,254.390,1+ALB+NEFA+3MeHis+Arg+Lys+Trp;0.762,254.581,1+ALB+NEFA+3MeHis+Arg+Lys+Val;0.762,254.091,1+ALB+AST+T-BIL+Thr+Orn+Lys;0.762,252.210,1+ALB+AST+ALT+Lys+Val+Phe;0.762,253.001,1+ALB+AST+ALT+gGT+Glc+Arg;0.762,252.413,1+ALB+ALT+gGT+T-BIL+His+Lys;0.762,252.571,1+ALB+ALT+gGT+His+Thr+Lys;0.762,253.910,1+ALB+AST+NEFA+Arg+Asp+Tyr;0.762,253.102,1+ALB+AST+His+Arg+Thr+Orn;0.762,252.595,1+ALB+Ca+AST+ALT+Arg+Thr;0.761,253.148,1+ALB+ALT+T-BIL+Glc+Arg+Orn;0.761,255.574,1+ALB+3MeHis+Arg+Orn+Tyr+Phe;0.761,252.835,

1+ALB+BUN+ALT+gGT+Orn+Ile;0.761,253.736,1+ALB+BUN+AST+Arg+Orn+Tyr;0.761,251.198,1+ALB+BUN+AST+NEFA+Asp+Phe;0.761,252.564,1+ALB+AST+ALT+NEFA+T-BIL+Arg;0.761,252.939,1+ALB+AST+ALT+T-BIL+BHBA+Arg;0.761,254.296,1+ALB+AST+NEFA+BHBA+Arg+Orn;0.761,249.840,1+ALB+AST+ALT+NEFA+Asp+Lys;0.761,251.961,1+ALB+BUN+AST+ALT+Orn+Val;0.761,251.871,1+ALB+AST+ALT+BHBA+His+Lys;0.761,252.002,1+ALB+AST+ALT+NEFA+Lys+Val;0.761,252.832,1+ALB+AST+gGT+NEFA+His+Lys;0.761,253.662,1+ALB+BUN+Ca+gGT+Orn+Lys;0.761,252.613,1+ALB+Ca+AST+ALT+NEFA+Arg;0.761,252.407,1+ALB+Ca+AST+ALT+His+Arg;0.761,252.266,1+ALB+ALT+gGT+Glc+His+Lys;0.761,254.588,1+ALB+3MeHis+Orn+Lys+Tyr+Trp;0.761,252.453,1+ALB+BUN+ALT+Orn+Tyr+Val;0.761,253.172,1+ALB+ALT+Glc+His+Arg+Ile;0.761,254.390,1+ALB+gGT+T-BIL+His+Orn+Lys;0.761,251.903,1+ALB+AST+ALT+3MeHis+Arg+Tyr;0.761,252.179,1+ALB+AST+ALT+Arg+Orn+Val;0.761,252.180,1+ALB+AST+ALT+gGT+Arg+Orn;0.761,252.271,1+ALB+ALT+gGT+His+Lys+Ile;0.761,252.965,1+ALB+AST+ALT+gGT+T-BIL+Arg;0.761,253.248,1+ALB+AST+NEFA+Glc+Orn+Lys;0.761,252.628,1+ALB+ALT+gGT+Glc+Orn+Lys;0.761,256.464,1+ALB+NEFA+Orn+Lys+Val+Phe;0.761,256.075,1+ALB+Lys+Tyr+Val+Phe+Trp;0.761,253.736,1+ALB+BUN+AST+gGT+Arg+Orn;0.761,257.180,1+ALB+BHBA+Arg+Thr+Orn+Ile;0.761,254.064,1+ALB+AST+NEFA+Arg+Orn+Phe;0.761,254.195,1+ALB+AST+NEFA+T-BIL+BHBA+Lys;0.761,253.142,1+ALB+AST+gGT+NEFA+Arg+Lys;0.761,251.842,1+ALB+BUN+Ca+AST+BHBA+Lys;0.761,252.098,1+ALB+Ca+ALT+NEFA+His+Lys;0.761,251.938,1+ALB+Ca+ALT+Glc+Arg+Lys;0.761,251.711,1+ALB+AST+3MeHis+Asp+Tyr+Trp;0.761,253.239,1+ALB+ALT+NEFA+Arg+Orn+Val;0.761,253.279,1+ALB+ALT+NEFA+Glc+Arg+Thr;0.761,252.818,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+BHBA+Orn;0.761,253.105,1+ALB+ALT+gGT+BHBA+His+Arg;0.761,254.752,1+ALB+3MeHis+Arg+Lys+Tyr+Val;0.761,255.118,1+ALB+gGT+NEFA+Orn+Lys+Ile;0.761,255.890,1+ALB+T-BIL+Thr+Orn+Lys+Ile;0.761,250.888,1+ALB+ALT+Asp+Orn+Lys+Tyr;0.761,251.689,1+ALB+AST+ALT+Arg+Asp+Tyr;0.761,252.789,1+ALB+ALT+NEFA+T-BIL+Glc+Lys;0.761,253.046,1+ALB+AST+ALT+gGT+BHBA+Arg;0.761,253.067,1+ALB+ALT+NEFA+T-BIL+BHBA+Lys;0.761,252.862,1+ALB+AST+ALT+T-BIL+His+Orn;0.761,254.900,1+ALB+AST+NEFA+BHBA+Arg+Ile;0.761,253.455,1+ALB+BUN+Ca+gGT+Arg+Lys;0.761,252.859,1+ALB+Ca+ALT+NEFA+His+Arg;0.761,252.587,1+ALB+BUN+Ca+ALT+Glc+Orn;0.761,252.608,1+ALB+Ca+ALT+Glc+Orn+Lys;0.761,254.848,1+ALB+NEFA+3MeHis+Lys+Tyr+Trp;0.761,252.419,1+ALB+ALT+NEFA+Arg+Asp+Tyr;0.761,253.231,1+ALB+ALT+gGT+Glc+Arg+Thr;0.761,254.449,1+ALB+T-BIL+His+Thr+Orn+Lys;0.761,251.898,1+ALB+AST+ALT+NEFA+3MeHis+Arg;0.761,251.946,1+ALB+AST+ALT+Orn+Lys+Tyr;0.761,252.099,1+ALB+AST+ALT+Arg+Orn+Tyr;0.761,250.155,1+ALB+AST+3MeHis+Asp+Lys+Val;0.761,250.196,1+ALB+AST+ALT+Asp+Lys+Phe;0.761,252.836,1+ALB+AST+3MeHis+Orn+Phe+Trp;0.761,253.643,1+ALB+BUN+AST+NEFA+T-BIL+Arg;0.761,252.790,1+ALB+AST+ALT+NEFA+His+Orn;0.761,253.492,1+ALB+AST+gGT+NEFA+Orn+Lys;0.761,254.382,1+ALB+AST+NEFA+Arg+Thr+Orn;0.761,253.509,1+ALB+Ca+ALT+BHBA+Arg+Ile;0.761,252.024,1+ALB+Ca+ALT+NEFA+Arg+Lys;0.761,252.870,1+ALB+AST+NEFA+Asp+Phe+Trp;0.761,252.198,1+ALB+BUN+3MeHis+Arg+Asp+Orn;0.761,252.916,1+ALB+ALT+NEFA+3MeHis+Arg+Tyr;0.761,252.166,1+ALB+ALT+BHBA+Arg+Thr+Lys;0.761,252.462,1+ALB+AST+ALT+Glc+Arg+Thr;0.761,252.928,1+ALB+AST+Asp+Tyr+Phe+Trp;0.761,252.752,1+ALB+ALT+NEFA+BHBA+Glc+Lys;0.761,252.976,1+ALB+3MeHis+Asp+Orn+Lys+Phe;0.761,250.050,1+ALB+AST+3MeHis+Asp+Lys+Tyr;0.761,251.778,1+ALB+BUN+AST+ALT+3MeHis+Orn;0.761,253.096,1+ALB+ALT+gGT+NEFA+T-BIL+Lys;0.761,252.929,1+ALB+BUN+AST+NEFA+His+Orn;0.761,253.536,1+ALB+BUN+Ca+gGT+Glc+Lys;0.761,251.904,1+ALB+BUN+Ca+AST+Orn+Lys;0.761,252.089,1+ALB+Ca+ALT+NEFA+Lys+Ile;0.761,255.223,1+Ala+Gly+Trp+TCHO+TG+ALB;0.761,252.966,1+ALB+Ca+AST+ALT+gGT+Arg;0.761,252.451,1+ALB+BUN+3MeHis+Arg+Asp+Val;0.761,253.255,1+ALB+ALT+T-BIL+BHBA+Arg+Orn;0.761,252.811,1+ALB+BUN+ALT+T-BIL+BHBA+Orn;0.761,252.861,1+ALB+ALT+NEFA+3MeHis+Arg+Val;0.761,252.810,1+ALB+ALT+NEFA+Thr+Orn+Lys;0.761,253.676,1+ALB+Asp+Lys+Tyr+Phe+Trp;0.761,251.407,1+ALB+AST+ALT+3MeHis+Arg+Orn;0.761,253.227,1+ALB+BUN+AST+3MeHis+Arg+Tyr;0.761,253.682,1+ALB+BUN+AST+NEFA+BHBA+Arg;0.761,251.635,1+ALB+AST+ALT+3MeHis+Lys+Val;0.761,251.758,1+ALB+AST+ALT+BHBA+Lys+Ile;0.761,251.895,1+ALB+AST+3MeHis+Arg+Asp+Orn;0.761,251.945,1+ALB+AST+

ALT+Thr+Orn+Lys;0.761,252.214,1+ALB+AST+3MeHis+Arg+Asp+Tyr;
0.761,252.987,1+ALB+AST+NEFA+3MeHis+Orn+Trp;0.761,254.380,1+ALB+AST+NEFA+T-
BIL+Arg+Orn;0.761,252.028,1+ALB+AST+ALT+NEFA+Lys+Tyr;0.761,252.036,1+ALB+AST+ALT+NEFA+T-
BIL+Lys;0.761,253.957,1+ALB+AST+T-BIL+Arg+Thr+Lys;0.761,254.242,1+ALB+AST
5 +His+Thr+Orn+Ile;0.761,252.896,1+ALB+Ca+AST+ALT+T-BIL+Arg;0.
761,251.795,1+ALB+ALT+Asp+Tyr+Val+Trp;0.761,252.732,1+ALB+B
UN+ALT+gGT+Glc+Orn;0.761,252.836,1+ALB+BUN+ALT+gGT+NEFA+Or
n;0.761,252.773,1+ALB+BUN+AST+NEFA+3MeHis+Arg;0.761,252.957,1+ALB+ALT+T-
BIL+BHBA+Orn+Lys;0.761,253.696,1+ALB+BUN+AST+BH
10 BA+Arg+Orn;0.761,252.109,1+ALB+ALT+BHBA+Glc+Lys+Ile;0.761,2
53.315,1+ALB+BUN+Ca+BHBA+Glc+Lys;0.761,251.265,1+ALB+Ca+AST
+ALT+Arg+Lys;0.761,253.188,1+ALB+ALT+BHBA+Glc+His+Arg;0.761,
255.099,1+ALB+NEFA+Orn+Lys+Tyr+Trp;0.761,252.673,1+ALB+BUN+
ALT+BHBA+Glc+Orn;0.761,252.818,1+ALB+BUN+ALT+gGT+BHBA+Orn;0.
15 761,252.818,1+ALB+BUN+ALT+BHBA+Orn+Ile;0.761,254.037,1+ALB+
AST+NEFA+Lys+Tyr+Val;0.761,254.282,1+ALB+BUN+AST+gGT+Arg+Th r;0.761,253.094,1+ALB+ALT+NEFA+T-
BIL+Thr+Lys;0.761,252.588,1+ALB+ALT+gGT+BHBA+Lys+Ile;0.761,253.009,1+ALB+AST+ALT+Thr+
Orn+Ile;0.761,253.217,1+ALB+AST+NEFA+3MeHis+Lys+Phe;0.761,253.740,1+ALB+AST+T-
BIL+BHBA+His+Lys;0.761,253.177,1+ALB+Ca+
20 AST+NEFA+Arg+Lys;0.761,251.794,1+ALB+ALT+Arg+Asp+Tyr+Val;0.
761,252.502,1+ALB+3MeHis+Asp+Orn+Lys+Val;0.761,250.726,1+AL
B+ALT+NEFA+Arg+Lys+Tyr;0.761,252.846,1+ALB+ALT+gGT+NEFA+Orn
+Lys;0.761,254.167,1+ALB+AST+3MeHis+Orn+Tyr+Phe;0.761,252.4
82,1+ALB+AST+ALT+NEFA+Arg+Val;0.761,251.639,1+ALB+AST+ALT+G
25 lc+His+Lys;0.761,251.749,1+ALB+BUN+AST+ALT+Orn+Tyr;0.761,25
3.652,1+ALB+BUN+AST+NEFA+Glc+Arg;0.761,254.164,1+ALB+BUN+BH
BA+His+Thr+Orn;0.761,255.225,1+ALB+T-BIL+BHBA+Glc+His+Lys;0.
761,251.981,1+ALB+BUN+Ca+AST+ALT+Orn;0.761,253.465,1+ALB+Ca
+ALT+NEFA+Arg+Ile;0.761,253.204,1+ALB+Ca+ALT+NEFA+Arg+Orn;0.
30 761,252.097,1+ALB+BUN+Ca+AST+Thr+Lys;0.761,255.631,1+ALB+3M
eHis+Orn+Lys+Tyr+Phe;0.761,252.341,1+ALB+NEFA+3MeHis+Asp+Ly
s+Val;0.761,252.933,1+ALB+ALT+BHBA+Thr+Orn+Lys;0.761,252.926,1+ALB+ALT+T-
BIL+Thr+Orn+Lys;0.761,255.676,1+ALB+NEFA+Arg+
Orn+Lys+Tyr;0.761,252.801,1+ALB+ALT+NEFA+Glc+Thr+Lys;0.761,252.979,1+ALB+ALT+T-
35 BIL+Glc+Thr+Lys;0.761,253.510,1+ALB+BUN
+AST+Arg+Thr+Orn;0.761,253.524,1+ALB+AST+3MeHis+Arg+Orn+Ph
e;0.761,251.327,1+ALB+AST+ALT+NEFA+Arg+Asp;0.761,251.689,1+
ALB+AST+ALT+NEFA+Glc+Lys;0.761,251.732,1+ALB+AST+ALT+3MeHis
+Lys+Tyr;0.761,253.370,1+ALB+AST+3MeHis+Orn+Lys+Tyr;0.761,2
40 53.477,1+ALB+AST+ALT+3MeHis+Val+Trp;0.761,254.514,1+ALB+AST+gGT+T-
BIL+His+Orn;0.761,251.545,1+ALB+AST+NEFA+Asp+Lys+Ty
r;0.761,255.354,1+ALB+AST+NEFA+BHBA+Orn+Ile;0.761,253.594,1
+ALB+Ca+AST+His+Arg+Orn;0.761,251.976,1+ALB+ALT+Arg+Asp+Orn+Tyr;0.761,252.812,1+ALB+BUN+ALT+T-
BIL+Orn+Ile;0.761,255.281,1+ALB+NEFA+3MeHis+Orn+Lys+Val;0.761,252.452,1+ALB+BUN+ALT
45 +NEFA+Orn+Tyr;0.761,252.817,1+ALB+ALT+NEFA+Orn+Lys+Tyr;0.76
1,251.487,1+ALB+AST+3MeHis+Asp+Phe+Trp;0.761,251.902,1+ALB+
AST+ALT+gGT+Orn+Lys;0.761,252.951,1+ALB+ALT+gGT+T-BIL+Orn+L
ys;0.761,250.219,1+ALB+AST+ALT+Asp+Lys+Tyr;0.761,252.117,1+
ALB+Ca+ALT+Arg+Orn+Lys;0.761,252.976,1+ALB+Ca+ALT+gGT+His+A
50 rg;0.761,252.789,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+T-BIL+Orn;0.761,252.814,1+ALB+BUN+ALT+gGT+T-
BIL+Orn;0.761,252.075,1+ALB+AST+ALT+Glc
+Arg+Orn;0.761,252.736,1+ALB+ALT+NEFA+Orn+Lys+Val;0.761,253.448,1+ALB+ALT+gGT+T-
BIL+Arg+Thr;0.761,251.936,1+ALB+AST+ALT
+BHBA+Orn+Lys;0.761,252.987,1+ALB+AST+ALT+BHBA+Glc+Arg;0.76
55 1,254.864,1+ALB+AST+Orn+Lys+Val+Phe;0.761,252.000,1+ALB+BUN
+AST+ALT+BHBA+Orn;0.761,253.423,1+ALB+AST+NEFA+Arg+Asp+Orn;
0.761,251.986,1+ALB+BUN+AST+ALT+NEFA+Orn;0.761,252.111,1+AL
B+AST+NEFA+Asp+Lys+Val;0.761,254.132,1+ALB+BUN+gGT+His+Thr+
Orn;0.761,254.522,1+ALB+AST+Arg+Lys+Tyr+Val;0.761,254.540,1
60 +ALB+AST+gGT+His+Thr+Orn;0.761,253.611,1+ALB+BUN+AST+gGT+Hi
s+Orn;0.761,252.157,1+ALB+Ca+ALT+BHBA+Arg+Lys;0.761,252.967,
1+ALB+Ca+AST+ALT+BHBA+Arg;0.761,252.917,1+ALB+ALT+T-BIL+BHB
A+Glc+Lys;0.761,251.846,1+ALB+AST+ALT+T-BIL+Orn+Lys;0.761,2
53.165,1+ALB+ALT+gGT+NEFA+BHBA+Lys;0.761,251.975,1+ALB+AST+
65 ALT+His+Thr+Lys;0.761,252.031,1+ALB+BUN+Ca+AST+gGT+Lys;0.761,252.156,1+ALB+Ca+ALT+T-
BIL+Arg+Lys;0.761,252.935,1+ALB+Ca+AST+NEFA+His+Lys;0.761,252.884,1+ALB+Ca+AST+ALT+Glc+Arg;0.

761,253.196,1+ALB+ALT+gGT+NEFA+Arg+Orn;0.761,255.681,1+ALB+3MeHis+Orn+Lys+Tyr+Val;0.761,253.430,1+ALB+ALT+gGT+BHBA+Arg+Thr;0.761,253.695,1+ALB+BUN+AST+Arg+Orn+Val;0.761,254.656,1+ALB+NEFA+3MeHis+Lys+Val+Trp;0.761,252.583,1+ALB+AST+ALT+N

5 EFA+Glc+Arg;0.761,255.602,1+ALB+AST+Glc+Arg+Thr+Ile;0.760,253.197,1+ALB+Ca+ALT+T-BIL+Arg+Orn;0.760,253.169,1+ALB+Ca+ALT

T+BHBA+Arg+Orn;0.760,252.120,1+ALB+Ca+ALT+gGT+Arg+Lys;0.760,251.017,1+ALB+ALT+Asp+Orn+Lys+Val;0.760,251.891,1+ALB+AST+ALT+3MeHis+Arg+Val;0.760,252.799,1+ALB+ALT+gGT+NEFA+Glc+Lys;

10 0.760,254.489,1+ALB+AST+Arg+Thr+Orn+Lys;0.760,251.891,1+ALB+AST+ALT+gGT+NEFA+Lys;0.760,254.558,1+ALB+AST+Arg+Orn+Lys+Phe;0.760,255.288,1+ALB+AST+Arg+Orn+Tyr+Val;0.760,256.864,1+ALB+NEFA+Arg+Thr+Orn+Ile;0.760,251.717,1+ALB+AST+ALT+gGT+Lys+Ile;0.760,252.046,1+ALB+AST+ALT+NEFA+BHBA+Lys;0.760,252.2

15 08,1+ALB+ALT+gGT+Glc+Lys+Ile;0.760,253.409,1+ALB+AST+NEFA+Asp+Orn+Phe;0.760,253.892,1+ALB+AST+3MeHis+Lys+Val+Phe;0.760,253.963,1+ALB+AST+NEFA+Glc+His+Orn;0.760,255.818,1+ALB+T-BIL+His+Thr+Lys+Ile;0.760,253.078,1+ALB+Ca+ALT+T-BIL+His+Arg;

20 0.760,256.453,1+ALB+NEFA+3MeHis+Orn+Tyr+Phe;0.760,251.658,1+ALB+AST+ALT+Glc+Orn+Lys;0.760,254.050,1+ALB+3MeHis+Asp+Orn+Tyr+Phe;0.760,254.699,1+ALB+ALT+NEFA+Tyr+Val+Trp;0.760,253.675,1+ALB+ALT+T-BIL+Glc+His+Orn;0.760,251.351,1+ALB+AST+ALT

+Arg+Asp+Val;0.760,250.135,1+ALB+AST+ALT+Asp+Orn+Lys;0.760,253.360,1+ALB+AST+3MeHis+Orn+Lys+Phe;0.760,253.563,1+ALB+AST+ALT+NEFA+Val+Trp;0.760,252.035,1+ALB+AST+ALT+NEFA+Thr+Lys;0.760,255.492,1+ALB+AST+NEFA+T-BIL+Orn+Ile;0.760,257.465,1+ALB+NEFA+Orn+Tyr+Val+Phe;0.760,252.843,1+ALB+ALT+NEFA+BHBA+Orn+Lys;0.760,252.900,1+ALB+ALT+Orn+Lys+Tyr+Val;0.760,252.

25 954,1+ALB+ALT+gGT+BHBA+Orn+Lys;0.760,252.132,1+ALB+ALT+gGT+Arg+Thr+Lys;0.760,252.965,1+ALB+ALT+gGT+T-BIL+Glc+Lys;0.760,253.339,1+ALB+ALT+NEFA+T-BIL+Arg+Ile;0.760,256.754,1+Ala+Gly+Trp+TG+gGT+ALB;0.760,254.369,1+ALB+AST+gGT+NEFA+Arg+Orn;0.760,253.782,1+ALB+AST+T-BIL+His+Thr+Lys;0.760,254.161,1+ALB+BUN+Ca+His+Thr+Orn;0.760,252.833,1+ALB+NEFA+3MeHis+Asp+Orn+Lys;0.760,254.899,1+ALB+AST+Orn+Lys+Tyr+Val;0.760,252.996,

30 1+ALB+AST+ALT+His+Orn+Ile;0.760,253.635,1+ALB+BUN+AST+His+Orn+Ile;0.760,253.958,1+ALB+BUN+AST+Thr+Orn+Ile;0.760,255.578,1+ALB+AST+T-BIL+BHBA+Orn+Ile;0.760,253.749,1+ALB+Ca+AST+T-BIL+Lys+Ile;0.760,252.235,1+ALB+Ca+ALT+His+Lys+Ile;0.760,252.390,1+ALB+Ca+ALT+Thr+Lys+Ile;0.760,252.826,1+ALB+NEFA+3MeHis+Asp+Lys+Phe;0.760,252.701,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+Orn+Val;0.760,255.400,1+ALB+Arg+Orn+Lys+Val+Trp;0.760,253.412,1+ALB+ALT+gGT+NEFA+Arg+Thr;0.760,250.757,1+ALB+BUN+AST+3MeHis+Asp+Orn;0.760,252.954,1+ALB+AST+ALT+gGT+His+Orn;0.760,254.139,1+ALB+AST+NEFA+BHBA+Thr+Lys;0.760,254.045,1+ALB+AST+3MeHis+Lys+Tyr+Phe;0.760,254.141,1+ALB+AST+NEFA+T-BIL+Thr+Lys;0.760,253.552,1+ALB+BUN+AST+BHBA+His+Orn;0.760,255.846,1+ALB+AST+BHBA+Thr+Orn+Ile;0.760,252.739,1+ALB+BUN+Ca+ALT+Orn+Ile;0.760,252.367,1+ALB+Ca+ALT+T-BIL+His+Lys;0.760,254.982,1+ALB+3MeHis+Orn+Lys+Phe+Trp;0.760,252.058,1+ALB+ALT+NEFA+Arg+Asp+Orn;0.760,253.678,1+ALB+BUN+AST+Glc+Arg+Orn;0.760,253.810,1+ALB+ALT+gGT+T-BIL+BHBA+Arg;0.760,253.150,1+ALB+ALT+NEFA+Lys+Tyr+Val;0.760,253.631,1+ALB+AST+3MeHis+Arg+Orn+Tyr;0.760,253.916,1+ALB+BUN+AST+T-BIL+Orn+Ile;0.760,255.848,1+ALB+AST+gGT+Thr+Orn+Ile;0.760,253.704,1+ALB+AST+gGT+T-BIL+His+Lys;0.760,252.402,1+ALB+Ca+ALT+T-BIL+Lys+Ile;0.760,254.947,1+ALB+NEFA+3MeHis+Orn+Lys+Trp;0.760,252.936,1+ALB+ALT+gGT+Thr+Orn+Lys;0.760,253.192,1+ALB+ALT+gGT+T-BIL+Arg+Orn;0.760,254.906,1+ALB+3MeHis+Arg+Lys+Val+Phe;0.760,253.711,1+ALB+Asp+Lys+Tyr+Val+Trp;0.760,253.153,1+ALB+ALT+gGT+NEFA+Thr+Lys;0.760,253.013,1+ALB+AST+Asp+Tyr+Val+Trp;0.760,254.305,1+ALB+AST+NEFA+His+Orn+Ile;0.760,253.571,1+ALB+Ca+AST+NEFA+Orn+Lys;0.760,256.051,1+ALB+3MeHis+Arg+Orn+Val+Phe;0.760,252.005,1+ALB+ALT+Arg+Asp+Orn+Val;0.760,253.170,1+ALB+ALT+gGT+BHBA+Arg+Orn;0.760,255.740,1+ALB+NEFA+Lys+Val+Phe+Trp;0.760,254.229,1+ALB+NEFA+Arg+Asp+Lys+Trp;0.760,253.067,1+ALB+ALT+NEFA+His+Thr+Orn;0.760,253.838,1+ALB+AST+3MeHis+Arg+Tyr+Phe;0.760,252.874,1+ALB+AST+ALT+T-BIL+Glc+Arg;0.760,253.471,1+ALB+BUN+AST+Glc+His+Orn;0.760,254.031,1+ALB+AST+T-BIL+Glc+His+Orn;0.760,254.076,1+ALB+AST+gGT+T-BIL+Arg+Lys;0.760,254.912,1+ALB+AST+His+Thr+Lys+Ile;0.760,252.743,1+ALB+BUN+Ca+ALT+NEFA+Orn;0.760,252.743,1+ALB+BUN+Ca+ALT+gGT+Orn;0.760,254.537,1+ALB+Ca+AST+T-

65

BIL+His+Orn;0.760,253.399,1+ALB+Ca+AST+His+Arg+Lys;0.760,253.053,1+ALB+ALT+gGT+Glc+Arg+Orn;
 0.760,253.703,1+ALB+ALT+BHBA+Glc+His+Orn;0.760,253.733,1+ALB+ALT+Glc+His+Orn+Ile;0.760,254.438,1+ALB+gGT+Glc+His+Orn+Lys;0.760,252.654,
 1+ALB+BUN+AST+Asp+Orn+Val;0.760,253.153,1+ALB+ALT+NEFA+BHBA
 5 +Thr+Lys;0.760,253.546,1+ALB+AST+ALT+Tyr+Val+Trp;0.760,254.296,1+ALB+AST+NEFA+T-
 BIL+His+Orn;0.760,252.734,1+ALB+BUN+Ca
 +ALT+BHBA+Orn;0.760,253.150,1+ALB+Ca+ALT+gGT+Arg+Orn;0.760,
 251.786,1+ALB+AST+NEFA+3MeHis+Asp+Trp;0.760,252.179,1+ALB+N
 10 EFA+3MeHis+Asp+Lys+Tyr;0.760,252.449,1+ALB+3MeHis+Asp+Lys+T
 yr+Val;0.760,254.577,1+ALB+BUN+NEFA+3MeHis+Arg+Orn;0.760,25
 3.023,1+ALB+NEFA+Asp+Lys+Tyr+Trp;0.760,253.380,1+ALB+ALT+BH
 BA+Glc+Arg+Thr;0.760,253.441,1+ALB+Asp+Orn+Lys+Tyr+Trp;0.76
 0,253.776,1+ALB+AST+3MeHis+Arg+Orn+Val;0.760,254.031,1+ALB+
 NEFA+Asp+Lys+Val+Trp;0.760,252.988,1+ALB+AST+ALT+BHBA+His+O
 15 rn;0.760,254.595,1+ALB+AST+Arg+Lys+Tyr+Phe;0.760,255.302,1+
 ALB+AST+Glc+Thr+Orn+Ile;0.760,252.724,1+ALB+BUN+Ca+ALT+T-BI
 L+Orn;0.760,253.049,1+ALB+AST+NEFA+Asp+Val+Trp;0.760,255.88
 1,1+ALB+NEFA+Asp+Orn+Tyr+Phe;0.760,253.329,1+ALB+ALT+NEFA+A
 rg+Tyr+Val;0.760,253.620,1+ALB+ALT+gGT+NEFA+Glc+Arg;0.760,2
 20 55.441,1+ALB+NEFA+Lys+Tyr+Val+Trp;0.760,255.193,1+ALB+AST+N
 EFA+Glc+Orn+Ile;0.760,252.236,1+ALB+Ca+ALT+Glc+His+Lys;0.76
 0,253.678,1+ALB+BUN+Ca+AST+Arg+Orn;0.760,252.139,1+ALB+Ca+A
 ST+ALT+Arg+Orn;0.760,254.399,1+ALB+Ca+AST+NEFA+Arg+Orn;0.760,253.380,1+ALB+ALT+T-
 BIL+Glc+Arg+Thr;0.760,253.738,1+ALB+ALT+gGT+T-BIL+Glc+Arg;0.760,253.958,1+ALB+ALT+NEFA+BHBA+His+
 25 Orn;0.760,254.734,1+ALB+AST+Orn+Lys+Tyr+Phe;0.760,254.534,1
 +ALB+AST+BHBA+Arg+Orn+Lys;0.760,254.549,1+ALB+AST+gGT+Arg+Orn+Lys;0.760,255.435,1+ALB+AST+T-
 BIL+Glc+Orn+Ile;0.760,252.103,1+ALB+AST+NEFA+3MeHis+Arg+Asp;0.760,252.205,1+ALB+AST+A
 LT+His+Thr+Orn;0.760,252.510,1+ALB+AST+ALT+BHBA+Thr+Lys;0.760,254.171,1+ALB+AST+T-
 BIL+BHBA+Orn+Lys;0.760,254.144,1+ALB+AST+3MeHis+Lys+Tyr+Val;0.760,252.950,1+ALB+Ca+ALT+T-BIL+G
 30 lc+Lys;0.760,252.944,1+ALB+Ca+AST+ALT+His+Orn;0.760,256.718,
 1+ALB+3MeHis+Orn+Tyr+Val+Phe;0.760,252.464,1+ALB+3MeHis+Asp+Orn+Lys+Tyr;
 0.760,254.380,1+ALB+NEFA+Asp+Lys+Tyr+Phe;0.760,
 252.479,1+ALB+BUN+NEFA+3MeHis+Arg+Asp;0.760,252.535,1+ALB+B
 UN+3MeHis+Arg+Asp+Tyr;0.760,252.808,1+ALB+BUN+AST+Asp+Orn+T
 35 yr;0.760,252.901,1+ALB+ALT+His+Thr+Orn+Ile;0.760,254.813,1+ALB+AST+T-
 BIL+BHBA+Arg+Orn;0.760,253.579,1+ALB+BUN+Ca+AST+H
 is+Orn;0.760,252.522,1+ALB+Ca+ALT+His+Thr+Lys;0.760,252.141,
 1+ALB+Ca+ALT+Arg+Thr+Lys;0.760,253.465,1+ALB+BUN+NEFA+Asp+V
 al+Phe;0.760,253.747,1+ALB+ALT+gGT+BHBA+Glc+Arg;0.760,252.9
 40 50,1+ALB+ALT+BHBA+Glc+Thr+Lys;0.760,254.890,1+ALB+AST+BHBA+
 Thr+Orn+Lys;0.760,253.134,1+ALB+AST+Arg+Asp+Lys+Tyr;0.760,2
 54.273,1+ALB+AST+NEFA+BHBA+His+Orn;0.760,252.001,1+ALB+AST+
 ALT+gGT+His+Lys;0.760,255.288,1+ALB+AST+BHBA+Thr+Lys+Ile;0.
 760,253.105,1+ALB+Ca+ALT+BHBA+His+Arg;0.760,253.563,1+ALB+C
 45 a+ALT+Glc+His+Orn;0.760,253.288,1+ALB+Ca+ALT+Glc+Arg+Thr;0.760,253.810,1+ALB+BUN+Ca+AST+T-
 BIL+Arg;0.759,251.805,1+ALB+AST+3MeHis+Asp+Val+Trp;0.759,254.676,1+ALB+BUN+3MeHis+Arg+O
 rn+Val;0.759,253.656,1+ALB+ALT+gGT+NEFA+BHBA+Arg;0.759,253.
 710,1+ALB+ALT+gGT+Glc+His+Orn;0.759,253.896,1+ALB+ALT+T-BIL
 +BHBA+Glc+Arg;0.759,256.295,1+ALB+3MeHis+Lys+Tyr+Val+Phe;0.
 50 759,251.040,1+ALB+ALT+Asp+Lys+Tyr+Val;0.759,253.553,1+ALB+ALT+gGT+NEFA+T-
 BIL+Arg;0.759,254.165,1+ALB+NEFA+Arg+Asp+Lys+
 Tyr;0.759,255.238,1+ALB+3MeHis+Arg+Orn+Lys+Phe;0.759,254.007,1+ALB+ALT+T-
 BIL+His+Orn+Ile;0.759,253.872,1+ALB+BUN+AST+gGT+T-
 BIL+Orn;0.759,255.180,1+ALB+NEFA+3MeHis+Lys+Phe+Trp;0.
 55 759,250.918,1+ALB+ALT+NEFA+Asp+Lys+Val;0.759,253.116,1+ALB+
 ALT+gGT+Glc+Thr+Lys;0.759,254.393,1+ALB+BHBA+Glc+His+Orn+Lys;0.759,252.348,1+ALB+AST+ALT+T-
 BIL+BHBA+Lys;0.759,253.479,1+ALB+AST+NEFA+3MeHis+Arg+Orn;0.759,254.530,1+ALB+AST+BHBA+His+
 Thr+Orn;0.759,255.344,1+ALB+NEFA+BHBA+His+Thr+Lys;0.759,253.643,1+ALB+AST+T-
 BIL+Glc+Orn+Lys;0.759,254.612,1+ALB+AST
 60 +Glc+Thr+Lys+Ile;0.759,253.716,1+ALB+ALT+NEFA+BHBA+Glc+Arg;
 0.759,253.660,1+ALB+ALT+NEFA+Glc+His+Orn;0.759,251.737,1+AL
 B+AST+ALT+NEFA+Asp+Orn;0.759,253.452,1+ALB+AST+Arg+Asp+Orn+
 Lys;0.759,254.000,1+ALB+BUN+AST+NEFA+Orn+Ile;0.759,254.219,
 1+ALB+AST+NEFA+Glc+Arg+Orn;0.759,253.913,1+ALB+AST+gGT+NEFA
 65 +Thr+Lys;0.759,254.178,1+ALB+AST+gGT+NEFA+His+Orn;0.759,255.
 365,1+ALB+AST+gGT+NEFA+Orn+Ile;0.759,252.475,1+ALB+Ca+ALT+BHBA+His+Lys;0.759,252.926,

1+ALB+Ca+ALT + T-BIL+Orn+Lys; 0.759, 255.807, 1+ALB+gGT+T-BIL+Orn+Lys+Ile; 0.759, 253.624, 1+ALB+ALT
 +NEFA+T-BIL+BHBA+Arg; 0.759, 253.699, 1+ALB+AST+NEFA+3MeHis+Ar
 g+Phe; 0.759, 253.775, 1+ALB+BUN+AST+T-BIL+Glc+Arg; 0.759, 253.9
 22, 1+ALB+AST+NEFA+3MeHis+Orn+Phe; 0.759, 252.436, 1+ALB+AST+AL
 5 T+gGT+BHBA+Lys; 0.759, 253.653, 1+ALB+Ca+AST+T-BIL+His+Lys; 0.7
 59, 252.173, 1+ALB+Ca+ALT+Glc+Lys+Ile; 0.759, 253.660, 1+ALB+Ca+
 ALT+gGT+NEFA+Arg; 0.759, 254.669, 1+ALB+BUN+3MeHis+Arg+Orn+Ty
 r; 0.759, 250.686, 1+ALB+AST+ALT+3MeHis+Asp+Orn; 0.759, 253.364, 1+ALB+ALT+T-
 10 BIL+BHBA+Thr+Lys; 0.759, 254.271, 1+ALB+AST+Glc+Ar g+Orn+Lys; 0.759, 254.194, 1+ALB+AST+gGT+T-
 BIL+Orn+Lys; 0.759, 255.009, 1+ALB+AST+gGT+T-BIL+Arg+Orn; 0.759, 253.051, 1+ALB+Ca+ALT+NEFA+T-
 BIL+Lys; 0.759, 255.470, 1+ALB+Ca+AST+NEFA+Orn+Ile; 0.759, 253.720, 1+ALB+AST+NEFA+T-BIL+Glc+Lys;
 0.759, 255.100, 1+AL B+gGT+T-BIL+Glc+His+Lys; 0.759, 252.149, 1+ALB+AST+3MeHis+Arg+
 Asp+Phe; 0.759, 251.892, 1+ALB+AST+ALT+T-BIL+Glc+Lys; 0.759, 253.959, 1+ALB+ALT+NEFA+T-
 15 BIL+His+Orn; 0.759, 253.969, 1+ALB+ALT+NE FA+His+Orn+Ile; 0.759, 253.370, 1+ALB+ALT+gGT+T-
 BIL+BHBA+Lys; 0.759, 256.253, 1+ALB+NEFA+Orn+Val+Phe+Trp; 0.759, 252.946, 1+ALB+
 ALT+gGT+BHBA+Glc+Lys; 0.759, 254.018, 1+ALB+ALT+BHBA+His+Orn+I
 le; 0.759, 252.089, 1+ALB+AST+3MeHis+Asp+Orn+Phe; 0.759, 253.998, 1+ALB+ALT+T-
 BIL+BHBA+His+Orn; 0.759, 253.728, 1+ALB+AST+NEFA+G
 lc+Thr+Lys; 0.759, 252.773, 1+ALB+Ca+ALT+NEFA+Glc+Lys; 0.759, 25
 20 2.928, 1+ALB+Ca+ALT+BHBA+Orn+Lys; 0.759, 253.096, 1+ALB+ALT+gGT
 +His+Thr+Orn; 0.759, 250.334, 1+ALB+AST+ALT+Asp+Lys+Val; 0.759,
 253.542, 1+ALB+AST+ALT+3MeHis+Tyr+Trp; 0.759, 253.613, 1+ALB+AS T+ALT+T-
 BIL+Orn+Ile; 0.759, 255.375, 1+ALB+gGT+NEFA+BHBA+His+L
 ys; 0.759, 255.254, 1+ALB+AST+gGT+BHBA+His+Orn; 0.759, 255.287, 1
 25 +ALB+AST+gGT+His+Orn+Ile; 0.759, 252.571, 1+ALB+Ca+ALT+gGT+Lys + Ile;
 0.759, 252.637, 1+ALB+Ca+ALT+gGT+His+Lys; 0.759, 255.644, 1
 +ALB+Orn+Lys+Val+Phe+Trp; 0.759, 253.572, 1+ALB+AST+T-BIL+Glc+
 Arg+Lys; 0.759, 254.427, 1+ALB+AST+Glc+His+Lys+Ile; 0.759, 255.2
 86, 1+ALB+AST+gGT+Thr+Lys+Ile; 0.759, 255.837, 1+ALB+Ca+AST+Thr
 30 +Orn+Ile; 0.759, 254.596, 1+ALB+AST+gGT+Glc+Orn+Lys; 0.759, 252.272, 1+ALB+AST+ALT+gGT+T-
 BIL+Lys; 0.759, 254.147, 1+ALB+BUN+AST +Glc+Arg+Thr; 0.759, 253.653, 1+ALB+BUN+AST+T-BIL+Thr+Orn; 0.75
 9, 252.929, 1+ALB+Ca+ALT+gGT+Orn+Lys; 0.759, 253.743, 1+ALB+Ca+ALT+gGT+T-
 BIL+Arg; 0.759, 251.937, 1+ALB+Ca+AST+ALT+Orn+Lys; 0.7
 59, 252.914, 1+ALB+Ca+ALT+Thr+Orn+Lys; 0.759, 256.474, 1+ALB+NEF
 35 A+3MeHis+Orn+Val+Phe; 0.759, 252.160, 1+ALB+ALT+NEFA+Asp+Tyr+T
 rp; 0.759, 253.698, 1+ALB+ALT+Glc+Thr+Orn+Ile; 0.759, 253.366, 1+ ALB+ALT+gGT+T-
 BIL+Thr+Lys; 0.759, 253.517, 1+ALB+AST+ALT+NEFA+
 Orn+Ile; 0.759, 253.713, 1+ALB+AST+NEFA+BHBA+Glc+Lys; 0.759, 252.
 958, 1+ALB+AST+NEFA+Asp+Tyr+Trp; 0.759, 255.288, 1+ALB+NEFA+Orn
 40 +Lys+Val+Trp; 0.759, 254.181, 1+ALB+ALT+BHBA+Thr+Orn+Ile; 0.759,
 255.054, 1+ALB+gGT+BHBA+His+Orn+Lys; 0.759, 253.306, 1+ALB+AST+
 ALT+NEFA+3MeHis+Orn; 0.759, 255.014, 1+ALB+AST+NEFA+BHBA+Arg+T hr; 0.759, 255.832, 1+ALB+AST+gGT+T-
 BIL+Orn+Ile; 0.759, 254.054, 1+ALB+Ca+AST+NEFA+T-BIL+Lys; 0.759, 251.987, 1+ALB+Ca+AST+ALT+
 NEFA+Lys; 0.759, 253.328, 1+ALB+AST+ALT+3MeHis+Orn+Val; 0.759, 2
 45 55.759, 1+ALB+AST+Orn+Tyr+Val+Phe; 0.759, 252.042, 1+ALB+AST+AL
 T+BHBA+Glc+Lys; 0.759, 254.662, 1+ALB+AST+NEFA+Arg+Tyr+Val; 0.759, 255.341, 1+ALB+NEFA+T-
 BIL+His+Thr+Lys; 0.759, 252.329, 1+ALB +AST+ALT+T-BIL+Thr+Lys; 0.759, 254.975, 1+ALB+AST+BHBA+His+Lys
 +Ile; 0.759, 254.338, 1+ALB+ALT+NEFA+Thr+Orn+Ile; 0.759, 254.922,
 1+ALB+AST+gGT+BHBA+Orn+Lys; 0.759, 253.752, 1+ALB+AST+Arg+Asp+
 50 Lys+Val; 0.759, 253.975, 1+ALB+AST+gGT+NEFA+T-BIL+Lys; 0.758, 25
 3.118, 1+ALB+Ca+ALT+NEFA+BHBA+Lys; 0.758, 253.746, 1+ALB+Ca+ALT
 +BHBA+Glc+Arg; 0.758, 254.056, 1+ALB+Ca+AST+NEFA+BHBA+Lys; 0.75
 8, 253.719, 1+ALB+Ca+ALT+gGT+BHBA+Arg; 0.758, 252.812, 1+ALB+Ca+
 ALT+NEFA+Orn+Lys; 0.758, 253.700, 1+ALB+BUN+AST+T-BIL+Glc+Orn;
 55 0.758, 253.963, 1+ALB+ALT+gGT+NEFA+His+Orn; 0.758, 256.441, 1+AL
 B+AST+gGT+BHBA+Orn+Ile; 0.758, 253.833, 1+ALB+AST+NEFA+Arg+Asp + Phe; 0.758, 253.906,
 1+ALB+BUN+AST+T-BIL+BHBA+Orn; 0.758, 254.997, 1+ALB+AST+T-
 BIL+Arg+Thr+Orn; 0.758, 253.528, 1+ALB+Ca+ALT+N EFA+T-
 BIL+Arg; 0.758, 252.551, 1+ALB+Ca+ALT+BHBA+Lys+Ile; 0.758,
 60 255.010, 1+ALB+NEFA+3MeHis+Arg+Lys+Phe; 0.758, 253.112, 1+ALB+A
 LT+BHBA+His+Thr+Orn; 0.758, 253.114, 1+ALB+ALT+T-BIL+His+Thr+O
 rn; 0.758, 254.599, 1+ALB+AST+Glc+Thr+Orn+Lys; 0.758, 253.500, 1+ ALB+AST+ALT+T-
 BIL+Thr+Orn; 0.758, 253.526, 1+ALB+AST+ALT+BHBA+ Thr+Orn; 0.758, 253.919, 1+ALB+BUN+AST+NEFA+T-
 BIL+Orn; 0.758, 255.339, 1+ALB+gGT+NEFA+His+Thr+Lys; 0.758, 252.288, 1+ALB+AST+AL
 65 T+Glc+Thr+Lys; 0.758, 253.985, 1+ALB+AST+gGT+NEFA+BHBA+Lys; 0.7
 58, 253.119, 1+ALB+Ca+ALT+gGT+NEFA+Lys; 0.758, 253.741, 1+ALB+Ca +ALT+T-

BIL+Glc+Arg;0.758,254.514,1+ALB+Ca+AST+Arg+Orn+Lys;0.
 758,255.953,1+ALB+BUN+NEFA+Thr+Orn+Ile;0.758,254.017,1+ALB+
 Ca+AST+NEFA+Thr+Lys;0.758,252.016,1+ALB+Ca+AST+ALT+His+Lys;
 0.758,254.690,1+ALB+ALT+NEFA+BHBA+Thr+Orn;0.758,253.394,1+A
 5 LB+ALT+gGT+BHBA+Thr+Lys;0.758,253.558,1+ALB+AST+gGT+NEFA+Gl
 c+Lys;0.758,253.700,1+ALB+AST+Arg+Asp+Lys+Phe;0.758,253.110,
 1+ALB+Ca+ALT+NEFA+Thr+Lys;0.758,256.431,1+ALB+Ca+AST+BHBA+O
 rn+Ile;0.758,254.025,1+ALB+Ca+AST+T-BIL+Arg+Lys;0.758,251.7
 71,1+ALB+Ca+AST+ALT+Lys+Ile;0.758,254.503,1+ALB+3MeHis+Asp+
 10 Orn+Val+Phe;0.758,255.606,1+ALB+NEFA+3MeHis+Orn+Lys+Phe;0.7
 58,254.900,1+ALB+AST+gGT+Thr+Orn+Lys;0.758,253.611,1+ALB+AS T+ALT+NEFA+T-
 BIL+Orn;0.758,253.669,1+ALB+AST+ALT+BHBA+Orn+I le; 0.758,252.568,1+ALB+AST+ALT+gGT + Thr+Lys ;
 0.758,253.606,1 + ALB+Ca+ALT+gGT+Glc+Arg;0.758,252.925,1+ALB+Ca+ALT+BHBA+Glc+ Lys; 0.758,255.246,
 1+ALB+Ca+AST+gGT+His+Orn; 0.758,252.256,1 +
 15 ALB+AST+ALT+gGT+Glc+Lys;0.758,253.703,1+ALB+AST+ALT+T-BIL+B
 HBA+Orn;0.758,254.577,1+ALB+AST+NEFA+3MeHis+Phe+Trp;0.758,2
 54.999,1+ALB+AST+Glc+His+Orn+Ile;0.758,253.908,1+ALB+BUN+AS
 T+gGT+NEFA+Orn;0.758,254.172,1+ALB+Ca+AST+T-BIL+Orn+Lys;0.7
 58,255.228,1+ALB+Ca+AST+Thr+Lys+Ile;0.758,253.836,1+ALB+Ca+ ALT+T-
 20 BIL+BHBA+Arg;0.758,253.995,1+ALB+ALT+gGT+T-BIL+His+Or
 n;0.758,254.005,1+ALB+ALT+gGT+BHBA+His+Orn;0.758,254.044,1+
 ALB+BUN+AST+NEFA+BHBA+Orn;0.758,254.270,1+ALB+NEFA+Asp+Orn+
 Lys+Trp;0.758,254.293,1+ALB+ALT+T-BIL+Thr+Orn+Ile;0.758,253.
 387,1+ALB+AST+ALT+NEFA+Thr+Orn;0.758,252.619,1+ALB+AST+ALT+
 25 Lys+Tyr+Val;0.758,253.665,1+ALB+BUN+AST+NEFA+Thr+Orn;0.758,
 254.276,1+ALB+Ca+AST+NEFA+His+Orn;0.758,253.333,1+ALB+Ca+AL T+T-
 BIL+Thr+Lys;0.758,253.655,1+ALB+Ca+ALT+NEFA+BHBA+Arg;0.
 758,255.268,1+ALB+Ca+AST+His+Orn+Ile;0.758,254.341,1+ALB+AS
 T+Asp+Orn+Tyr+Phe;0.758,255.050,1+ALB+AST+NEFA+T-BIL+Arg+Th
 30 r;0.758,253.099,1+ALB+Ca+ALT+Glc+Thr+Lys;0.758,253.329,1+AL B+Ca+ALT+T-
 BIL+BHBA+Lys;0.758,254.991,1+ALB+Ca+AST+T-BIL+Ar g+Orn;0.758,255.858,1+ALB+Ca+AST+T-
 BIL+Orn+Ile;0.758,253.59 6,1+ALB+Ca+AST+ALT+NEFA+Orn;0.758,254.313,1+ALB+ALT+NEFA+Gl
 c+Thr+Orn;0.758,253.607,1+ALB+AST+ALT+NEFA+BHBA+Orn;0.758,2
 54.003,1+ALB+ALT+gGT+His+Orn+Ile;0.758,254.911,1+ALB+AST+BH
 35 BA+Arg+Thr+Lys;0.758,253.452,1+ALB+AST+ALT+Glc+Orn+Ile;0.75
 8,253.540,1+ALB+AST+ALT+gGT+NEFA+Orn;0.758,253.894,1+ALB+BU
 N+AST+3MeHis+Orn+Val;0.758,254.618,1+ALB+BUN+AST+gGT+BHBA+O rn;
 0.758,255.248,1+ALB+Ca+AST+BHBA+His+Orn; 0.758,253.591,1 + ALB+ALT+NEFA+T-
 BIL+Glc+Arg;0.758,253.619,1+ALB+AST+ALT+gGT+
 40 Orn+Ile;0.758,252.428,1+ALB+AST+3MeHis+Arg+Asp+Val;0.758,25
 3.854,1+ALB+AST+Glc+His+Thr+Orn;0.758,255.882,1+ALB+AST+gGT +T-
 BIL+BHBA+Orn;0.758,255.821,1+ALB+AST+T-BIL+BHBA+Thr+Orn;
 0.758,252.549,1+ALB+AST+NEFA+3MeHis+Asp+Orn;0.758,253.386,1
 +ALB+AST+ALT+NEFA+Glc+Orn;0.758,253.211,1+ALB+AST+Asp+Orn+L ys + Tyr; 0.758,253.569,
 45 1+ALB+AST+Asp+Orn+Lys + Phe; 0.758,253.73
 0,1+ALB+AST+ALT+NEFA+Tyr+Trp;0.758,253.631,1+ALB+BUN+AST+NE
 FA+3MeHis+Orn;0.758,254.576,1+ALB+BUN+AST+Glc+Orn+Ile;0.758,
 254.874,1+ALB+AST+NEFA+Glc+Arg+Thr;0.757,253.713,1+ALB+BUN+
 AST+3MeHis+Orn+Tyr;0.757,254.552,1+ALB+ALT+NEFA+3MeHis+Orn+
 50 Val;0.757,254.023,1+ALB+AST+NEFA+Asp+Orn+Tyr;0.757,254.319,
 1+ALB+ALT+gGT+Thr+Orn+Ile;0.757,253.196,1+ALB+AST+ALT+3MeHi
 s+Orn+Tyr;0.757,253.486,1+ALB+AST+ALT+gGT+Thr+Orn;0.757,254.
 049,1+ALB+AST+NEFA+Asp+Orn+Val;0.757,253.170,1+ALB+AST+ALT+
 Glc+Thr+Orn;0.757,254.817,1+ALB+AST+T-BIL+BHBA+Thr+Lys;0.75
 55 7,255.409,1+ALB+AST+gGT+NEFA+Thr+Orn;0.757,255.054,1+ALB+AS
 T+gGT+His+Lys+Ile;0.757,253.608,1+ALB+Ca+ALT+NEFA+Glc+Arg;0.
 757,254.587,1+ALB+Ca+AST+Glc+Orn+Lys;0.757,255.091,1+ALB+AS
 T+NEFA+3MeHis+Orn+Val;0.757,255.377,1+ALB+AST+Arg+Orn+Val+P he;0.757,255.937,1+ALB+AST+gGT+T-
 BIL+Thr+Orn;0.757,255.509, 1+ALB+AST+BHBA+Arg+Thr+Orn;0.757,255.511,1+ALB+AST+gGT+Arg+
 60 Thr+Orn;0.757,256.205,1+ALB+AST+gGT+Glc+Orn+Ile;0.757,253.9
 40,1+ALB+Ca+ALT+BHBA+His+Orn;0.757,253.334,1+ALB+Ca+ALT+gGT +T-
 BIL+Lys;0.757,253.915,1+ALB+BUN+Ca+AST+T-BIL+Orn;0.757,2
 53.432,1+ALB+AST+Asp+Val+Phe+Trp;0.757,255.760,1+ALB+NEFA+O
 rn+Lys+Phe+Trp;0.757,254.987,1+ALB+AST+gGT+Glc+His+Orn;0.75
 65 7,253.957,1+ALB+BUN+AST+NEFA+Orn+Tyr;0.757,254.013,1+ALB+BU
 N+AST+NEFA+Orn+Val;0.757,255.593,1+ALB+AST+NEFA+T-BIL+BHBA+

Orn;0.757,255.492,1+ALB+AST+NEFA+T-BIL+Thr+Orn;0.757,253.85
 2,1+ALB+Ca+AST+gGT+NEFA+Lys;0.757,252.276,1+ALB+Ca+AST+ALT+
 Glc+Lys;0.757,253.448,1+ALB+AST+ALT+T-BIL+Glc+Orn;0.757,254.
 281,1+ALB+BUN+AST+BHBA+Thr+Orn;0.757,254.576,1+ALB+BUN+AST+
 5 gGT+Glc+Orn;0.757,255.367,1+ALB+AST+NEFA+BHBA+Glc+Orn;0.757, 255.541,1+ALB+AST+gGT+NEFA+T-
 BIL+Orn;0.757,255.490,1+ALB+AS T+gGT+NEFA+BHBA+Orn;0.757,254.868,1+ALB+AST+gGT+T-BIL+BHBA+
 Lys;0.757,253.096,1+ALB+Ca+ALT+gGT+Glc+Lys;0.757,252.452,1+
 ALB+Ca+AST+ALT+BHBA+Lys;0.757,251.820,1+ALB+AST+ALT+Asp+Orn
 +Val;0.757,251.914,1+ALB+AST+ALT+Asp+Orn+Tyr;0.757,253.672, 1+ALB+AST+ALT+gGT+T-
 10 BIL+Orn;0.757,253.936,1+ALB+Ca+ALT+T-BI L+His+Orn;0.757,256.405,1+ALB+Ca+AST+gGT+Orn+Ile;0.757,256.
 142,1+ALB+Ca+AST+Glc+Orn+Ile;0.757,252.855,1+ALB+BUN+3MeHis
 +Asp+Orn+Tyr;0.757,254.338,1+ALB+ALT+T-BIL+Glc+Thr+Orn;0.75
 7,256.194,1+ALB+AST+BHBA+Glc+Orn+Ile;0.757,255.606,1+ALB+AS T+gGT+T-
 BIL+Glc+Orn;0.757,255.652,1+ALB+AST+NEFA+Orn+Tyr+Va
 15 l;0.757,255.433,1+ALB+AST+NEFA+BHBA+Thr+Orn;0.757,253.541,1
 +ALB+AST+Asp+Orn+Lys+Val;0.757,253.084,1+ALB+Ca+ALT+His+Thr
 +Orn;0.757,253.624,1+ALB+Ca+AST+ALT+Orn+Ile;0.757,254.334,1
 +ALB+ALT+BHBA+Glc+Thr+Orn;0.757,254.472,1+ALB+AST+BHBA+Glc+
 Orn+Lys;0.757,253.590,1+ALB+AST+ALT+NEFA+Orn+Val;0.757,254. 697,1+ALB+AST+T-
 20 BIL+Glc+Arg+Orn;0.757,255.069,1+ALB+AST+NEF
 A+3MeHis+Orn+Tyr;0.757,255.204,1+ALB+AST+BHBA+His+Thr+Lys;0.
 757,252.848,1+ALB+BUN+3MeHis+Asp+Orn+Val;0.757,255.279,1+AL
 B+AST+gGT+NEFA+Glc+Orn;0.757,254.825,1+ALB+AST+gGT+Glc+Lys+
 Ile;0.757,254.892,1+ALB+Ca+AST+Thr+Orn+Lys;0.757,253.901,1+
 25 ALB+Ca+ALT+NEFA+His+Orn;0.757,253.678,1+ALB+Ca+AST+NEFA+Glc
 +Lys;0.757,256.003,1+ALB+Ca+AST+gGT+T-BIL+Orn;0.757,254.595, 1+ALB+ALT+NEFA+T-
 BIL+Thr+Orn;0.757,253.732,1+ALB+AST+ALT+gG
 T+BHBA+Orn;0.757,254.310,1+ALB+BUN+AST+gGT+Thr+Orn;0.757,25
 5.138,1+ALB+AST+gGT+NEFA+Arg+Thr;0.757,255.177,1+ALB+AST+gG
 30 T+BHBA+His+Lys;0.757,253.535,1+ALB+AST+ALT+NEFA+Orn+Tyr;0.7
 57,254.889,1+ALB+AST+BHBA+Glc+His+Orn;0.756,254.004,1+ALB+B
 UN+Ca+AST+NEFA+Orn;0.756,253.350,1+ALB+Ca+ALT+gGT+BHBA+Lys;
 0.756,253.503,1+ALB+Ca+AST+ALT+Thr+Orn;0.756,254.894,1+ALB+
 Ca+AST+Glc+His+Orn;0.756,252.298,1+ALB+Ca+AST+ALT+T-BIL+Ly s ;
 35 0.756,253.533,1+ALB+AST+ALT+BHBA+Glc+Orn; 0.756,253.899,1 +
 ALB+BUN+AST+NEFA+Glc+Orn;0.756,255.586,1+ALB+AST+T-BIL+BHBA
 +Glc+Orn;0.756,255.289,1+ALB+AST+Glc+Arg+Thr+Orn;0.756,255. 365,1+ALB+AST+NEFA+T-
 BIL+Glc+Orn;0.756,256.459,1+ALB+AST+gG T+BHBA+Thr+Orn;0.756,255.588,1+ALB+Ca+AST+T-
 BIL+Glc+Orn;0.7 56,254.293,1+ALB+ALT+gGT+Glc+Thr+Orn;0.756,255.378,1+ALB+AS
 40 T+BHBA+Glc+Arg+Orn;0.756,254.068,1+ALB+BUN+AST+Glc+Thr+Orn;
 0.756,254.727,1+ALB+AST+Glc+Arg+Thr+Lys;0.756,254.477,1+ALB
 +BUN+AST+BHBA+Glc+Orn;0.756,254.372,1+ALB+AST+BHBA+Glc+His+
 Lys;0.756,253.932,1+ALB+Ca+ALT+gGT+His+Orn;0.756,254.310,1+
 ALB+Ca+ALT+Thr+Orn+Ile;0.756,253.693,1+ALB+Ca+AST+ALT+T-BIL
 45 +Orn;0.756,252.824,1+ALB+ALT+NEFA+Asp+Orn+Val;0.756,255.410,
 1+ALB+AST+gGT+Glc+Arg+Orn;0.756,254.003,1+ALB+AST+NEFA+Arg+ Asp+Val; 0.756, 253.415,
 1+ALB+Ca+ALT+gGT + Thr+Lys; 0.756, 254.43
 3,1+ALB+BUN+ALT+NEFA+3MeHis+Val;0.756,254.717,1+ALB+ALT+gGT
 +NEFA+Thr+Orn;0.756,255.080,1+ALB+AST+NEFA+Glc+Thr+Orn;0.75 6, 2 55.411, 1+ALB+AST + T-
 50 BIL+Glc+Thr+Orn; 0.756,255.2 92, 1+ALB+A
 ST+gGT+BHBA+Lys+Ile;0.756,253.351,1+ALB+Ca+ALT+BHBA+Thr+Ly
 s;0.756,255.480,1+ALB+Ca+AST+Arg+Thr+Orn;0.756,255.530,1+AL
 B+Ca+AST+BHBA+Arg+Orn;0.756,254.720,1+ALB+ALT+T-BIL+BHBA+Th r+Orn; 0.756,
 253.962,1+ALB+BUN+AST+ALT+NEFA+Val; 0.756, 254.56
 55 2,1+ALB+AST+BHBA+Glc+Arg+Lys;0.756,256.098,1+ALB+AST+Lys+Ty
 r+Val+Phe;0.756,255.574,1+ALB+Ca+AST+NEFA+BHBA+Orn;0.756,25
 5.016,1+ALB+Ca+AST+His+Lys+Ile;0.756,255.526,1+ALB+Ca+AST+g
 GT+NEFA+Orn;0.756,255.635,1+ALB+Ca+AST+NEFA+T-BIL+Orn;0.756,
 253.534,1+ALB+AST+ALT+gGT+Glc+Orn;0.756,252.587,1+ALB+Ca+AS
 60 T+ALT+Thr+Lys;0.756,253.953,1+ALB+BUN+AST+ALT+3MeHis+Val;0.
 756,253.891,1+ALB+AST+Asp+Lys+Tyr+Phe;0.756,255.888,1+ALB+C a+AST+T-
 BIL+BHBA+Orn;0.756,255.938,1+ALB+Ca+AST+T-BIL+Thr+O
 rn;0.756,252.974,1+ALB+ALT+NEFA+Asp+Orn+Tyr;0.756,255.369,1
 +ALB+NEFA+Asp+Lys+Val+Phe;0.756,254.297,1+ALB+BUN+Ca+AST+Th
 65 r+Orn;0.756,255.252,1+ALB+NEFA+Arg+Asp+Lys+Phe;0.756,253.64
 1,1+ALB+AST+ALT+Orn+Tyr+Val;0.755,254.751,1+ALB+Ca+AST+Glc+

ES 2 991 049 T3

- His+Lys;0.755,254.918,1+ALB+ALT+gGT+NEFA+T-BIL+Orn;0.755,253.742,1+ALB+Ca+AST+ALT+BHBA+Orn;0.755,255.352,1+ALB+Ca+AST+Glc+Arg+Orn;0.755,254.694,1+ALB+ALT+gGT+BHBA+Thr+Orn;0.755,254.884,1+ALB+Ca+AST+BHBA+Orn+Lys;0.755,252.532,1+ALB+Ca+AST+ALT+gGT+Lys;0.755,254.914,1+ALB+Ca+AST+gGT+Orn+Lys;0.755,254.710,1+ALB+Ca+ALT+NEFA+Thr+Orn;0.755,255.471,1+ALB+Ca+AST+NEFA+Thr+Orn;0.755,255.336,1+ALB+Ca+AST+NEFA+Glc+Orn;0.755,255.073,1+ALB+Ca+AST+BHBA+His+Lys;0.755,253.481,1+ALB+Ca+AST+ALT+Glc+Orn;0.755,255.506,1+ALB+BUN+ALT+T-BIL+His+Ile;0.755,256.440,1+ALB+Ca+AST+BHBA+Thr+Orn;0.755,252.827,1+ALB+ALT+Asp+Orn+Tyr+Val;0.755,254.701,1+ALB+ALT+gGT+T-BIL+Thr+Orn;0.755,254.691,1+ALB+AST+BHBA+Glc+Lys+Ile;0.755,253.695,1+ALB+Ca+AST+ALT+gGT+Orn;0.755,256.314,1+ALB+AST+gGT+BHBA+Glc+Orn;0.755,256.581,1+ALB+Ca+AST+gGT+BHBA+Orn;0.755,253.749,1+ALB+AST+Asp+Lys+Tyr+Val;0.754,255.368,1+ALB+AST+3MeHis+Orn+Tyr+Val;0.754,254.692,1+ALB+Ca+ALT+gGT+Thr+Orn;0.754,254.101,1+ALB+AST+Asp+Lys+Val+Phe;0.754,255.562,1+ALB+BUN+ALT+gGT+T-BIL+Ile;0.754,256.323,1+ALB+Ca+AST+gGT+Glc+Orn;0.754,256.280,1+ALB+Ca+AST+BHBA+Glc+Orn;0.754,255.732,1+ALB+BUN+ALT+gGT+NEFA+Ile;0.753,256.071,1+ALB+Ca+AST+Glc+Thr+Orn
- 5
- 10
- 15
- 20

REIVINDICACIONES

1. Un método implementado por computadora que comprende:
una etapa para predecir un estado de cetosis en vacas lecheras en el posparto para una vaca lechera utilizando un
5 valor de concentración de albúmina (ALB) en la sangre de la vaca lechera antes del parto.
2. El método de acuerdo con la reivindicación 1, en donde la etapa predice el estado de cetosis en vacas lecheras en
el posparto para una vaca lechera utilizando un valor de concentración de albúmina (ALB) y al menos un valor de
concentración de alanina (Ala), arginina (Arg), asparagina (Asn), ácido aspártico (Asp), aminoácidos de cadena
10 ramificada (BCAA), citrulina (Cit), cistina (Cys), ácido glutámico (Glu), glutamina (Gln), glicina (Gly), histidina (His),
isoleucina (Ile), leucina (Leu), lisina (Lys), metionina (Met), 3-metil histidina (3MeHis), ornitina (Orn), fenilalanina (Phe),
prolina (Pro), serina (Ser), taurina (Tau), treonina (Thr), triptófano (Trp), tirosina (Tyr), valina (Val), alanina
transaminasa (ALT), aspartato aminotransferasa (AST), ácido β -hidroxibutírico (BHBA), nitrógeno ureico sanguíneo
(NUS), calcio (Ca), γ -glutamilttransferasa (gGTP), glucosa (Glc), ácido graso no esterificado (NEFA), bilirrubina total
15 (T-Bil), colesterol total (TCHO), triglicéridos (TG) y proteína total (TP) en la sangre de la vaca lechera antes del parto.
3. El método de acuerdo con la reivindicación 2, en donde la etapa predice el estado de cetosis en vacas lecheras en
el posparto para una vaca lechera utilizando un valor de concentración de albúmina (ALB) y al menos un valor de
concentración de alanina (Ala), arginina (Arg), asparagina (Asn), ácido aspártico (Asp), aminoácidos de cadena
20 ramificada (BCAA), citrulina (Cit), glutamina (Gln), glicina (Gly), histidina (His), isoleucina (Ile), leucina (Leu), lisina
(Lys), metionina (Met), 3-metil histidina (3MeHis), ornitina (Orn), fenilalanina (Phe), prolina (Pro), serina (Ser), treonina
(Thr), triptófano (Trp), tirosina (Tyr), valina (Val), alanina transaminasa (ALT), aspartato aminotransferasa (AST), ácido
 β -hidroxibutírico (BHBA), nitrógeno ureico sanguíneo (NUS), calcio (Ca), γ -glutamilttransferasa (gGTP), glucosa (Glc),
ácidos grasos no esterificados (NEFA) y bilirrubina total (T-Bil) en la sangre de la vaca lechera antes del parto.
25
4. El método de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1 a 3, en donde la etapa predice el estado de
cetosis en vacas lecheras en el posparto para la vaca lechera sustituyendo el valor de concentración de ALB en una
fórmula matemática que incluye una o más variables para obtener de ese modo el resultado del cálculo.
- 30 5. El método de acuerdo con la reivindicación 4, en donde la fórmula incluye además una variable que se sustituirá
por un valor numérico para identificar una vaca parida que haya tenido una experiencia de parto antes del parto
mencionado anteriormente o un valor numérico para identificar una vaca nulípara que no haya tenido ninguna
experiencia de parto distinta del parto mencionado anteriormente.
- 35 6. Un método de acuerdo con la reivindicación 1 ejecutado por un aparato de procesamiento de información que
incluye una unidad de control, en donde el método comprende una etapa para predecir el estado de cetosis en vacas
lecheras en el posparto para una vaca lechera utilizando un valor de concentración de ALB en sangre de la vaca
lechera antes del parto, en donde la etapa de predicción es ejecutada por la unidad de control.
- 40 7. Un aparato de evaluación que comprende una unidad de control, en donde la unidad de control incluye:
una unidad de evaluación configurada para predecir un estado de cetosis en vacas lecheras en el posparto para una
vaca lechera utilizando un valor de concentración de ALB en sangre de la vaca lechera antes del parto.
- 45 8. Un programa de evaluación que comprende instrucciones programadas para hacer que un aparato de
procesamiento de información que incluye una unidad de control ejecute un método de evaluación, en donde el método
de evaluación comprende
una etapa para predecir un estado de cetosis en vacas lecheras en el posparto para una vaca lechera utilizando un
valor de concentración de ALB en sangre de la vaca lechera antes del parto.
- 50 9. Un sistema de evaluación que comprende un aparato de evaluación que incluye una unidad de control y un aparato
terminal que incluye una unidad de control que están conectados entre sí de manera comunicativa a través de una
red, en donde
la unidad de control del aparato terminal incluye:
55 una unidad de envío de datos configurada para transmitir datos sanguíneos sobre un valor de concentración
de ALB en sangre de una vaca lechera antes del parto al aparato de evaluación; y
una unidad de recepción de resultados configurada para recibir un resultado de evaluación sobre un estado de
cetosis en vacas lecheras en el posparto transmitido desde el aparato de evaluación, y
60 la unidad de control del aparato de evaluación incluye:
una unidad de recepción de datos configurada para recibir los datos sanguíneos transmitidos desde el aparato
terminal;
65 una unidad de evaluación configurada para predecir el estado de cetosis en vacas lecheras en el posparto para
la vaca lechera utilizando el valor de concentración de albúmina (ALB) incluido en los datos sanguíneos

recibidos por la unidad de recepción de datos; y
una unidad de envío de resultados configurada para transmitir el resultado de evaluación obtenido por la unidad de evaluación al aparato terminal.

- 5 10. Un aparato terminal que comprende una unidad de control, en donde la unidad de control incluye una unidad de obtención de resultados configurada para obtener un resultado de evaluación sobre un estado de cetosis en vacas lecheras en el posparto,
en donde el resultado de evaluación es el resultado de predecir el estado de cetosis en vacas lecheras en el posparto para una vaca lechera utilizando un valor de concentración de ALB en sangre de la vaca lechera antes del parto.
- 10 11. Un aparato de evaluación acuerdo con la reivindicación 7, que comprende una unidad de control, que está conectada a un aparato terminal de manera comunicativa a través de una red, en donde la unidad de control incluye:
una unidad de recepción de datos configurada para recibir datos sanguíneos sobre un valor de concentración de
15 ALB en sangre de una vaca lechera antes del parto transmitidos desde el aparato terminal;
una unidad de evaluación configurada para predecir un estado de cetosis en vacas lecheras posparto para la vaca lechera utilizando el valor de concentración de ALB en la sangre de la vaca lechera antes del parto incluido en los datos sanguíneos recibidos por la unidad de recepción de datos; y
una unidad de envío de resultados configurada para transmitir un resultado obtenido por la unidad de evaluación
20 al aparato terminal.

FIG.1

(PRINCIPIO BÁSICO DE LA INVENCION)

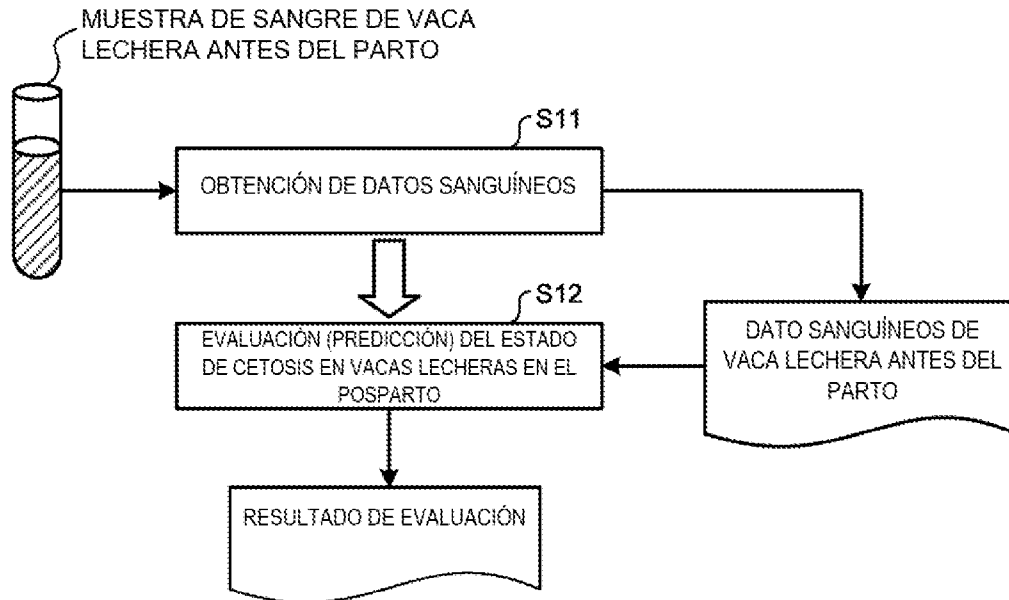


FIG.2

(PRINCIPIO BÁSICO DE LA INVENCION)

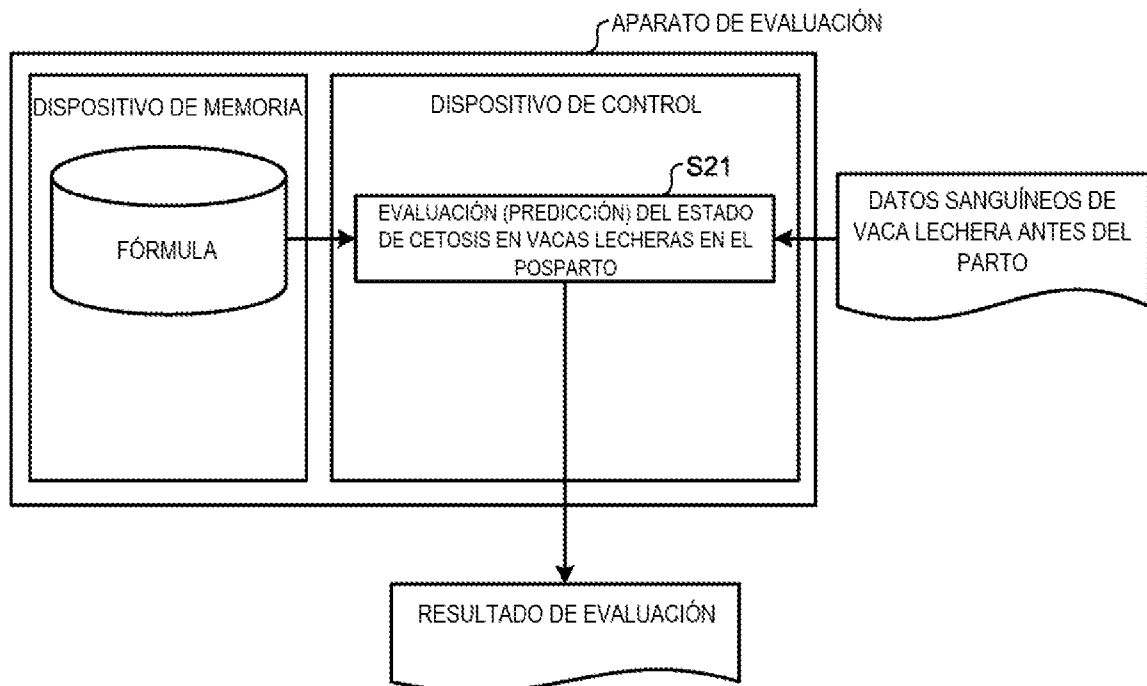


FIG.3

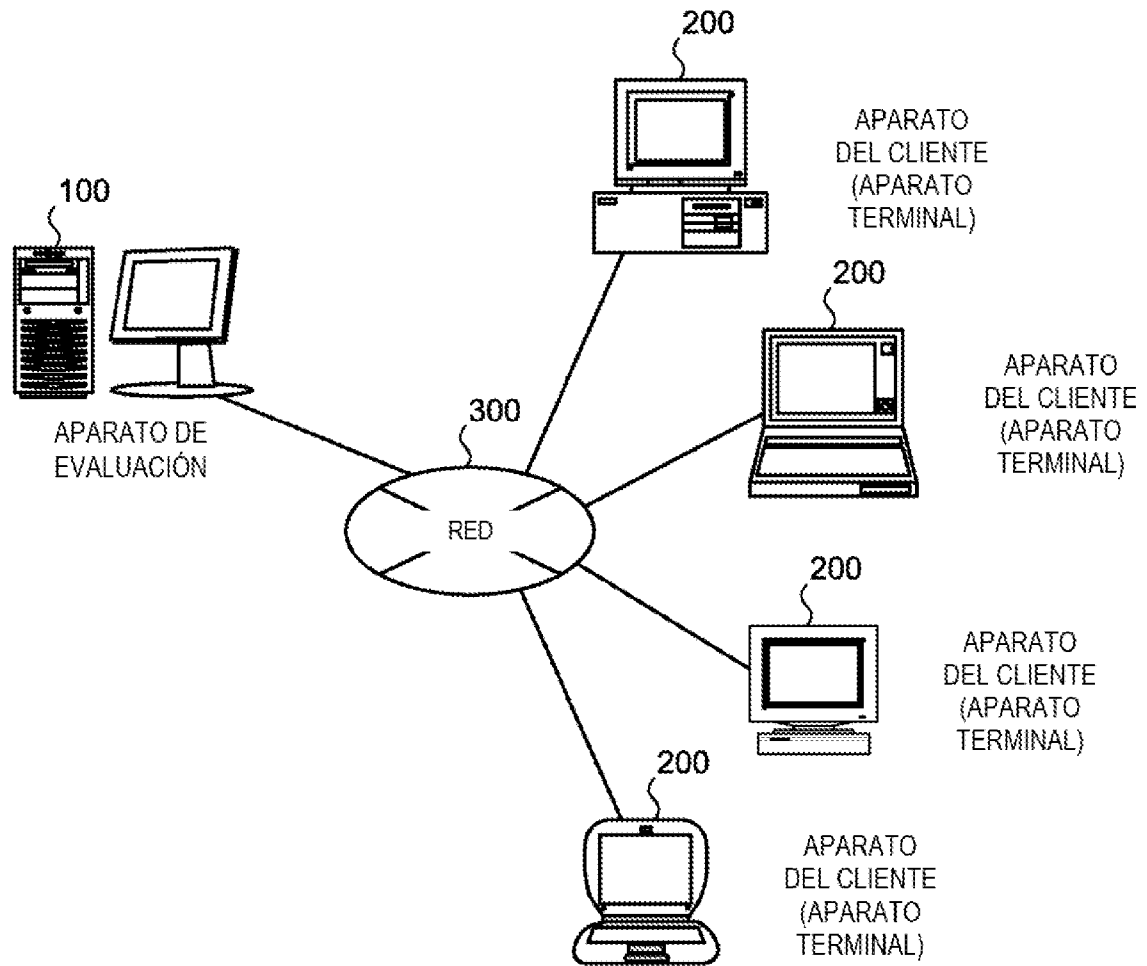


FIG.4

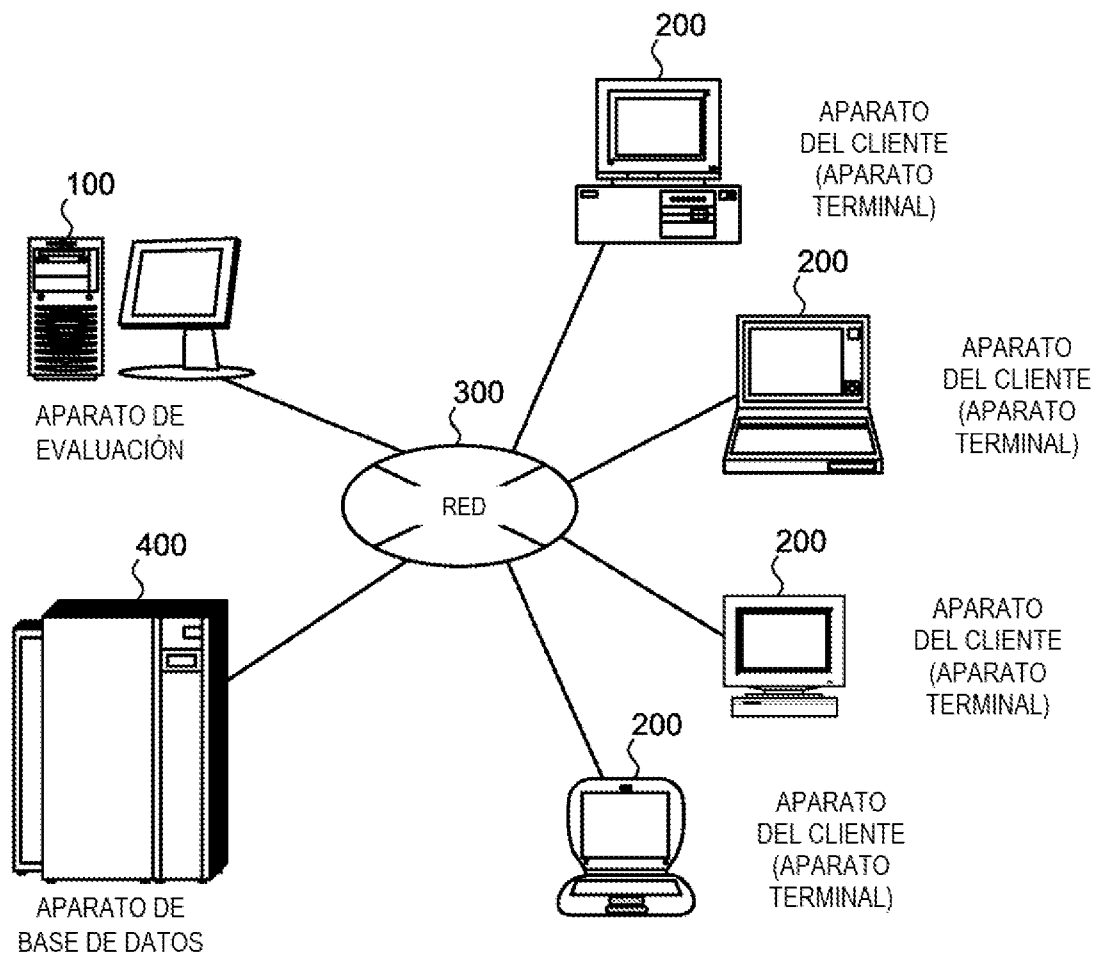


FIG.5

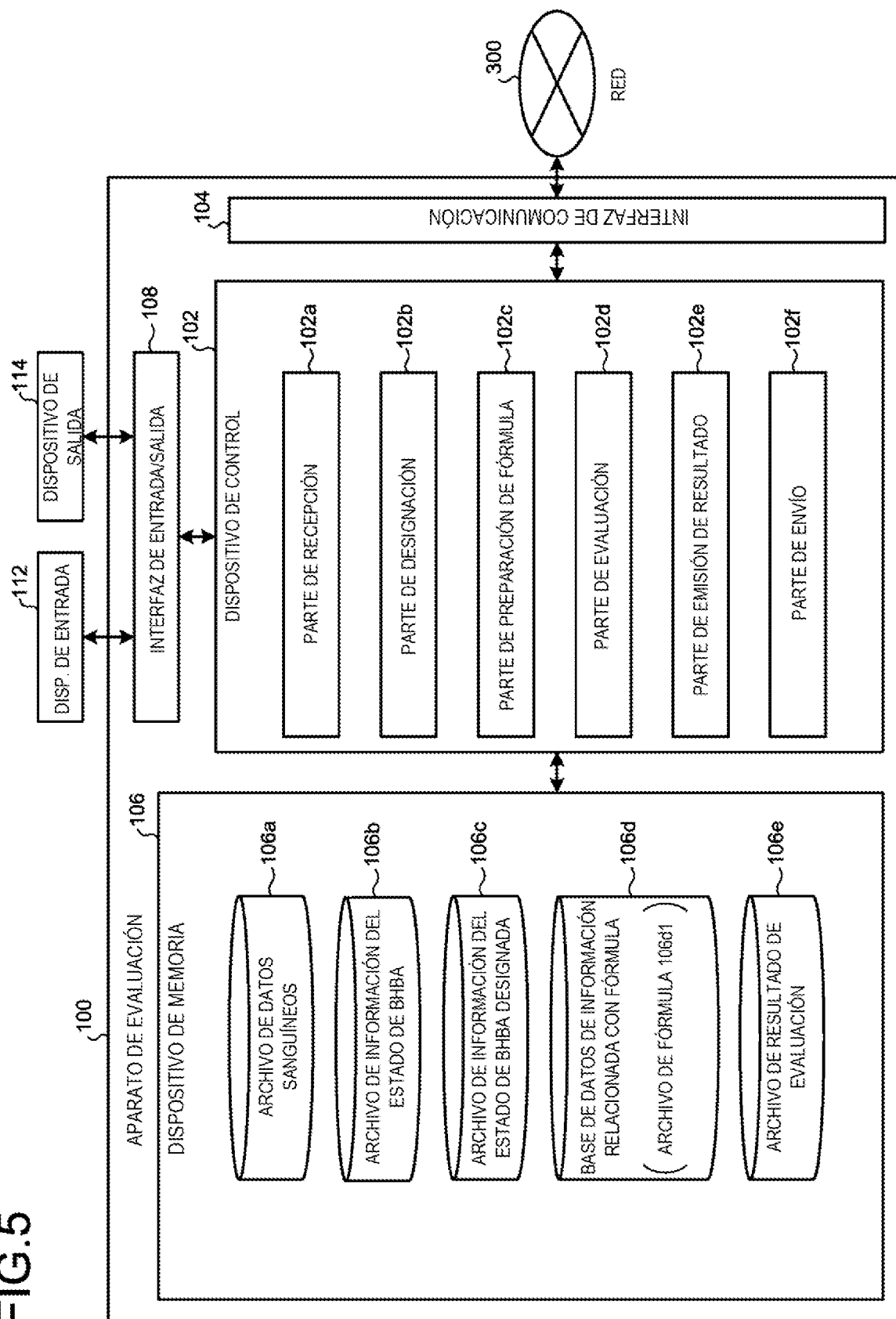


FIG.6

106a

N.º DE (MUESTRA DE) INDIVIDUO	DATOS SANGUÍNEOS					
	Gly	Leu	Val	Ile	Phe	...
U-1	9,5	11,2	2,7	8,5	4,9	...
U-2	8,5	10,5	3,9	9,8	6,1	...
⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮

FIG.7

106b

N.º DE (MUESTRA DE) INDIVIDUO	DATOS DE BHBA	DATOS SANGUÍNEOS					
	BHBA	Gly	Leu	Val	Ile	Phe	...
A-1	1100	9,5	11,2	2,7	8,5	4,9	...
A-2	1500	8,5	10,5	3,9	9,8	6,1	...
⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮

FIG.8

106c

N.º DE (MUESTRA DE) INDIVIDUO	DATOS DE BHBA	DATOS SANGUÍNEOS			
	BHBA	Gly	Leu	Phe	...
A-1	1100	9,5	11,2	4,9	...
A-2	1500	8,5	10,5	6,1	...
⋮	⋮				⋮

FIG.9

106d1

CLASIFIC.	FÓRMULA	VALOR UMBRAL	RESULTADO DE VERIFICACIÓN
1	$F_p(\text{Gly}, \dots)$	0,23	0,62
2	$F_p(\text{Gly}, \text{Leu}, \text{Phe})$	-2,12	1,02
3	$F_k(\text{Gly}, \text{Leu}, \text{Phe}, \dots)$	1,23	1,22
⋮	⋮	⋮	⋮

FIG.10

106e

N.º DE (MUESTRA DE) INDIVIDUO	DATOS SANGUÍNEOS				RESULTADO DE EVALUACIÓN
	Gly	Leu	Phe	...	
U-1	9,5	11,2	4,9	...	
U-2	8,5	10,5	6,1	...	
⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	

FIG.11

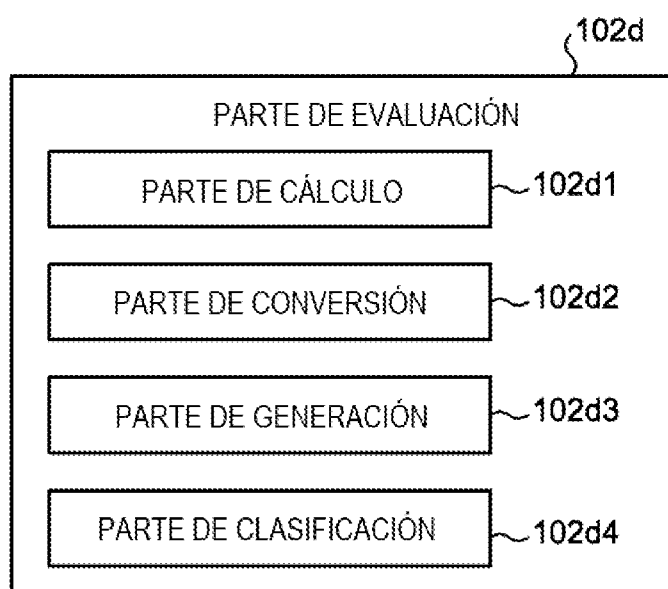


FIG.12

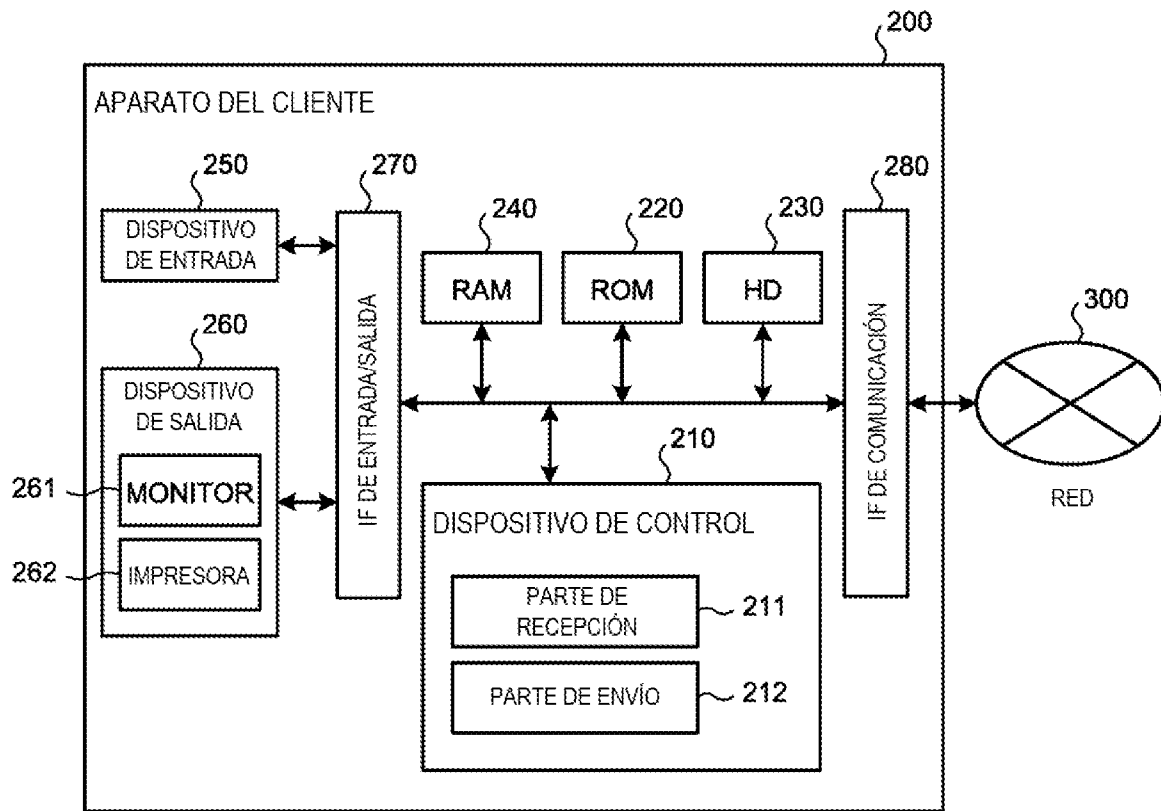


FIG.13

